



SCHWEIZERISCHE VEREINIGUNG FÜR TIERWISSENSCHAFTEN
Association Suisse pour les Sciences Animales
Swiss Association for Animal Sciences

Frühjahrstagung 2017

Aktuelle Forschung in der Schweiz im Bereich Tierwissenschaften

Donnerstag, 23. März 2017

**Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften HAFL,
Zollikofen**

Zusammenfassungen der Poster

Das Verzeichnis der Zusammenfassungen ist nach Nutztierart geordnet.

Die Zusammenfassungen der Poster sind nach Poster-Nummer geordnet.

Verzeichnis der Zusammenfassungen

Geflügel

Poster Nr.	Poster-Titel	Seite
5	Genetische Grundlage von „Kreuzschnäbeln“ in der Rasse Appenzeller Barthuhn	8
14	La poule à deux fins en Suisse : résultats d’engraissement, de ponte et acceptance par les consommateurs suisses (projet INDUCE 2014-2017).	13

Honigbiene

Poster Nr.	Poster-Titel	Seite
29	Genome-wide scans between two geographically isolated honey bee subpopulations reveal putative signatures of human-mediated selection	21

Pferd

Poster Nr.	Poster-Titel	Seite
33	Fertility in Haflinger horses with X0 chromosomal mosaicism	23
7	Genomische Inzucht und Selektionssignaturen in vier Pferderassen	9
16	Exterieur-Phänotypisierung von Freiburgerhengsten mittels fotografischer Analysen	14
27	Genetic diversity of global horse breeds using a high-density (670K) SNP array	20

Rind-Fleisch

Poster Nr.	Poster-Titel	Seite
25	Effet de trois niveaux d’intensité d’alimentation sur l’ingestion et les performances de taurillons à l’engrais	19

Rind-Milch

Poster Nr.	Poster-Titel	Seite
8	Impact of the genetic diversity of the reference population on the accuracy of imputation of rare variants	10
6	Trinkverhalten von ad libitum getränkten Holstein Aufzuchtkälbern in den ersten 35 Tagen	9
11	Les effets de l’acide résinique comme additif fourrager sur la production laitière	11
28	Vitesse de passage ruminal d’ensilages d’herbe en fonction de leur teneur en fibre	20
31	Estimating individual herbage intake of grazing dairy cows by two alternative approaches	22

Rind-Milch

Poster Nr.	Poster-Titel	Seite
35a	Diet selection of Holstein cow strains with and without concentrate supplementation	24
35b	Relation between reticular pH and readily identifiable traits of grazing dairy cows	24
1	Tagesverlauf des reticulo-ruminalen pH-Werts bei Milchkühen mit einem hohen Rationsanteil an frischem Wiesenfutter	5
2a	Evaluation of the semi-automated Cow-Gait-Analyzer© to detect gait cycle variables in dairy cows	5
2b	The Cow pedogram—Analysis the gait cycle variables allows the detection of lameness and foot pathologies	6
2c	Effect of floor type on characteristics of locomotion comfort	6
2d	Use of Extended Characteristics of Locomotion and Feeding Behavior for Automated Identification of Lamé Dairy Cows	7
40	A herbal feed additive improves udder health of dairy cows in early lactation	27
17	Anwendung einer Schätzung von CH ₄ aus Milch-MIR-Spektren auf Daten der Schweizer Milchkuhpopulation	15
37	Optimum Genetic Contribution bei Original Braunvieh	25
13a	Genomische Zuchtwertschätzung mit Sequenzdaten	12
13b	Genomweite Assoziationsstudien für Fruchtbarkeit in Braunvieh	13
9	Comparison of methane emissions from grazing dairy cows as determined using the sulfur hexafluoride tracer technique and the GreenFeed system	10
30	Unterschiedliche Schädelformen bei behornten und unbehornten Kühen	21

Schwein

Poster Nr.	Poster-Titel	Seite
26	Verbesserung des Nähr- und Genusswertes von Schweinefleisch	19
32	Dynamics of fat and protein deposition in modern pigs fed two protein levels	22
34	Wirkung von Kalzium und Phosphor auf Wachstumsleistung und Mineralstoffstatus des Mastschweins.	23
15	Reduced antibiotic use in piglets: effects of tannins and salicylate as alternatives in susceptible piglets artificially infected with <i>E. coli</i> F4 ac.	14
18	Reduced antibiotic use in piglets: <i>E. coli</i> antibody titres in the colostrum of F4 receptor positive and negative gilts vaccinated against <i>E. coli</i> F4	15
21	Reduced antibiotic use in piglets: Implementation of a breeding program for <i>E. Coli</i> F4ab/ac resistant pigs	17
4	Cell Type-Specific Analysis of the Endometrial Transcriptome During the Peri-Implantation Period in the Pig	8
19	Genomic predictions including known QTL for reproduction traits in swine	16
24	Production de charcuterie traditionnelle de Suisse romande	18
38	Wachstumsverlauf von Mastschweinen bei N-Überschuss	26

Schafe / Ziegen

Poster Nr.	Poster-Titel	Seite
36	Impact of condensed tannins from <i>Birdsfoot trefoil</i> on growth performance and fatty acid composition of the intramuscular fat of lamb loins	25
22	Zuchtwertschätzung Fruchtbarkeit beim Engadinerschaf	17
42	A survey on parasite control strategies on organic sheep and goat farms in Switzerland	28
12	Selektionssignaturen in Schweizer Ziegenrassen	12
20	Optimierung der Schweizer Ziegenzuchtprogramme : Modellierung von Varianten mit ZPLAN	16
43	An attempt for a preventive use of Sainfoin pellets in dairy goats to control gastrointestinal nematodes	28
41	Laufhofnutzung von Milchziegen in Abhängigkeit von der Gestaltung des Laufhofs	27

Verschiedene Nutztiere

Poster Nr.	Poster-Titel	Seite
39	Neue Softwaretools zur Zuchtplanung	26
3	Arzneipflanzen – prophylaktische und therapeutische Optionen für Erkrankungen des Verdauungstrakts und der Atemwege bei Kälbern und Ferkeln	7
23	Effect of an advisory project in veterinary homeopathy for livestock on health and antibiotic use	18
10	GenMon-CH: a Web-GIS application for the monitoring of Farm Animal Genetic Resources (FAnGR) in Switzerland	11

1 Tagesverlauf des reticulo-ruminalen pH-Werts bei Milchkühen mit einem hohen Rationsanteil an frischem Wiesenfutter

F. Akert^{1,3}, P. Hofstetter², A. Mürger⁴, H.J. Frey², S. Probst¹, R. Petermann² und B. Reidy¹

¹ Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften HAFL, Zollikofen, Schweiz; ² BBZ für Natur und Ernährung BBZN, Hohenrain/Schüpfheim, Schweiz; ³ETH Zürich, Institut für Agrarwissenschaften, Zürich, Schweiz; ⁴Agroscope, Institut für Nutztierwissenschaften, Posieux, Schweiz

Bei laktierenden Kühen mit einer hohen Milchleistung und einem hohen Anteil an leichtverdaulichen Kohlenhydraten in der Ration kann es zu einer Akkumulation von organischen Säuren in den Vormägen kommen. Wird dadurch der pH-Wert in den Vormägen über längere Zeit abgesenkt, spricht man von subklinischer Pansenazidose. Ziel dieser Studie war es, den Effekt von Kraftfutter in Kombination mit frischem Wiesenfutter unterschiedlicher Vorlage (Weide und Eingrasen) auf den Verlauf des reticulo-ruminalen pH-Wert zu untersuchen.

Im Rahmen des Systemvergleichs Hohenrain II wurden je sechs Kühe aus den Fütterungssystemen Vollweide bzw. Eingrasen und Weide mit hohem Kraftfüttereinsatz mit Langzeitsonden zur Messung des reticulo-ruminalen pH-Werts ausgerüstet. Die Messwerte (Messintervall = 10min) von 7 Tagen (Zeitraum 24.4.2015 bis 30.4.2015) wurden stundenweise gemittelt und im Tagesverlauf je Fütterungssystem ausgewertet.

Die Aufnahme von frischem Wiesenfutter im Stall und der Verzehr von Leistungsfutter führten zu einem abrupten Abfall des reticulo-ruminalen pH-Wertes. Im Unterschied zur Futteraufnahme im Stall konnte auf der Weide ein langsamerer und kontinuierlicher Abfall des pH-Wertes gemessen werden. Im Allgemeinen wurden die Grenzwerte für eine subklinische Pansenazidose nicht überschritten, wodurch das Risiko einer Stoffwechselstörung in beiden Fütterungssystemen als niedrig eingeschätzt werden kann.

Bereits erschienen: Akert F, Hofstetter P, Mürger A, Frey H-J, Probst S, Petermann R, Reidy B, 2016. Kontinuierliche Messung des reticulo-ruminalen pH-Werts im Tagesverlauf bei laktierenden Milchkühen mit einem hohen Rationsanteil an frischem Wiesenfutter. Tagungsband Internat. Weidetagung 24.-25. August 2016, Ettelbrück, 11–14

2a Evaluation of the semi-automated Cow-Gait-Analyzer[®] to detect gait cycle variables in dairy cows

M. Alsaad¹, R. Kredel², B. Hofer², and A. Steiner¹

¹Clinic for Ruminants, Vetsuisse-Faculty, ²Institute of Sport Science, Faculty of Human Sciences, University of Bern, 3001 Bern, Switzerland.

With increasing lameness prevalence in dairy herds over the past years, systems for the automated detection of locomotor behavior of cows are becoming more and more useful. This study presents the validation of a Cow-Gait-Analyzer[®] to detect gait cycle variables in normal and pathological gait in dairy cows using features derived from low-cost and stand-alone three dimensional (3D) accelerometers (400 Hz). Twelve dairy cows without any signs of lameness (group non-lame) and five cows (group lame) referred to the Clinic for Ruminants, Vetsuisse-Faculty, University of Bern for evaluation of a lameness problem in the area of the hind limbs were used. The Cow-Gait-Analyzer[®] automatically extracts the relevant gait events of foot load and toe off, which characterize the gait cycle duration, stance and swing phases during walking. If necessary, the detected peaks of foot load and toe off can also be manually modified. The evaluation of the algorithms was performed by comparing the output of the accelerometer data (pedogram) with the synchronized video data, which is used as a gold standard. The measurement was carried out at the level of the metatarsi of paired hind limbs during walking. The overall differences between the Cow-Gait-Analyzer[®] and the gold standard were expressed as relative measurement error (RME). A total of 34 hind limbs with a mean of 9 gait cycles were analyzed. The mean RME of gait cycle duration and stance phases was 0.01 and 1.84 %, respectively. The peaks of gait cycle variables showed an RME of 0.83 and 0.64 % for foot load and toe-off, respectively. The semi-automated Cow-Gait-Analyzer[®] can detect events of gait cycle variables accurately, and could thus be used to assess the gait pattern in routine clinical and research practice with the focus on individual cows.

Key words: accelerometer, dairy cow, gait cycle

2b The Cow pedogram—Analysis of gait cycle variables allows the detection of lameness and foot pathologies

Maher Alsaad¹, Ralf Kredel², Adrian Steiner¹

¹Clinic for Ruminants, Vetsuisse Faculty Bern; ²Institute of Sport Science, Faculty of Human Sciences, University of Bern, Switzerland

Changes in gait characteristics are important indicators in assessing the health and welfare of cattle. The aim of this study was to detect unilateral hind limb lameness and foot pathologies in dairy cows using 2 high frequency accelerometers (400 Hz). The extracted gait cycle variables included temporal events (kinematic outcome = gait cycle, stance phase and swing phase duration) and several peaks (kinetic outcome = foot load, toe-off). The study consisted of 2 independent experiments. Experiment 1 was carried out to compare the pedogram variables between lateral claw and respective metatarsus (MT) (n=12) in sound cows (Numerical Rating System (NRS) <3, n=12) and the differences of pedogram variables across limbs within cows between lame cows (NRS ≥ 3, n=5) and sound cows (n=12), using pedogram data that were visually compared to the synchronized cinematographic data. Experiment 2 was carried out to determine the differences across limbs within cows between cows with foot lesions (n=12) and without foot lesions (n=12), using only pedogram data. The pedogram of the lateral claw of sound cows revealed similarities of temporal events (gait cycle duration, stance and swing phases) but higher peaks (toe-off and foot load) as compared with the pedogram of the respective MT. In both experiments, comparison of the values between groups showed significantly higher values in lame cows and cows with foot lesions for all gait cycle variables. The optimal cut-off value of the relative stance phase duration for identifying lame cows was 14.79% and cows with foot lesions was 2.53% with (both 100% sensitivity and 100% specificity) in experiments 1 and 2, respectively.

The use of accelerometers with a high sampling rate (400 Hz) at the level of the MTs is a promising tool to indirectly measure the kinematic variables of the lateral claw and to detect unilateral hind limb lameness and hind limb pathologies in dairy cows and is highly accurate.

2c Effect of floor type on characteristics of locomotion comfort

Alsaad M¹, Huber S¹, Beer G¹, Kohler P¹, Schüpbach G², Steiner A¹

¹Clinic for Ruminants, Vetsuisse-Faculty, ²Veterinary Public Health Institute, University of Bern, 3001 Bern, Switzerland.

The locomotion comfort of dairy cows depends on the floor of the walking alleys. The optimal locomotion comfort is given when cows walk on pasture. The cow pedogram allows for characterization of various variables of the gait cycle. This study examined the characteristics of locomotion behavior on pasture (gold standard with optimal locomotion comfort) and compared it with those of cows walking on mastic asphalt and solid rubber mats. Twenty four dairy cows kept in a tie-stall facility of the agricultural school (Informa Rütli, Zollikofen) were enrolled in this experimental trial. Three flooring types were tested in the same artificial passageway (1.5 m wide x 15 m long): mastic asphalt, solid rubber (Type Kura G[®]; called now Kura Flex[®], Gummiwerke Kraiburg, DeLaval) and pasture (gold standard). The pedogram was measured using two stand-alone 3D accelerometers (400 Hz), which were fitted at the level of the metatarsus to both hind limbs. The extracted pedogram variables included temporal events (kinematic outcome = gait cycle, stance phase and swing phase duration) and peaks (kinetic outcome = foot load, toe-off). The cows were further video-recorded to calculate walking speed and stride length. Locomotion score (LS) according to Flower and Weary (2006) was performed on asphalt floor to enroll only non-lame cows (LS <3). The results of this study showed that the rubber flooring - as compared to mastic asphalt - does not reveal a significant improvement of the evaluated variables of locomotion comfort that are evident in dairy cows on pasture. Using cow pedogram analyses and video-recordings allows to differentiating between floors with minor and such with good locomotion comfort. The locomotion comfort variables detected in cows walking on pasture were significantly different from those of cows walking on mastic asphalt or solid rubber. This suggests that regular pasturing is an important management procedure to improve locomotion comfort of dairy cows.

Key words: accelerometer, dairy cow, locomotion comfort, floor

2d Use of Extended Characteristics of Locomotion and Feeding Behavior for Automated Identification of Lame Dairy Cows

Gian Beer¹, Maher Alsaad¹, Alexander Starke², Gertraud Schuepbach-Regula³, Hendrik Müller², Philipp Kohler¹, Adrian Steiner¹

¹Clinic for Ruminants, Vetsuisse-Faculty, University of Berne, Berne, Switzerland, ²Clinic for Ruminants and Swine, Faculty of Veterinary Medicine, University of Leipzig, Leipzig, Germany, ³Veterinary Public Health Institute, Vetsuisse-Faculty, University of Berne, Berne, Switzerland

This study was carried out to detect differences in locomotion and feeding behavior in lame (group L; n = 41; gait score ≥ 2.5) and non-lame (group C; n = 12; gait score ≤ 2) multiparous Holstein cows in a cross-sectional study design on a dairy farm with 1,003 lactating German Holstein cows in Thuringia, Germany. A model for automatic lameness detection was created, using data from accelerometers attached to the hind limbs and noseband sensors attached to the head. Each cow's gait was videotaped and scored on a 5- point scale before and after a period of 3 consecutive days of behavioral data recording. The mean value of 3 independent experienced observers was taken as a definite gait score and considered to be the gold standard. For statistical analysis, data from the noseband sensor and one of two accelerometers per cow (randomly selected) of 2 out of 3 randomly selected days was used. The sensitivity and specificity for lameness detection was determined with logistic regression and ROC-analysis. Group L compared to group C had significantly lower eating and ruminating time, fewer eating chews, ruminating chews and ruminating boluses, longer lying time and lying bout duration, lower standing time, fewer standing and walking bouts, fewer, slower and shorter strides and a lower walking speed. The model considering the number of standing bouts and walking speed was the best predictor of cows being lame with a sensitivity of 90.2% and specificity of 91.7%. Sensitivity and specificity of the lameness detection model were considered to be very high, even without the use of halter data. It was concluded that under the conditions of the study farm, accelerometer data were suitable for accurately distinguishing between lame and non-lame dairy cows, even in cases of slight lameness with a gait score of 2.5.

Key words: accelerometer, noseband sensor, dairy cow, lameness

3 Arzneipflanzen – prophylaktische und therapeutische Optionen für Erkrankungen des Verdauungstrakts und der Atemwege bei Kälbern und Ferkeln?

Hannah Ayrle; Meike Mevissen; Martin Kaske; Heiko Nathues; Niels Grützner; Ariane Maeschli, Matthias Melzig; Michael Walkenhorst Publiziert in: *BMC Vet Res*, 2016. 12(1): p. 89.

Ein grosser Teil der Antibiotikaaanwendungen entfallen auf Krankheiten des Gastrointestinal (GIT) - sowie des Respirationstrakts (RT) bei Jungtieren. Eine Möglichkeit diese zu minimieren, könnte die prophylaktische oder therapeutische Anwendung von Arzneipflanzen (AP) sein. Da es aber eine Vielzahl an AP gibt, welche ein Potential im Einsatz bei Jungtiererkrankungen aufweisen, war es das Ziel dieser Arbeit, die AP zu identifizieren, die am erfolversprechendsten bei Erkrankungen des GIT und des RT sowie für die Modulation des Immunsystems sind. Dieses systematische Review wurde anhand des PRISMA statements durchgeführt. Um die Vielzahl an möglichen AP einzugrenzen, wurden primäre Quellen (Standartlehrbücher, Publikationen der Ethnoveterinärmedizin und ein Bericht der EFSA) sowie Experten der Veterinärphytotherapie hinzugezogen. Zu einer Auswahl von 30 AP wurde eine datenbankbasierte Literatursuche durchgeführt (PubMed, Web of Science), bei der ausschliesslich peer-reviewed Publikationen der letzten 20 Jahre in englischer und deutscher Sprache miteinbezogen wurden. Es wurden 418 Referenzen für 29 AP ermittelt, welche unseren Auswahlkriterien entsprachen. Anhand eines Bewertungssystems konnten die Effekte sowie die Menge an zur Verfügung stehenden Informationen je AP zusammengefasst und eine Rangliste der vielversprechendsten AP erstellt werden. Dabei zeigte sich der Einsatz von Knoblauch, Pfefferminze und Salbei am sinnvollsten bei Erkrankungen des GIT. Für Erkrankungen des RT würden sich Purpur-Sonnenhut, Thymian sowie Eibisch eignen. Zur Modulation des Immunsystems liessen sich Purpur-Sonnenhut, Schwarz-bzw. Grüntee und Süssholzwurzel einsetzen. Von den 418 Referenzen, fokussierten sich 46 auf Nutztiere (Schweine: 19; Rinder: 5). Die meisten klinischen Versuche setzten AP als Futterzusatz ein, nicht als Pharmazeutikum, was mit den komplexen Zulassungsverfahren von Tierarzneimitteln erklärt werden kann. Die geringe Anzahl an klinischen veterinärmedizinischen Studien zu AP hat uns dazu veranlasst, auch humanmedizinische Studien (klinische, in vivo, ex vivo, in vitro) zu betrachten. Diese bilden den Ausgangspunkt für notwendige Studien zum Einsatz von AP bei Nutztieren, auf Basis derer, neue Vorsorge- und Behandlungsstrategien entwickelt werden könnten.

4 Cell Type-Specific Analysis of the Endometrial Transcriptome During the Peri-implantation Period in the Pig

Shuqin Zeng, Jochen Bick, Susanne E. Ulbrich, and Stefan Bauersachs

ETH Zurich, Animal Physiology, Institute of Agricultural Sciences, Zurich, Switzerland

Establishment of pregnancy in the pig involves maternal recognition of pregnancy and embryo implantation. Porcine blastocysts are rapidly initiated after hatching from the zona pellucida from Day 8 of gestation until Days 11-12 of gestation when the trophoblast elongation starts. Along with trophoblast elongation, the secretion of estradiol, the porcine embryonic signal for maternal recognition of pregnancy, is increasing. The other way around, endometrial secretions are important for conceptus growth and development. Based on the results of transcriptome analyses of whole endometrial tissue samples, the present study evaluated cell type-specific endometrial gene expression on Day 12 of pregnancy, specifically luminal epithelium (LE), glandular epithelium (GE) and stromal areas (S) were analyzed. RNA-sequencing (RNA-Seq) was conducted in LE, GE and S isolated from uteri of Day 12 pregnant and cyclic gilts (each group n=4), respectively, by laser capture microdissection (PALM LCM microscope, Zeiss). Total RNA was isolated (RIN >7.5) and used for the preparation of 24 RNA-Seq libraries (Ovation SoLo RNA-Seq System, NuGEN Technologies). Multiplexed (barcode-tagged) libraries were run on an Illumina HiSeq 2500 (3 lanes). The obtained sequence data was analyzed with a RNA-Seq data analysis pipeline on our local Galaxy server installation, including quality trimming, adapter clip, mapping to the porcine genome assembly, removal of PCR duplicates, and counting sequence reads. The resulting read count table was used for statistical analysis in EdgeR to identify differentially expressed genes (DEGs). The total number of DEGs was 2521, 172, and 1188 between pregnant and nonpregnant LE, GE and S, respectively. The cell type specific gene expression increased from nonpregnant to pregnant stage for LE vs. GE, as well as LE vs. S. However, no DEGs were found between GE and S for the pregnant stage. These results confirmed the hypothesis that conceptus signals are inducing different transcriptomic regulations in the endometrial compartments related to their specific function during recognition of pregnancy.

5 Genetische Grundlage von „Kreuzschnäbeln“ in der Rasse Appenzeller Barthuhn

Flurina Bertschinger¹, Sara Joller², Stefan Gfeller¹, Astrid Spiri³, Erwin Kump⁴, Philippe Amman⁴, Cord Drögemüller², Christine Flury¹

¹*Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften HAFL, Zollikofen;*

²*Institut für Genetik, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Bern;*

³*Züchterverein ursprüngliches Nutzgeflügel, Bühlstrasse, 9217 Neukirch an der Thur;*

⁴*ProSpecieRara, Unter Brüglingen, 4052 Basel*

Die Rasse Appenzeller Barthuhn (AB) ist eine der drei lokalen Schweizer Hühnerrassen. Tiere mit gekreuzten Schnäbeln (Kreuzschnabel) treten in dieser Rasse gehäuft (9.8%) auf. Die genetische Grundlage dieser Schnabeldeformation ist ungeklärt. Ziel der Untersuchung ist es, allfällige Genorte die das Auftreten von gekreuzten Schnäbeln beeinflussen, aufzudecken. Weiter wird in einem praktischen Zuchtversuch der Erbgang dieses Phänomen untersucht. Für den Zuchtversuch wurden Küken aufgezogen und insgesamt 6 Zuchtgruppen à je fünf Hennen und einem Hahn gebildet (drei Gruppen mit betroffenen Tieren und drei Gruppen mit gesunden Tieren). Für die genomischen Untersuchungen wurden insgesamt 172 AB-Tiere mit dem Affymetrix 600k Axiom Hühnerarray genotypisiert. Davon waren 104 Tiere gesund und 68 Tiere hatten gekreuzte Schnäbel. Im Gewichtsverlauf konnte kein signifikanter Unterschied zwischen den Kontrolltieren und betroffenen Tieren festgestellt werden. Die mittlere Legeleistung zwischen den Gruppen ist ebenfalls vergleichbar. Die genomische Verwandtschaft zwischen den genotypisierten Tieren variierte von 0.0% zu 63.3%. Erstaunlicherweise waren 8'087 Tierpaare aus den total 14'706 paarweisen Vergleichen komplett unverwandt. Deshalb wird angenommen, dass die Rasse auch von anderen Hühnerrassen beeinflusst wurde. Die genomischen Analysen werden verfeinert und im Frühjahr werden Eier aus den 6 Zuchtgruppen ausgebrütet. Es wird erwartet, dass die Studie zu einem besseren Verständnis der Rasse Appenzeller Barthuhn und im Besonderen der genetischen Grundlage für das Kreuzschnabelphänomen leisten wird.

6 Trinkverhalten von ad libitum getränkten Holstein Aufzuchtkälbern in den ersten 35 Tagen

M. Bühler^{1,2}, S. Probst¹ und M. Kaske³ (¹Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften HAFL, Zollikofen; ²Meliofeed AG, Herzogenbuchsee; ³Vetsuisse-Fakultät Universität Zürich, Zürich)

Nach aktuellen Kenntnissen dienen hohe Milchaufnahmen während den ersten Lebenswochen nicht nur dem Kalb, sondern wirken sich auch positiv auf das adulte Tier aus. Die Analyse des Trinkverhaltens von ad libitum getränkten Kälbern in den ersten 5 Lebenswochen war Gegenstand dieser Arbeit. 24 Aufzuchtkälber der Rasse Holstein Friesian (6 männliche, 18 weibliche) wurden in Einzelboxen gehalten und hatten ab dem 1. Lebenstag freien Zugang zu angesäuerter Milch. Die aufgenommene Milchmenge wurde während 35 Tagen täglich und das Lebendgewicht der Kälber wöchentlich erhoben.

Die Kälber nahmen in den 35 Tagen durchschnittlich 8.16 ± 2.19 Liter Milch pro Tag zu sich (Mittelwert \pm Standardabweichung), mit einem Maximum von 16.0 Liter. Dabei stieg die Milchaufnahme von mittleren 7.04 l in der 1. Lebenswoche auf 8.98 l in der 5. Lebenswoche an ($p < 0.05$). Die durchschnittlichen Milchaufnahmen in den Wochen 1 und 2 korrelierten nicht mit der Milchaufnahme in allen anderen Lebenswochen ($p > 0.05$). Hingegen korrelierten die Milchaufnahmen in den Wochen 3, 4 und 5 untereinander signifikant ($p < 0.05$) mit Korrelationskoeffizienten zwischen 0.49 und 0.65. Das mittlere Geburtsgewicht der Kälber lag bei 43.5 ± 5.4 Kilogramm, die Gewichtszunahmen von der Geburt bis zum 35. Tag betragen durchschnittlich 28.4 ± 5.0 Kilogramm. Das entsprach einer Tageszunahme von durchschnittlich 835 g, wobei das Maximum bei 1185 g lag. Wie erwartet zeigte sich ein linearer Zusammenhang zwischen der Milchaufnahme während 35 Tagen und dem Zuwachs ($p < 0.05$). Zwischen dem Geburtsgewicht und der Milchaufnahme sowie zwischen dem Geburtsgewicht und den Zunahmen während den ersten 5 Lebenswochen konnte hingegen kein Zusammenhang festgestellt werden ($p > 0.05$).

Ad libitum getränkte Aufzuchtkälber können grosse Milchmengen aufnehmen und Tageszunahmen von über 1'000 g erreichen. Da die Schwankungen dabei gross sind, kann anhand der Milchaufnahme in den ersten Lebenswochen keine Prognose zum späteren Trinkverhalten gemacht werden.

7 Genomische Inzucht und Selektionssignaturen in vier Pferderassen

Alexander Burren^{1,5}, Heidi Signer-Hasler^{1,5}, Markus Neuditschko^{2,5}, Mirjam Hunziker¹, Vinzenz Gerber³, Debbie Schnider³, Tosso Leeb^{4,5}, Stefan Rieder² & Christine Flury^{1,5}

¹Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften HAFL, Zollikofen

²Agroscope, Schweizer Nationalgestüt SNG, Avenches

³Schweiz. Institut für Pferdemedizin, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Bern

⁴Institut für Genetik, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Bern

⁵Kompetenzzentrum für Tierzucht und Genetik der Universität Bern, Berner Fachhochschule HAFL & Agroscope

In der Schweiz sind Pferde der Rassen Freiburger (FM) und Warmblut (WB) am häufigsten vertreten. Die Shetlandponys (SP) sind die zahlenmässig umfangreichste Ponyrasse, wohingegen die Tinker (TI) nur eine Nische innerhalb der Pferderassen in der Schweiz besetzen. Im Rahmen der vorliegenden Untersuchung wurden Genotypen (37'075 informative SNPs) von insgesamt 1'345 Pferden (1'077 FM, 196 WB, 48 SP und 24 TI) für die Herleitung der genomischen Inzucht (F_{ROH}), basierend auf „Runs of homozygosity“ (ROH) und Selektionssignaturen, untersucht. Die mittlere genomische Inzucht nach Rasse beträgt 0.061 (FM), 0.033 (WB), 0.093 (SP) und 0.050 (TI). Zusätzlich konnten für die 1'077 FM und 196 WB Tiere Korrelationen zwischen pedigree-basierter und genomischer Inzucht berechnet werden. Diese Korrelationen liegen für die FM bei 0.62 und für die WB bei 0.50. Berücksichtigt man in der Regressionsgleichung zusätzlich die Eltern, erhöhen sich die Korrelationen auf 0.85 (FM) und 0.72 (WB). Für alle Rassen werden chromosomale Regionen mit überdurchschnittlicher genomischer Inzucht vorgestellt und mögliche Gründe für die regionalen Unterschiede diskutiert. Diese Ergebnisse werden zusätzlich mit den wichtigsten Selektionssignaturen der vier Rassen verglichen. Die Studie gibt Hinweise auf genomische Regionen und Kandidatengene, die in den untersuchten Pferderassen eine wichtige Rolle in der Selektion spielen.

8 Impact of the genetic diversity of the reference population on the accuracy of imputation of rare variants

Adrien M. Butty¹, Filippo Miglior^{1,2}, Paul Stothard³, Flavio S. Schenkel¹, Birgit Gredler⁴, Mehdi Sargolzaei^{1,5}, and Christine F. Baes¹

¹Center for Genetic Improvement of Livestock, Department of Animal Biosciences, University of Guelph, Guelph, ON ²Canadian Dairy Network, Guelph, ON ³Department of Agricultural, Food and Nutritional Science, University of Alberta, Edmonton, AB ⁴Qualitas AG, Zug, CH ⁵Semex Alliance, Guelph, ON

The cost for whole-genome sequencing is still too high for use on large number of animals. SNP genotyping with chips is routinely used and common cattle breeds are widely genotyped. Imputation algorithms have been developed to allow for in silico inference of whole-genome sequence (WGS) for all genotyped individuals. High average imputation accuracies are commonly observed. Accurate imputation of rare variants, however, is still difficult and strongly dependent on the composition of the reference population. Up to now most of the sequenced cattle individuals have been selected using the key ancestor approach. This method relies on pedigree or genomic relationships and aims to optimize the genotypic variance of a population explained by the selected animals. In order to reach better imputation accuracies of rare variants in a genotyped population, we have developed a new algorithm for choosing the candidates for sequencing. Following a simulated annealing iteration method, we optimize the Genetic Diversity Index (GDI) of a group of animals that will be the future reference population for imputation. This GDI is computed by summing the count of unique haplotypes at each 20-SNP-window over all animals present in a selection.

Here we will simulate a set of WGS using coalescence and gene dropping along a North-American Holstein pedigree. WGS will be masked to array density and imputed back to WGS to compare accuracies using differently selected reference groups. We expect that our approach will yield higher imputation accuracy of rare variants, relying on a more genetically diverse reference population.

9 Comparison of methane emissions from grazing dairy cows as determined using the sulfur hexafluoride tracer technique and the GreenFeed system

T.M. Denninger, F. Dohme-Meier, A. Schwarm, M. Kreuzer, P.-A. Dufey, C. Martin, Y. Rochette and A. Mürger – Posieux/Theix/Zurich

Enteric methane (CH₄) from ruminants is one contributor to greenhouse gas emissions. By means of animal breeding, it may be possible to develop a sustainable methane mitigation strategy. In order to achieve this goal, methods for the efficient collection of reliable data from a large number of animals are necessary. The sulfur hexafluoride (SF₆) tracer technique is an established but labour intensive method to measure ruminal CH₄ emissions from free-ranging ruminants. The GreenFeed (GF) system (C-Lock Inc., Rapid City, SD, USA) may be an automated alternative. It is a movable device measuring respiration gas output during voluntary visits of a feeding station by the cows. The objective of the present study was to generate more data for the comparison of emission data obtained from the two methods in grazing dairy cows. Thirteen multiparous Holstein-Friesian dairy cows averaging 21.7 ± 4.7 kg/d of milk and 589 ± 25 kg of body weight grazed full time as a single herd. During a 5-day period the SF₆ tracer technique and the GF system were applied simultaneously. The daily methane emissions as determined by GF were averaged per cow over 5 d (P1), 7 d (P2) and 11 d (P3). These results were compared with the daily emission being determined by the SF₆ technique and averaged per cow over the 5 d of sampling in P1. Data were analysed with the ANOVA procedure of SYSTAT 13 and Spearman correlation coefficients were calculated. Over P1, the estimated CH₄ emission using the GF (331 g/d ± 54.1) was higher (P<0.001) compared to the CH₄ emission determined by the SF₆ technique (245 g/d ± 38.6). The same was observed over P2 and P3 with greater (P<0.001) emission values (318 g/d ± 35.4 and 311 g/d ± 35.4, respectively) from the GF than the values derived from the SF₆ technique. The Spearman correlation coefficients between the methods were only moderately high, but increased from P1 (0.57, P = 0.042) to P2 (0.59, P = 0.036) and P3 (0.62, P = 0.025). Overall, the CH₄ emissions estimated by GF were higher and appear to be more within a plausible range than those obtained using the SF₆ technique. Further investigations need to be conducted in order to examine the repeatability as well as the reliability of the CH₄ emissions determined by GF on pasture.

10 GenMon-CH : a Web-GIS application for the monitoring of Farm Animal Genetic Resources (FAnGR) in Switzerland

Solange Duruz¹, Christine Flury², Stéphane Joost¹

¹ EPFL ENAC IIE LASIG, Lausanne. ² School of Agricultural Forest and Food Sciences, HAFL, Zollikofen

Since the initiation of the Global plan of action for Farm Animal Genetic Resources (FAnGR) in 2007, individual member countries, including Switzerland, should have started a monitoring program. In this context, we developed GenMon-CH, funded by the Federal Office for Agriculture (BLW), which is a WebGIS platform designed to monitor Swiss FAnGR and evaluate the degree of endangerment of livestock breeds. The system takes into account pedigree and introgression information, the geographical concentration of animals, the cryo-conservation plan and the sustainability of breeding activities based on socio-economic data as well as present and future land use conditions. A multi-criteria decision tool supports the aggregation of the multi-thematic indices mentioned above. It entirely relies on open source technologies.

GenMon-CH allows users to upload pedigree-information (animal ID, parents, birthdate, sex, location and introgression) from a specific livestock breed and to define species and/or region-specific weighting parameters and thresholds. The program then completes a pedigree analysis and derives several indices that are used to calculate an integrated score of conservation prioritization for the breeds under investigation. The score can be visualized on a geographic map and allows a fast, intuitive and regional identification of breeds in danger. Appropriate conservation actions and breeding programs can thus be undertaken in order to promote the recovery of the genetic diversity in livestock breeds in need. The use of the platform is illustrated by means of an example based on three local livestock breeds from different species in Switzerland: the Braunvieh cattle breed, Franches-Montagnes horse breed and the Valais Blacknose sheep breed

11 Les effets de l'acide résinique comme additif fourrager sur la production laitière

A. Ecoeur et S. Probst

Haute école des sciences agronomiques, forestières et alimentaires HAFL, Zollikofen

Un essai d'affouragement avec un additif contenant de l'acide résinique a été testé sur une exploitation laitière. 24 vaches ont été séparé en 2 groupes homogènes, avec et sans l'additif, et testé selon la méthode « Cross-Over Studie ». Le dosage de l'additif était de 7 gramme par vache et par jour. Après une phase d'adaptation de 4 semaines, la quantité de lait et les teneurs ont été saisies et les groupes ont été échangés. En plus, une analyse sanguine de 20 vaches, séparées en 2 groupes de 10, a été effectuée.

La production laitière moyenne était de 33.5 kg sans et 33.3 kg avec l'additif ($p=0.89$). Les teneurs en matière grasse, en protéine et en urée ne se distinguaient pas significative non-plus ($p=0.69$, $p=0.44$ et $p=0.40$ respectivement). Le taux de glucose dans le sang sans additif (3.67 mmol/l) et avec additif (3.55 mmol/l) ne se distinguait pas ($p=0.47$). La différence de la teneur en acides gras libres n'était pas significative non-plus ($p=0.43$). En revanche le traitement avait une forte influence sur la teneur en β -Hydroxybutyrate, avec une moyenne de 1473 $\mu\text{mol/l}$ pour le groupe sans additif et de 898 $\mu\text{mol/l}$ pour le groupe avec additif ($p<0.001$).

Le β -Hydroxybutyrate est un corps cétonique issu de la dégradation incomplète des acides gras pendant le cycle du citrate. Il apparait lorsqu'il y a un déficit énergétique et un manque de composés glucoformateurs. Il est possible d'émettre l'hypothèse que l'acide résinique augmente la production de propionate dans la panse. Cette hypothèse concorde avec les résultats trouvés par Grönberg et Rinttilä (2015). Une réduction des corps cétoniques peut se traduire par une baisse d'acétonémie et donc par une amélioration indirecte de la production laitière.

12 Selektionssignaturen in Schweizer Ziegenrassen

Christine Flury^{1,5}, Alexander Burren^{1,5}, Markus Neuditschko^{2,5}, Heidi Signer-Hasler^{1,5}, Mirjam Frischknecht¹, Irene Reber⁴, Fiona Menzi⁴, Cord Drögemüller^{4,5}

¹Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften HAFL, Zollikofen

²Agroscope, Schweizer Nationalgestüt SNG, Avenches

⁴Institut für Genetik, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Bern

⁵Kompetenzzentrum für Tierzucht und Genetik der Universität Bern, Berner Fachhochschule HAFL & Agroscope

In der vorliegenden Arbeit wurden die genetische Vielfalt und Selektionssignaturen von 10 Schweizer Ziegenrassen basierend auf 50k-Genotypen von total 473 Tieren untersucht. In der Clusteranalyse konnten die Genotypen der Rassen Nera Verzasca und Capra Grigia nicht eindeutig unterschieden werden. Die tiefsten Werte für die verschiedenen Parameter der genetischen Vielfalt innerhalb Rasse wurden für die Rassen Appenzellerziege, Toggenburgerziege, Walliser Ziege (d.h. Kupferhalsziege und Schwarzhalsziege) und Stiefelgeiss gefunden. Für die Daten der drei Hauptrassen (Saanenziege, Gämshalsgebirgsziege und Toggenburgerziege) konnte die lineare Beziehung zwischen der pedigree-basierten Inzucht (FPED) und der genomischen Inzucht (FROH) bestätigt werden. Die 25 signifikantesten Selektionssignaturen enthielten bekannte Gene für Merkmale der Fellfarbe, der Körpergrösse und der Zusammensetzung der Milch. Die signifikanteste Signatur wurde für die Rasse Appenzellerziege in der Region des PITX2 Gens gefunden. Die gleiche Region war auch in der Stichprobe der Walliser Ziegen signifikant. Aus der Literatur ist bekannt, dass das PITX2 Gen den Fettgehalt bei Ziegen beeinflusst. Die mittleren Milchfettgehalte dieser zwei Rassen sind fast 0.5% tiefer als bei den anderen Rassen. Deshalb wird diese Genregion in einer nachfolgenden Studie weiter verfolgt.

13a Genomische Zuchtwertschätzung mit Sequenzdaten

M. Frischknecht^{1,2}, T.H.E. Meuwissen³, B. Bapst², F.R. Seefried², C. Flury¹, D. Garrick⁴, H. Signer-Hasler¹, C. Stricker⁵, Intergenomics Consortium⁶, A. Bieber⁷, R. Fries⁸, I. Russ⁹, J. Sölkner¹⁰, A. Bagnato¹¹, B. Gredler²

¹Bern University of Applied Sciences, School of Agricultural, Forest and Food Sciences HAFL, 3052 Zollikofen, ²Qualitas AG6300 Zug, ³Norwegian University of Life Science, 1432 Ås, Norway, ⁴Iowa State University, 50011 Ames, USA, ⁵agn Genetics, 7260 Davos, Switzerland, ⁶Interbull center, SLU - Box 7023, Uppsala S-75007, Sweden, ⁷Research Institute of Organic Agriculture (FiBL), 5070 Frick, ⁸Technische Universität München, , 85354 Freising-Weihenstephan, Germany, ⁹Tierzuchtforschung e.V., 85586 Poing, Germany, ¹⁰University of Natural Resources and Life Sciences, 1180 Wien, Austria, ¹¹University of Milan, 20133 Milano, Italy

Die genomische Zuchtwertschätzung (GS) beim Milchrind wird heute auf der Basis von rund 50'000 (50k) genetischen Varianten (sogenannten Single Nucleotide Polymorphisms (SNP)) durchgeführt. Im Rindengenom sind jedoch viele Millionen solcher Varianten vorhanden. Die Idee liegt nahe, dass durch die Nutzung aller SNPs für die GS die Genauigkeit dieser gesteigert werden könnte. Wir haben anhand von imputierten Sequenzdaten von 2'000-7'000 Braunviehtieren verschiedene Szenarien getestet. Wir haben die Genauigkeit der GS mit den routinemässig genutzten rund 50'000 SNP einer GS mit rund 13 Millionen SNPs gegenübergestellt. Dabei hat sich gezeigt, dass der Gewinn an Genauigkeit nicht den Erwartungen aufgrund der Ergebnisse basierend auf Simulationen entspricht. In der Realität konnten für die sequenzbasierte GS gegenüber der aktuellen GS basierend auf 50k SNP Daten nur sehr geringe Genauigkeitsgewinne gefunden werden. Ein Grund weshalb imputierte Sequenzdaten nicht zu einer höheren Genauigkeit der GS führen, ist die tiefere Genauigkeit der Imputation für SNPs mit sehr seltenen Allelen. Diese geringe Genauigkeitssteigerung steht einem grossen Mehraufwand an Zeit und Rechenkapazität für die notwendigen Anpassungen in der Zuchtwertschätzung gegenüber. Aufgrund dieser Erkenntnisse scheint im Moment die Einführung einer sequenzbasierten GS in die Routine nicht zielführend zu sein.

13b Genomweite Assoziationsstudien für Fruchtbarkeitsmerkmale in Braunvieh

M. Frischknecht^{1,2}, B. Bapst², C. Flury¹, F.R. Seefried², H. Signer-Hasler¹, D. Garrick³, C. Stricker⁴, Intergenomics Consortium⁵, R. Fries⁶, I. Russ⁷, J. Sölkner⁸, A. Bieber⁹, A. Bagnato¹⁰, B. Gredler²
¹Bern University of Applied Sciences, School of Agricultural, Forest and Food Sciences HAFL, Länggasse 85, 3052 Zollikofen, Switzerland, ²Qualitas AG, Chamerstrasse 56, 6300 Zug, Switzerland, ³Iowa State University, Kildee 225, 50011 Ames, USA, ⁴agn Genetics, Börtjistrasse 8b, 7260 Davos, Switzerland, ⁵Interbull center, SLU - Box 7023, Uppsala S-75007, Sweden, ⁶Technische Universität München, Liesel-Beckmann-Straße 1, 85354 Freising-Weihenstephan, Germany, ⁷Tierzuchtforschung e.V., Senator-Gerauer-Str. 23, 85586 Poing, Germany, ⁸University of Natural Resources and Life Sciences, Gregor-Mendel-Str 33, 1180 Wien, Austria, ⁹Research Institute of Organic Agriculture (FiBL), Ackerstrasse 113, 5070 Frick, Switzerland, ¹⁰University of Milan, Via Celoria 10, 20133 Milano, Italy

Fruchtbarkeitsmerkmale gehören zu den funktionellen Merkmalen. Sie haben eine tiefe Erbllichkeit und sind daher schwieriger züchterisch zu bearbeiten. Die genomische Selektion bringt insbesondere bei solchen Merkmalen Vorteile. Um die Genauigkeit der genomischen Selektion zu steigern und die den Fruchtbarkeitsmerkmalen zugrunde liegende Genetik besser zu verstehen, führen wir genomweite Assoziationsstudien mit Fruchtbarkeitsmerkmalen durch. Bei Braunvieh haben wir einen quantitative trait locus (QTL) für das Merkmal Non-return rate 56 auf Chromosom 17 gefunden. In dieser Region liegen verschiedene Gene, welche bekannterweise einen Einfluss auf die Fruchtbarkeit haben. Zwei Gene sind von besonderem Interesse. In diesen Genen finden wir je eine signifikant assoziierte Variante. Diese Varianten sind missense Varianten und beeinflussen somit die Aminosäuresequenz des aus dem Gen resultierenden Proteins. Mit verschiedenen Tools ist es möglich den Effekt solcher Varianten vorherzusagen. Für ein Protein wird der Effekt der Variante als „probably damaging“ vorhergesagt. Daher ist es möglich, dass diese Variante für diesen QTL verantwortlich ist. Es ist geplant diese Region und diese Varianten genauer zu untersuchen, um die zugrunde liegenden Mechanismen besser interpretieren zu können.

14 La poule à deux fins en Suisse : résultats d’engraissement, de ponte et acceptation par les consommateurs suisses (projet INDUCE 2014-2017).

I.D.M. Gangnat¹, S. Mueller¹, R. Messikommer¹, V.H.M. Visschers², M. Siegrist² et M. Kreuzer¹
¹ETH Zurich, D-USYS, Universitaetstr. 2, 8092 Zurich ²ETH Zurich, D-HEST, Universitaetstr. 16, 8092 Zurich

Depuis la spécialisation de l'élevage des volailles vers la ponte ou l'engraissement, les mâles issus des races pondeuses n'ont plus d'utilité de par leur trop faible rendement en viande. Ils sont abattus dès l'éclosion. Une alternative serait le sexe dans l'œuf afin de n'accouper que les œufs femelles mais cette technique n'est pas encore aboutie et la pression des médias et des consommateurs contre l'abattage des poussins continue à monter. Une autre alternative serait l'utilisation de volailles capables de fournir à la fois des œufs et de la viande dans des proportions satisfaisantes, volailles dites « poule à deux fins ». Différentes génétiques ont été testées lors de ce projet pour leurs capacités de croissance (pour les mâles) et de ponte (pour les femelles) : des lignées anciennes (poule Suisse, poule de Malines), des hybrides spécialisés pour l'engraissement (Hubbard) et pour la ponte (Lohmann Brown) ainsi que de nouveaux croisements produisant une lignée à deux fins (Lohmann Dual, Novogen Dual). Les lignées anciennes étaient trop peu productives pour être envisageables en production commerciale. Si les mâles des lignées à deux fins ont montré des croissances comparables aux volailles d'engraissement à croissance lente, les femelles à deux fins ont produit moins d'œufs, et aussi des œufs en moyenne plus légers, que les hybrides spécialisés dans la ponte. Cependant, ces derniers ont eu des résultats de croissance très médiocres. Ainsi, les nouveaux croisements de poule à deux fins pourraient être intéressants dans une logique d'agriculture biologique avec une production d'intensité modérée de viande avec les mâles et d'œufs avec les femelles. C'est aussi le résultat de l'enquête sur 402 consommateurs suisses. Les consommateurs réguliers de produits de l'agriculture biologique étaient aussi ceux qui étaient le plus disposés à payer pour des œufs et du poulet de poule à deux fins. Ceci malgré la plus petite taille des œufs et des carcasses de poule à deux fins. Le consommateur cible pour les produits de poule à deux fins est donc le consommateur bio.

15 Reduced antibiotic use in piglets: effects of tannins and salicylate as alternatives in susceptible piglets artificially infected with *E. coli* F4 ac.

M. Girard¹, D. Hu², N. Pradervand¹, A. Gutzwiller¹, S. Neuenschwander², G. Bee¹

¹ Agroscope Posieux ; ² Institute of Agricultural Sciences, ETHZ

Post-weaning diarrhea (PWD) has a multifactorial etiology but is often related to infection by enteropathogens, such as enterotoxigenic *E. coli* F4 (ETEC). The increased occurrence of resistances due to the massive use and misuse of antibiotics, especially for prophylactic treatments, strongly incites the development of alternative solutions. Besides genetic selection or vaccination, nutritional approaches could represent a good alternative as well. Salicylate have been proposed to decrease the severity of diarrhea, and hydrolysable tannins are known to have antimicrobial properties.

The present experiment aimed to study whether a standard diet (C; CP: 18.5%; DE: 14 MJ/kg) supplemented with hydrolysable tannins from chestnut (T; Silvafeed Nutri P/ENC for Swine, Silvateam, Italy) combined (SA) or not (NSA) with sodium salicylate could reduce the prevalence of PWD in piglets artificially infected with ETEC. At 26 ± 1 d of age, 72 piglets susceptible to ETEC F4 were weaned and allocated in a 2 x 2 factorial design balanced for weaning body weight and litter. Four days after weaning, piglets were orally infected with a suspension at 10⁸ CFU/ml of ETEC (F4ac, LT+, STb+). Each piglet had free access to an electrolytes solution with or without SA. Piglets growth and feed intake per pen were recorded weekly. A 4-level scale (1= dry to 4=watery diarrhea) was used in order to monitor daily fecal score for 14 d.

During the 2 weeks after infection, the addition of SA had no effect (P>0.05) on growth performances nor on fecal score. By contrast, T supplementation increased average daily gain (P=0.03) by on average 45 g/d with T supplementation compared with C diet. Feed intake per pen was also greater (P < 0.10) in piglets receiving T than in those fed the C diet. In addition, during the first week post-infection, T supplementation decreased (P<0.001) fecal score compared with the C group (1.46 vs 2.07 respectively). Finally, during the whole experiment, piglets fed the T diet had a lower (P<0.001) number of days in diarrhea compared with the C diet (2.8 vs 6 d respectively).

This study highlighted that, contrary to SA, hydrolysable tannins could be used immediately after weaning as a promising alternative to antibiotics to improve growth performance and to reduce PWD.

16 Exterieur-Phänotypisierung von Freiberghengsten mittels fotografischer Analysen

Gmel Annik, Agroscope – Schweizer Nationalgestüt SNG, Les Longs-Prés, 1580 Avenches & Institut für Genetik, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, 3012 Bern, Schweiz

Von Niederhäusern Rudolf, Agroscope – Schweizer Nationalgestüt SNG, Les Longs-Prés, 1580 Avenches
Druml Thomas, Institut für Tierzucht und Genetik, Veterinärmedizinische Universität Wien, 1210 Wien, Österreich,
Neuditschko Markus, Agroscope – Schweizer Nationalgestüt SNG, Les Longs-Prés, 1580 Avenches

Ein frühzeitiges Erkennungssystem der Qualität rassenspezifischer Merkmale ist besonders bei Tieren mit langem Generationsintervall (z.B. Pferd) von wirtschaftlicher und züchterischer Bedeutung. Bei Pferden werden Exterieurmerkmale entweder mittels einer Skala benotet und/oder über lineare Beschreibung definiert. Bei der Freibergerrasse erfolgen die Exterieurbeurteilung und die lineare Beschreibung auf einer Skala von 1 bis 9. Aufgrund der verschiedenen Nutzungsarten (Sport, Freizeit und Landwirtschaft) sind die zu beschreibenden Merkmale jedoch weniger klar definiert als beispielsweise beim Rind. Zudem ist die Population kleiner und wird im Vergleich zum Rind durch viele unterschiedliche Experten beschrieben, was die Wiederholbarkeit und Validität einschränkt.

Ziel dieser Studie ist der Vergleich zwischen linearer Beschreibung und Bildern von Freiberg (FM) Hengsten mittels geometrischer Morphometrie. Diese Methode vergleicht die Variabilität der definierten Referenzpunkte und Umrisse und ist grössenunabhängig. 202 FM- Hengste von den Jahrgängen 1973 bis 2013 wurden ausgewertet. Nach Zusammenstellung der Durchschnittsform der selektierten FM Hengste können die Abweichungen jedes Individuums zum Durchschnitt statistisch bewertet werden, und der Effekt des Jahrgangs, der linearen Beschreibung und der Abstammung berechnet werden. Dadurch wird es möglich, die Zuchtentwicklung und die Beurteilungen durch bearbeitete Bilder darzustellen, um eine Richterkalibrierung zu erlauben. Die Daten der geometrischen Morphometrie sollten auch für genomweite Assoziationsstudien angewandt werden können.

17 Anwendung einer Schätzung von CH₄ aus Milch-MIR-Spektren auf Daten der Schweizer Milchkuhpopulation

F. Grandl¹, A. Vanlierde², F.G. Colinet³, M.-L. Vanrobays³, C. Grelet², F. Dehareng², N. Gengler³, H. Soyeurt³, M. Kreuzer⁴, A. Schwarm⁴, A. Mürger⁵, F. Dohme-Meier⁵ und B. Gredler¹

¹Qualitas AG, ²CRA-W Walloon Agricultural Research Centre, ³University of Liège – Gembloux Agro-Bio Tech, ⁴ETH Zürich – Institute of Agricultural Sciences, ⁵Agroscope – Institute for Livestock Sciences

Um die genetische Variation in der Produktion von Methan (CH₄) bei Milchkühen züchterisch nutzen zu können ist eine grosse Zahl an individuellen CH₄-Messungen in der gesamten Population nötig. Die direkte Erfassung ist jedoch sehr aufwändig, weshalb Alternativen zur Schätzung des CH₄-Ausstosses gesucht werden. Ein vielversprechender Ansatz ist die Nutzung von mittleren Infrarotspektren (MIR Spektren), die aus der routinemässigen Milchleistungsprüfung (MLP) zur Verfügung stehen. Dies wird im Projekt MethaGENE plus von ETH Zürich, Agroscope und Qualitas AG zusammen mit Europäischen Partnern verfolgt. Eine bestehende Schätzgleichung basierend auf 649 CH₄-Referenzdaten (davon 111 von Schweizer Kühen) wurde auf die Spektren aus der MLP von Holsteinkühen im Zeitraum von September 2015 bis Juni 2016 angewendet. Entsprechend der Referenzdaten kamen nur Proben von Kühen in erster bis vierter Laktation mit weniger als 306 Tagen in Milch zur Auswertung. Die Herdbuchdatenbanken lieferten weitere Informationen zu den Kühen. Die Analyse der geschätzten CH₄-Emissionen erfolgte mittels semiparametrischer Regression (R package mgcv). Ohne Korrektur auf unterschiedliche Rationen oder andere Tier- und Managementparameter zeigte sich ein Anstieg der CH₄-Emissionen je Tier und Tag von der ersten bis zur vierten Laktation. Ebenso war ein deutlicher Anstieg des CH₄-Ausstosses in den ersten 50 Laktationstagen erkennbar, sowie ein leichter Rückgang gegen Ende der Laktation (>200 Tage in Milch). Weitere Auswertungen sollen durch Korrektur auf verschiedene Umwelteffekte Tier mit hohem und niedrigem CH₄-Ausstoss identifizieren. Diese Information lässt sich für Managementzwecke und genetische Auswertungen nutzen.

18 Reduced antibiotic use in piglets: E. coli antibody titres in the serum and colostrum of F4 receptor positive and negative gilts vaccinated against E. coli F4

A. Gutzwiller, Agroscope Posieux, D. Hu and S. Neuenschwander, Institute of Agricultural Sciences, ETHZ

Pigs selected for the absence of intestinal F4 receptors (a recessive genetic trait) have an innate resistance against colonisation by F4 fimbriae carrying enterotoxigenic E. coli (ETEC F4). In order to protect F4 receptor carrying (F4+) suckling piglets against this enteropathogen, pregnant sows can be immunised against F4 fimbriae and enterotoxins in order to increase colostrum antibody titres. In the course of the selection of pigs without F4 receptors (F4-), F4- sows mated with F4+ boars will give birth to F4+ piglets which need protection by colostrum antibodies. Since the immune system of these F4- sows is not naturally confronted with F4 fimbriae attached to their mucosa, the immune response to vaccination may be reduced.

In order to test that hypothesis, 12 F4- and 12 F4+ gilts were vaccinated twice with Porcilis Porcoli DF® according to the recommended vaccination protocol. The antibody titres against the fimbrial antigens F4ab and F4ac were lower in the serum (S) after the second vaccination and in the colostrum (C) of the F4- gilts, whereas the titres against the heat labile enterotoxin LT did not differ:

gilts	F4ab S	F4ab C	F4ac S	F4ac C	LT S	LT C
F4-	11.2±1.4b	12.2±2.4B	10.0±1.6B	10.9±2.5B	9.4±1.5	9.8±2.9
F4+	12.2±1.3a	14.0±1.3A	11.6±1.4A	13.0±5.2A	10.2±1.3	11.2±1.7

Data within a column with different superscripts differ (AB: p < 0.05; ab: p < 0.1)

Although the F4- gilts showed a significantly reduced immune response to F4 fimbrial antigens, the small differences in colostrum antibody concentration are probably not of practical relevance. Rijnsing et al. (2005) detected colostrum F4ab and F4ac titres of 11.9 in gilts whose piglets were protected against a challenge infection with ETEC F4.

Rijnsing H., Murmans M., Witvliet M., 2005. J. Vet. Med. B 52, 296-300

19 Genomic predictions including known QTL for reproduction traits in swine

Irene Häfliger, Oberdorfstrasse 7, 6145 Fischbach

Breeding values are the fundament on which the selection of the next generation is based on and should therefore be as reliable as possible. The implementation of marker-assisted selection (MAS), where major genes are included in the breeding value estimation (BVE), was the first method to use genomic information within the BVE. However, with the introduction of genomic selection (GS) it is possible to acknowledge the effects of several thousand markers. Here, it is explored if the combination of these two genomic methods can improve the prediction accuracy of genomic best linear unbiased prediction (GBLUP).

The study was carried out on the pig breed Swiss Large White. Used were deregressed breeding values of the reproduction traits number of piglets born alive (NBA), the proportion of underweighted piglets (UWP), the survival rate (PS), and the interval weaning to oestrus (IWO). Regarding the inclusion of additional markers, SNP panels in different extents were built based on markers that are known to be of importance from literature. Many QTLs were taken from the pig QTL database to build genomic relationship matrices, one with all QTL-markers (QTL-matrix) and one including only markers that were associated with reproduction traits (rQTL-matrix). They were added to the GBLUP model as additional random effect. Furthermore, few markers associated with the Escherichia Coli F4ab/ac (E.coli) resistance and the trait number of piglets born alive were added as fixed effects within GBLUP. A cross validation was performed based on the 400 youngest animals in the data set.

Improvements of the likelihoods were observed, when an additional QTL-matrix was included. Significant changes were detected for the trait NBA, by including the rQTL-matrix and for the trait PS, by including the E.coli-resistance marker. The prediction accuracy was not improved by giving QTL-markers more weight within the GBLUP model for the data set used. Even though, the method did not show any improvement of the prediction ability, the goodness-of-fit improved. In a more powerful data set the improvements could even enhance the prediction accuracy.

20 Optimierung der Schweizer Ziegenzuchtprogramme: Modellierung von Varianten mit ZPLAN

Hiltbold Maya¹, Bapst Beat², Neuenschwander Stefan¹, Moll Jürg²

¹Institut für Agrarwissenschaften, Tiergenetik Unit, ETH Zürich, ²Qualitas AG, Zug

Seit 2010 werden für die drei Hauptrassen Gämbsfarbige Gebirgs-, Saanen- und Toggenburgerziege des Schweizerischen Ziegenzuchtverbandes (SZZV) Zuchtwerte geschätzt.

Die Zuchtwertschätzung wird für die Merkmale Milch kg, % Fett und % Eiweiss in einer 220 Tage Laktation durchgeführt. Bockeltern müssen eine phänotypische Mindestleistung erbringen. Die verschiedenen möglichen Zuchtprogramme werden mit ZPLAN modelliert. Mit diesem deterministischen Ansatz werden auch Kosten der Phänotypisierung und wirtschaftliche Gewichte im Selektionsindex einbezogen, sodass neben dem genetischen Zuchtfortschritt auch der monetäre Zuchtfortschritt und die diskontierte Rendite ausgewiesen werden. Die Selektionsgruppen Milchleistungsprüfungsziege (MLZ), die Natursprungböcke (NSB), die Testböcke (TB) und die Altböcke (AB) bilden die Zuchtstufe, in welcher Merkmale erhoben werden. Von den Produktionsziegen (PZ) werden keine Merkmale erhoben. Die AB werden aus den besten TB selektiert, wenn Nachkommenleistungen vorliegen. Folgende Merkmale werden in der Modellierung berücksichtigt: Produktion Milch kg, % Fett und % Eiweiss; Punktierung Exterieur Rasse, Format, Fundament, Euter und Zitzen; Lineare Beschreibung Exterieur (LBE) mit einer linearen Skala von 1 bis 9; Gesundheit mit Zellzahl als Lactation Somatic Cell Score und gastro-intestinal Nematoden (GIN) Resistenz. Im Ist-Zustand gibt es nur MLZ, NSB und PZ. Erhoben werden die Produktions- und Punktierungsmerkmale mittels Eigenleistung, resp. beim NSB auch durch Mutterleistung. Zusätzlich können folgende Alternativvarianten modelliert werden:

- zusätzliche Information zur Selektion über Abstammungszuchtwerte
- zusätzliche Zuchtstufen mit Nachzuchtprüfung (TB, AB)
- Einbezug zusätzlicher Merkmale (Zellzahl, GIN-Resistenz)
- alternative Merkmale LBE statt Punktierung.

Durch die Simulation des aktuellen Zuchtprogrammes und möglicher Alternativen soll eine Vergleichsmöglichkeit geschaffen werden. Dies kann als Entscheidungsgrundlage dienen, in welche Richtung sich die Schweizer Ziegenzucht entwickeln soll.

21 Reduced antibiotic use in piglets: implementation of a breeding program for E.Coli F4ab/ac resistant pigs

D. Hu¹, M. Girard², N. Pradervand², A. Gutzwiller², A. Hofer³ S. Neuenschwander¹

¹ Institute of Agricultural Sciences, Animal Genetics Unit, ETHZ; ²Agroscope Posieux, ³Suisag, Sempach.

F4 enterotoxigenic *E. coli* (ETEC) infection is one of the major causes of diarrhea and death among neonatal and young piglets. In pigs, resistant or susceptible phenotypes for ETEC F4ab/F4ac receptor genes (*F4bcR*) are inherited as an autosomal recessive monogenetic trait. *F4bcR* is localized on pig chromosome 13 (SSC13q41-q44) around the *MUC13* gene.

50 Resistant and 35 susceptible piglets were infected orally with an ETEC (F4ac, LT+, STb+) suspension of 10⁸ CFU/ml at 4 days after weaning. A 4-level scale (1 = dry to 4 = watery diarrhea) was used in order to monitor daily fecal score for 7 d. Fecal scores were analyzed from the day before infection to 7th day after infection. Resistant piglets had nearly same fecal score at the day before infection as susceptible ones, and then always lower fecal scores than susceptible piglets during all recorded infected days.

Selection of genetically F4-resistant pigs is a sustainable and suitable alternative to decrease animal loss and antibiotic use due to diarrhea. In order to estimate the effect of the resistant alleles on 17 important production traits we genotyped 530 Swiss Large White pigs with two flanking markers (*CHCF1* and *CHCF2*) with high linkage disequilibrium (LD) to *F4bcR* using Competitive Allele Specific PCR (KASP) assay. In only one sample, we found a recombination between *CHCF1* and *CHCF2* (0.19%) which demonstrated the reliability of the genetic test. The allele frequency of the resistant alleles was 59.5%. Analysis by a mixed model with a fixed genotype effect and a random sire effect showed that there was a significant difference only in intramuscular fat content in the longissimus dorsi muscle (IMF) among *F4bcR* genotypes whereas no other trait was affected. Breeding for *E.coli* F4-resistant pigs can be implemented using *CHCF1* and *CHCF2* as markers without a major impact on production breeding values.

22 Zuchtwertschätzung Fruchtbarkeit beim Engadinerschaf

A. Burren¹, C. Gazzarin², K. Steiner², A. Spengler² und H. Joerg¹

¹Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften HAFL, Länggasse 85, 3052 Zollikofen

²Schweizer Engadinerschaf Zuchtverein SEZ, Rietstrasse 17, 9016 St. Gallen

Analog zu den vier Schweizer Schafrassen Weisses Alpenschaf, Schwarzbraunes Bergschaf, Braunköpfiges Fleischschaf und Walliser Schwarznasenschaf, wurde 2015 die Zuchtwertschätzung Fruchtbarkeit beim Engadinerschaf aufgebaut. Berücksichtigt wurden dabei die Merkmale Erstblammalter (n=5'913) Zwischenlammzeit (n=4'597), Wurfgrösse 1 (n=6'427) und Wurfgrösse 2 (n=4'794). Die Wurfgrössen basieren auf der Anzahl Lämmer beim ersten und zweiten Wurf mit 30- bzw. 40-Tage-Wägung. So konnten auch Abgänge in den ersten Lebenstagen berücksichtigt werden. Es resultierten folgende Heritabilitäten und Korrelationen:

Heritabilitäten, phänotypische und genetische Korrelationen

	Erstblammalter	Zwischenlammzeit	Wurfgrösse 1	Wurfgrösse 2
Erstblammalter	0.32	0.00	0.17	0.08
Zwischenlammzeit	<u>0.20</u>	0.08	0.02	0.07
Wurfgrösse 1	<u>0.18</u>	<u>0.10</u>	0.19	0.17
Wurfgrösse 2	<u>0.29</u>	<u>0.22</u>	<u>0.84</u>	0.15

Die Ergebnisse sind mit jenen der anderen vier Schweizer Schafrassen und Werten aus der Literatur vergleichbar und werden deshalb als plausibel und gutes Werkzeug zur Bearbeitung der Fruchtbarkeit erachtet.

23 Effect of an advisory project in veterinary homeopathy for livestock on health and antibiotic use

Maeschli Ariane, Schmidt Andreas, Ammann Werner, Schurtenberger Priska, Maurer Erika, Walkenhorst Michael

Forschungsinstitut für biologischen Landbau FiBL, 5070 Frick

The overuse of antibiotic remedies in livestock leads to increased of antimicrobial resistances. The use of complementary and alternative veterinary medicine (CAM) may reduce this risk. In Switzerland only few veterinarians and CAM animal health practitioners (CAM-HP) are specialised on CAM for livestock. Several Swiss farmers practise CAM themselves without professional support. To close the gap a group of farmers and veterinarians established the project «Kometian» in 2012, where veterinarians and CAM-HP give advice mainly by telephone. They recommended in more than 90% of the cases homeopathic treatments.

In our study we wanted to evaluate (a) the development of the health of individual animals after farmers getting advice from the Kometian team and (b) if the incidence of antibiotic treatment changed on farms after the first year of Kometian participation.

Until spring 2015, 237 farms joined the project and got advice in 714 cases of individual animal health problems. More than 80 % of the consultations related to cattle. A third of the requests were about mastitis, further main reasons of contacting “Kometian” were gastrointestinal and respiratory disorders and fertility problems. In 661 cases the farmer was contacted again afterwards to gain information about the health development of the animal. In 76% no further conventional treatment was used, three quarter of these cases showed a substantial improvement.

A total of 188 farms, at least involved for one year in the project, were asked to send us their treatment records. We received records from 46 farms. The average incidence rate of antibiotic treatments declined significantly ($p < 0.001$) from 27 treatments per 100 animals per year in the year before "Kometian" to 18 in the first project year. The advisory program seems to support the recovery of individual animals as well as the reduction of antibiotic treatments on farm level.

24 Production de charcuterie traditionnelle de Suisse romande

Samuel Forestier, SAVI, Moudon; Peter Stoll, Agroscope, Posieux; Martina Müller, Suisag, Sempach; Eugenia Harms, Martin Scheeder, HAFL, Zollikofen.

Le boutefas et le jambon de la borne sont des produits traditionnels à base de viande en provenance des cantons de Vaud et de Fribourg. Afin de vérifier si ces spécialités présentent les conditions requises pour l'obtention d'une appellation d'origine protégée (AOP), le Service de l'agriculture et de la viticulture (SAVI) a effectué à Moudon un essai d'alimentation avec 170 porcs d'origine génétique différente et deux variantes d'alimentation dont l'une basée exclusivement sur des composants disponibles au niveau régional (affouragement expérimental). Les porcelets étaient issus de croisements de 48 truies Grand Porc Blanc (GPB) ou Landrace (LS) x GPB avec trois races de verrats : Duroc (D), Piétrain (P), ou verrats de lignée paternelle du Grand Porc Blanc (Premo) présentant des valeurs de reproduction élevées pour la croissance (GPBP-C) ou pour la qualité de la viande (GPBP-Q). Chaque variante génétique a été testée avec du petit lait (20% de l'énergie), et soit un complément d'alimentation classique (contrôle) soit un complément sans tourteau de soja mais avec entre autres du lupin doux, du tourteau de colza, des pois et de la luzerne, présentant ainsi une part de protéine brute et de lysine réduite (couverture de environ 90% du contrôle). Dans le groupe d'affouragement expérimental, les porcs ont montré une croissance globalement plus faible (826 vs. 859 g / porc). Seul le croisement avec du P a montré une perte de croissance très significative. La part de viande maigre était légèrement inférieure dans le groupe expérimental (57,2 vs 57,7% PVM). Le croisement P a montré la plus grande surface de muscle et le GPBP-C la part de tissu gras la plus faible. Avec la plus petite perte d'exsuda, la plus haute teneur en graisse intramusculaire et les plus faibles valeurs de force de cisaillement, les GPBP-Q ont montré la meilleure qualité de viande. Avec l'affouragement régional, une faible proportion d'acides gras polyinsaturés a été trouvée dans le tissu gras et dans un ratio n-6 / n-3 un peu plus favorable. Ces caractéristiques se sont retrouvées significativement dans les produits carnés. L'analyse sensorielle a montré que les boutefas issus de l'alimentation contrôle et expérimentale différait significativement. Les jambons de la borne du P ont présenté une hétérogénéité de couleur. L'alimentation régionale et une génétique d'origine sélectionnée donnent une spécificité à la viande et à la qualité de la graisse, laquelle se retrouve dans les produits charcutiers.

25 Effet de trois niveaux d'intensité d'alimentation sur l'ingestion et les performances de taurillons à l'engrais

Morel Isabelle, Oberson Jean-Luc

Agroscope, Tioleyre 4, CP 64, CH-1725 Posieux

Dans le cadre du projet MINOTOR visant à compléter les recommandations d'alimentation du Livre vert, un essai comportant trois groupes de chacun 29 taurillons à l'engrais appartenant à divers types génétiques a été mis en place. La période expérimentale s'étendait de 153 kg poids vif (PV) à 534 kg PV (moitié des animaux) ou 603 kg PV (autre moitié). En faisant varier la concentration énergétique de la ration, l'effet de trois niveaux d'intensité d'alimentation différents (B, M, H pour bas, moyen et élevé) sur l'ingestion et les performances - mesurées individuellement - a été étudié. Les rations complètes mélangées, distribuées à volonté, étaient composées d'ensilage de maïs plante entière (MPE), d'ensilage d'herbe (EH), de powermaïs (PM, =3 rangs plante entière, 3 rangs épis) ainsi que de concentrés énergétique et protéiques en proportions variables selon les variantes. Les concentrations énergétiques moyennes des rations ingérées se sont élevées à resp. 7.04, 7.36 et 7.52 MJ NEV par kg de matière sèche (MS) pour les variantes B, M et H.

Jusqu'au PV de 300 kg, l'ingestion moyenne de MS était semblable pour les trois variantes avec un niveau sensiblement supérieur à celui escompté pour la variante B. A partir de ce moment, la ration de ce groupe a été diluée avec de la paille pour parvenir à l'intensité souhaitée. Sur l'ensemble de la période expérimentale, l'ingestion journalière moyenne du groupe B a finalement été inférieure à celle des variantes M et H avec resp. 6.70 kg vs. 7.11 et 7.26 kg MS ($P < 0.001$). Les gains moyens quotidiens (GMQ) jusqu'à 535 kg PV en moyenne se sont élevés resp. à 1425, 1484 et 1489 g/j (ns). Avec un indice de consommation énergétique de 32.7 MJ/kg GMQ contre resp. 35.0 et 36.4 pour les variantes M et H, les animaux du groupe B se sont révélés les plus efficaces ($P < 0.001$). Les résultats d'abattage (CH-TAX, rendement) n'étaient pas différents entre les trois variantes. En conclusion, la bonne qualité des fourrages utilisés a permis aux animaux de la variante la moins intensive de compenser la concentration plus faible en énergie de la ration par une plus forte ingestion et de réaliser ainsi des performances comparables.

26 Verbesserung des Nähr- und Genusswertes von Schweinefleisch

Martina Müller Richli¹,² Martin Scheeder^{1,2}

¹Suisag Sempach, Allmend 8, 6204 Sempach; ²HAFL, Länggasse 85, 3052 Zollikofen

In einem Teilprojekt des NFP 69-Projektes „Healthy Pork from Sustainable Production Systems“ wurden auf drei Mastbetrieben Fütterungsversuche zur Verbesserung des Nähr- und Genusswertes von Schweinefleisch durchgeführt. Im Vergleich zu einem üblichen Mastfutter, das im ersten und letzten von fünf Mastdurchgängen eingesetzt wurde, war den Versuchsfuttern Leinsamen sowie Selen und Vitamin E beigemischt worden. Die Fütterungssysteme der drei Betriebe waren: Durchmastfutter mit 13.6 MJ VES/kg und 150g RP/kg (DM), 2-Phasenfütterung mit 13.8 bzw. 13.4 MJ VES/kg und 155 bzw. 145 g RP/kg (ZP) und Multiphasenfütterung mit stufenweiser Absenkung von 155 auf 125g RP/kg (MP). Die Mast- und Schlachtleistung wurde von 523, 344 bzw. 423 Tiere erhoben und an jeweils zehn repräsentativen Tieren pro Betrieb und Mastdurchgang wurden detaillierte Fleisch- und Fettqualitätsanalysen durchgeführt. Beim Magerfleischanteil, Speckauflage und Kotelettdurchmesser waren insgesamt keine systematischen Unterschiede zwischen Kontroll- und Versuchsfütterung ersichtlich. Auffällig war bei MP ein im Vergleich zu Kontrolle und den beiden andern Betrieben höherer intramuskulärer Fettgehalt, was ein Hinweis auf eine moderate Proteinunterversorgung sein könnte. Durch die Versuchsfutter ergab sich im Fettgewebe und in Bratwürsten aus dem Fleisch der Versuchstiere eine Verbesserung des n-6/n-3-Verhältnisses von ca. 10 auf unter 5. Der Vitamin E-Gehalt (α -Tocopherol) war in den Fleischprodukten der Versuchstiere höher. Beim Selen waren die Kontrolltiere bereits ähnlich gut versorgt wie die Versuchstiere. Eine von drei auf neun Tage verlängerte Reifung der Nierstücke ergab eine deutliche Reduktion (- 20%) der Scherkraft bzw. Verbesserung der Zartheit.

Fazit: Das n-6/n-3-Verhältnis und der Vitamin-E-Gehalt von Schweinefleisch kann durch Fütterung deutlich beeinflusst werden. Beim Selen verhindern gesetzliche Beschränkungen eine Erhöhung. Die Zartheit wird durch eine etwas verlängerte Reifezeit des Fleisches deutlich verbessert.

27 Genetic diversity of global horse breeds using a high-density (670K) SNP array

Markus Neuditschko^{1,2}, Thomas Druml², Michaela Horná³ and Gottfried Brem²

¹Agroscope, Swiss National Stud Farm, Avenches, Switzerland

²Institute of Animal Breeding and Genetics, University of Veterinary Sciences, Vienna, Austria

³Departement of Animal Husbandry, Slovak University of Agriculture, Nitra, Slovakia

Domestication and selective horse breeding have led to the formation of numerous different horse breeds displaying a broad phenotypic and genetic variation. We performed high-resolution population structure analyses including horses representing the three major equine horse types, coldbloods, hotbloods and warmbloods. In total we have collected the high-density SNP genotype information (670K HD Affymetrix® SNP data) of 1,005 horses originating from seven different breeds including 230 Lippizzan horses (LIP), 32 Shagya Arabian horses (SHA), 15 Akal Tekkiner horses (AKT), 351 Warmblood horses (WB), 110 Franches-Montagnes horses (FM), 89 Haflinger horses (HAF) and 178 Noriker horses (NOR). We applied a recently described three-step approach, which integrates the results of model-based clustering (Admixture) and Principal Component Analysis (PCA) into a high-resolution network visualization (NetView), to define fine-scale population structures within and between the horse breeds. The high-resolution network visualization of the entire dataset shows, that with the only exception of AKT, all horses were assigned into the respective breed groups and highlights that further substructures are apparent within SHA, NOR and LIP breed. Our results demonstrate that high density SNP data can be effectively utilized to ascertain high-resolution population structures within and between breeds. Therefore, our results suggest that the implementation of SNP data into the management decision of horse breeding is a valuable complement to common applied pedigree-based analyses to maintain genetic diversity.

28 Vitesse de passage ruminal d'ensilages d'herbe en fonction de leurs teneurs en fibres

Jean-Luc Oberson^{1,2}, Stefan Probst², Patrick Schlegel¹

¹Agroscope, Tioleyre 4, 1725 Posieux; ²Haute Ecole des Sciences Alimentaires, Forestières et Agronomiques (HAFL), Länggasse 85, 3052 Zollikofen

La teneur en fibre, tel qu'en NDF, est un paramètre connu comme influent sur la vitesse du transit gastro-intestinal et donc potentiellement sur celle du passage ruminal. Deux méthodes d'estimation de la vitesse de passage ruminal ont été évaluées dans le but d'étudier leur influence sur l'absorption du magnésium chez la vache laitière; élément essentiellement absorbé dans la panse. Pour cela, deux ensilages d'herbe, récoltés à un stade précoce (montaison, 341 g NDF/kg MS) ou tardif (fin épiaison, 571 g NDF/kg MS), ont été comparés. Les vitesses de passage ruminal de la fraction liquide et solide ont été déterminées respectivement à l'aide de Cobalt-EDTA et de fibres marquées à l'Ytterbium. Les rations étaient composées, sur base MS, à 80% d'ensilages d'herbe (précoce pour « P » et tardif pour « T-iso » et « T ») et 20% d'aliments minéralisés pour équilibrer l'apport énergétique et minéral des rations. La ration « T-iso » était enrichie en PAIN afin d'être équilibrée avec « P ».

La vitesse de passage ruminal de la fraction liquide de la ration « P » (14.6%/h) était plus élevée ($P < 0.05$) que celles des rations « T-iso » (12.5%/h) et « T » (12.3%/h). L'excédent en MA entre « T-iso » et « T » n'a en revanche pas eu d'effet ($P > 0.10$). Le volume de liquide ruminal (152 l), était similaire ($P > 0.10$) entre les trois rations, impliquant une vitesse de passage absolue de 22.2 l/h pour « P » et 18.8 l/h pour « T-iso » et « T ». La vitesse de passage ruminal de la fraction solide ne s'est pas clairement distinguée entre les rations ($p > 0.10$) en raison d'une interaction vaches*rations ($P < 0.001$). Par contre, le volume ruminal de la fraction solide était réduit ($p < 0.001$) avec la ration « P » bien que les quantités ingérées quotidiennement étaient similaires avec « T-iso » et « T ». Etant donné que les nutriments sont absorbés sous forme soluble au niveau de la panse, se référer à la vitesse de passage liquide semble plus à propos. La structure des ensilages a eu des effets concrets sur la cinétique du passage ruminal, en particulier pour la fraction liquide. Cette dernière pourrait ainsi représenter un facteur influent sur l'absorbabilité du magnésium.

29 Genome-wide scans between two geographically isolated honeybee subpopulations reveal putative signatures of human-mediated selection

Melanie Parejo^{1,2}, David Wragg^{3,4}, Alain Vignal³, Peter Neumann^{1,2}, Markus Neudtischko¹

¹Agroscope, Swiss Bee Research Centre, 3003 Bern, Switzerland

²Institute of Bee Health, Vetsuisse Faculty, University of Bern, 3003 Bern, Switzerland

³Institut National de la Recherche Agronomique, 31326 Castanet-Tolosan, France

⁴The Roslin Institute, University of Edinburgh, Edinburgh, UK

Human-mediated selection has left signatures in the genomes of many domesticated animals. The European Dark Honey Bee, *Apis mellifera mellifera*, has been selected by apiculturists for centuries. Using whole-genome sequence information, we investigated selection signatures in two geographically isolated *A. m. mellifera* subpopulations with different breeding regimes (Switzerland: N=39 and Savoy, France: N=17), which have been found to be genetically differentiated in a previous study. To confidently identify signatures of selection between the two subpopulations, we combined three different test statistics calculated in windows of 2kb (Fixation index F_{ST} , Cross-population extended haplotype homozygosity XP-EHH and Cross-population composite likelihood ratio XP-CLR) into a composite selection score (CSS). Applying a stringent false discovery rate (FDR=0.01), we identified 14 significant selection signatures distributed across 5 chromosomes. 13 genes are found in these regions, which are associated to multiple molecular and biological functions amongst other regulation of transcription, mushroom body development, transmembrane transport and peptide hormone processing. Of particular interest is a selection signature on chromosome 1, which corresponds to the *wnt4* gene. The family of Wnt genes is conserved across the animal kingdom with a variety of functions, whereas in *Drosophila melanogaster* Wnt4-alleles have been associated to differential wing, cross vein and abdominal phenotypes. *A. m. mellifera* is selected for various different traits including wing morphological characters, therefore the identified selection signature could be a result of different applied breeding practices within the two regions.

30 Unterschiedliche Schädelformen bei behornten und unbehornten Kühen

Probst JK¹, Kauf P^{2,3}, Ackermann A², Hutter M² & Spengler Neff A¹

¹FiBL, Forschungsinstitut für biologischen Landbau, Ackerstrasse 113, 5070, Frick, Schweiz, www.fibl.org, johanna.probst@fibl.org

²ZHAW Zürich, University of Applied Sciences, Life Sciences und Facility Management, Ein-siedlerstrasse 31, 8820 Wädenswil, Schweiz

³PrognosiX AG, Wohllebgasse 8, 8001 Zürich, Schweiz

173 Schädel von geschlachteten Kühen der Rasse Braunvieh wurden für die Untersuchung vermessen. Davon waren 56 Tiere behornt und 117 Tiere enthornt. In der CH dürfen Kälber nur innerhalb der ersten drei Lebenswochen enthornt werden (Art. 32 TSchV). Genetisch hornlose Tiere sind nicht in die Untersuchung eingeflossen. Die tierindividuelle TVD-Ohrmarkennummer lieferte Informationen zum genauen Alter und der Rasse der untersuchten Schädel.

Bei jedem Schädel wurden die post-orbitale Breite am höchsten Punkt der Orbitae und die longitudinal verlaufende Senkrechte zwischen a und dem zentralen Punkt des Stirnbeines (*Os frontale*) in cm erfasst und beide Linien zueinander ins Verhältnis gesetzt. Zusätzlich wurde jeder Schädel nach Begutachtung des distalen Stirnbeines einer dieser drei Kategorien zugeteilt: wellenförmig, gerade und zugespitzt. Die post-orbitale Breite war bei horntragenden Kühen grösser als bei enthornten Tieren ($P < 0.001$, Mann Whitney-U-Test). Die longitudinale Senkrechte war nicht unterschiedlich und das Verhältnis der beiden Messungen ergab, dass die Schädel von enthornten Kühen signifikant schmaler waren als jene von behornten ($P = 0.005$, Wilcoxon-Test).

Die Stirnbeinformen unterschieden sich signifikant: Kühe mit Hörnern wiesen häufiger eine wellenförmige oder eine gerade Stirnbeinform auf, im Gegensatz zu enthornten Schädeln. Enthornte Tiere wiesen häufiger zugespitzt geformte Stirnbeine auf als behornte ($P < 0.001$, Binomialtest). Das Alter der Tiere beeinflusste weder die Schädelbreite noch die Stirnbeinform. Welche physiologischen Zusammenhänge für diese Veränderungen verantwortlich sind, muss in zukünftigen Untersuchungen geklärt werden.

31 Estimating individual herbage intake of grazing dairy cows by two alternative approaches

Markus Rombach^{1,2}, Andreas Munger¹, Karl-Heinz Sudekum², Fredy Schori¹

¹Agroscope, Institute for Livestock Sciences ILS, Toleyre 4, 1725 Posieux, Switzerland,

²University of Bonn, Institute of Animal Science, Endenicher Allee 15, 53113 Bonn, Germany

The estimation of individual herbage intake (IHI) of grazing dairy cows using marker methods is time consuming, expensive and not applicable on commercial farms. Therefore, the aim of this investigation was to develop models for the estimation of IHI based on behavioural characteristics, recorded with the RumiWatch (RW) system. Two approaches were used: (1) multiplying eating bites performed on pasture (EBPOP) with an average bite mass and (2) the models $IHI = \text{daily eating bites} \times ((0.0137 \times ECM) - 0.0075)$ when cows were not supplemented and $IHI = EBPOP \times (0.0074 \times \text{metabolic body size} - 0.5725)$ when cows were supplemented indoors. For the determination of the average bite mass, the development of the models and the subsequent validation, two experiments were conducted on two farms. The IHI was estimated with the n-alkane double marker method on 45 Holstein cows of Swiss or New Zealand origin. Simultaneously, the cows were equipped with the RW halter to record behavioural characteristics. Cows were kept for approximately 19 hours per day on pasture and were supplemented with either maize silage, concentrate or not supplemented at all. The modelling and validation datasets consisted of 7-d records from 45 cows. The mean absolute percentage error varied between 14 and 18% depending on genetic strains, supplementation and the approach used. The mean percentage errors were between -14 and -5 % for approach (1); and between -4 and 3% when using approach (2), depending on the same parameters mentioned before. Thereby, the NZ Holstein and the supplemented cows showed a larger estimation error, indicating potential for improvement of IHI estimation for different cow types. Prospectively a substantial improvement for IHI estimation may be achieved by the accurate differentiation of prehension bites and mastication chews while cows are grazing, which is currently not possible. Finally, larger database for modelling and validation of IHI based on behavioural characteristics is needed, including different cow strains, supplement-feeding patterns and sward conditions.

32 Dynamics of fat and protein deposition in modern pigs fed two protein levels

I. Ruiz-Ascacibar^{1,2}, P. Stoll¹, M. Kreuzer², G. Bee¹

¹Agroscope, 1725 Posieux, Switzerland

²ETH Zurich, Institute of Agricultural Sciences, 8092 Zurich, Switzerland

Growth models are largely based on empty body (EB) fat and protein (P) deposition rate. The current results are part of a large study aiming at revising the nutrient composition of the EB in order to update the Swiss feeding guidelines for modern pigs. Sixty-six entire male (EM), 58 castrated (CA) and 66 female (FE) pigs were used for the study. From 20 kg BW, they had either ad libitum access to a control (C) grower-finisher diet or a low P grower-finisher diet (LP; 80% of C). The EB composition was determined at birth on 8 EM and 8 FE, at 10 kg BW on 2 pigs per sex, at 20 kg BW on 8 pigs per sex and at 20 kg intervals from 40 to 140 kg BW on 4 pigs per sex and dietary treatment. At slaughter, organs and empty intestinal tract from each animal were homogenized together. Left carcasses were frozen until grinding. To determine the EB composition, P and fat mass were analyzed in the blood, hair, offal and carcass. Orthogonal contrasts revealed that P mass (g) from birth to 140 kg BW decreased in the following order: C-EM > C-CA; C-FE > LP-EM; LP-CA; LP-FE at each EB weight. Fat mass differed among dietary treatments and sex and decreased as follows: LP-CA > LP-FE > C-CA > LP-EM > C-FE > C-EM. Fat and P mass were fitted to an allometric function ($Y = a \times EB^b + c$), where Y is either fat, or P mass in the EB and "a" and "c" are constants and "b", the scaling exponent. The R² of the function ranged from 0.97 (fat, C-EM) to 0.99 (P, C-EM). The "b" exponent for fat was over 1.4 in all treatments, implying a marked curvilinear shape of the deposition rate curve. This is especially evident for C-CA and C-FE, which reached, at 140 kg BW, a similar fat content as LP-CA and LP-FE. Control-EM had the lowest values for fat and the greatest for P deposition rates ($g/kg EB, Y' = a \times b \times EB^{(b-1)}$). Protein deposition was slower in C-CA and C-FE than LP-pigs in the finisher period. These results suggest that EM could not overcome this degree of P restriction whereas the same dietary P reduction might improve the P and decrease the fat deposition rates of CA and FE pigs. These novel data obtained from a modern genotype allow improving predictions of the chemical composition of the EB.

33 Fertility in Haflinger horses with X0 chromosomal mosaicism

C Schelling¹, S Neuhauser², A Pieńkowska-Schelling³, J Handler²

¹Clinic of Reproductive Medicine, University of Zurich, Switzerland ²Clinic for Horses Bad Saarow, Free University of Berlin, Berlin, Germany, ³Institute of Genetics, University of Berne, Switzerland

A good reproductive performance is an important requirement to genetically improve animal populations. Fertility is an extremely complex trait and numerous factors are known to have an influence. Amongst them, chromosomal abnormalities are notable causes of subfertility or infertility in horses and other domesticated species. Mares which show abnormal estrus behavior and/or an underdeveloped genital tract are often diagnosed to be 64,XX/63,X0 mosaics. Such horses were usually considered to be subfertile at the most and it was recommended not to breed such mares. However, we have identified mares of the Haflinger breed with this condition which seem to be fully fertile. This poses a problem for a reliable prognosis on the fertility of such mosaic mares. We suspect that the amount of 63,X0 cells might be an predictor for the fertility of a mare.

Here we present the case of a healthy, normally developed, fertile mare of the Haflinger breed with at least three healthy offspring. Chromosomal analysis was performed and revealed the presence of 64,XX/63,X0/65,XXX mosaicism in the lymphocytes analyzed. Two closely related mares were mosaics (64,XX/63,X0), too. Repeated examinations of the mare and seven relatives (four mares and three stallions) did not provide evidence for sub- or infertility. They had no developmental abnormalities or conspicuous body condition. The present case demonstrates the necessity for further studies analyzing chromosomes in different tissues at various ages of probands to improve the predictive value of X0 chromosome mosaicism in horses on fertility.

34 Wirkung von Kalzium und Phosphor auf Wachstumsleistung und Mineralstoffstatus des Mastschweins.

Patrick Schlegel und Andreas Gutzwiller, Agroscope, 1725 Posieux

Die Nutzungseffizienz von Phosphor (P) durch das Schwein hängt unter anderem von der Menge an verdaulichem P (VDP) und Kalzium (Ca) im Futter ab. Das zugefütterte mineralische Phosphat ist eine nicht erneuerbare Quelle und seine Verfügbarkeit auf dem Markt wird auf längere Frist unsicher. In einem Mastversuch wurde die Zufuhr von Ca (2.2, 2.5 und 2.8 g Ca / g VDP) in einem Futter mit dem empfohlenen VDP (VDP+) und einem um 25% reduzierten VDP (VDP-) Gehalt geprüft. Die Vormast- (optimiert auf 40 kg) und Endmastfutter (optimiert auf 80 kg) enthielten 14.0 und 13.5 MJ/kg verdauliche Energie. Die Vor- und Endmastfutter VDP+ bzw. VDP- enthielten 3.0 und 2.4 g VDP / kg bzw. 2.5 und 1.7 g VDP / kg. Mit 84 Schweinen (23.3 ± 2.2 kg) wurden 24 Blöcke (12 Blöcke mit 3 Tieren und 12 Blöcke mit 4 Tieren) nach Wurf, Geschlecht und Gewicht gebildet. Sie wurden bis zur Schlachtung in zwei Buchten mit je 4 Futterstationen auf Tiefstreu gehalten, so dass eine individuelle Futterzuteilung möglich war. Der Tageszuwachs war in der Vor- und der Endmast 846 und 951 g und das mittlere Endgewicht war 103.1 kg. Die Futterbehandlungen hatten keinen Einfluss auf die Leistungs- und Blutparameter, ausser dass sich die Futtereffizienz während der Endmast bei 2.2 g Ca / g VDP um 4% verschlechterte (P < 0.01). Mit 2.2 g Ca / g VDP stieg (P < 0.01) der Harn- P um 36% und mit 2.2 und 2.5 g Ca / g VDP reduzierte (P < 0.05) sich der Knochenaschegehalt und die Knochendichte zwischen 2 und 5% gegenüber 2.8 g Ca / g VDP. Das Futter VDP- reduzierte (P < 0.001) den Knochenaschegehalt und verschlechterte (P < 0.05) die Knochendichte um 3 bis 4%. Zwischen dem VDP Gehalt und dem Ca / VDP Verhältnis bestand keine Interaktion. Schlussfolgerung: Mit rund 25% weniger VDP konnte ohne Leistungseinbussen während der Endmast auf mineralisches Phosphat verzichtet werden und der Phosphatkonsum pro gemästetes Schwein um 65% reduziert werden. Ungenügend war 2.2 g Ca / g VDP, da die Mineralisierung der Knochen verschlechtert wurde und da der Phosphor mangels Ca nicht eingelagert werden konnte und über den Harn ausgeschieden wurde.

35a Diet selection of Holstein cow strains with and without concentrate supplementation

F. Schori¹, C. Heublein^{1,2}, K.-H. Südekum², F.L. Gill³, F. Dohme-Meier¹

¹*Agroscope, Tioleyre 4, 1725 Posieux, Switzerland*

²*University of Bonn, Institute of Animal Science, Endenicher Allee 15, 53115 Bonn, Germany*

³*University of Leeds, School of Earth and Environment, LS2 9JT, Leeds, United Kingdom*

The diet selection of dairy cows on multi-species, organic pastures was investigated in a crossover study with 12 Swiss Holstein cows and 12 cows of New Zealand origin. All cows grazed full time and were supplemented with either 0 or 6 kg concentrate per day. Both experimental periods consisted of a 21-day adaptation and a 7-day measurement period. Three marker groups, alkanes, long-chain fatty acids, and long-chain alcohols (LCOH), were analysed in feed and faeces samples to estimate diet composition based on non-negative least squares. In total seven feed groups were formed consisting of *Lolium perenne*, *Dactylis glomerata*, *Trifolium repens*, *Taraxacum officinale*, other grass species, other forbs and concentrate. The best discrimination of the feed was achieved with LCOH, where 91% were correctly allocated, and the worst with all three marker groups together (12%). The best marker combination to estimate diet composition was achieved with alkanes and LCOH including a correction for faecal marker recovery. Furthermore, results using the best combination indicated no differences between cow strains but an effect of concentrate supplementation on herbage selection. If these results are confirmed by other studies, then sward composition can be better adapted to the needs of ruminants.

35b Relation between reticular pH and readily identifiable traits of grazing dairy cows

F. Schori¹, M. Rombach^{1,2}, A. Münger¹

¹*Agroscope, Tioleyre 4, 1725 Posieux, Switzerland*

²*University of Bonn, Institute of Animal Science, Endenicher Allee 15, 53113 Bonn, Germany.*

A suboptimal, acidic rumen environment may develop not exclusively in high-yielding dairy cows fed with a TMR, but also in grazing situations. Low ruminal pH affects animal health and welfare as well as efficiency. By now, various indwelling, wireless sensors for reticular pH measurements are available. Unfortunately, the current recording time, 150 d, is too short to cover the productive life span of a cow and the devices are actually too expensive for widespread routine use. Therefore, the relations between readily identifiable traits of grazing dairy cows and their ruminal pH may be of interest. Twenty-eight Holstein cows of Swiss or New Zealand origin, were equipped with the RumiWatch® System to record eating behaviour during 7 days. Simultaneously dry matter (DM) intake was estimated using n-alkanes. Twenty cows had a Smaxtec® pH sensors inserted in the reticulum. During 18 h per day cows grazed (herbage quality 6.1 MJ NEL, 158 g CP/kg DM), and were supplemented on average with 3 kg DM of a cereal mix (7.9 MJ NEL, 130 g CP/kg DM) or not supplemented at all. The cows produced 21.3 kg energy corrected milk (SD 3.7) per day with an average fat content of 3.75 (SD 0.50) and a fat-protein ratio of 1.17 (SD 0.15). An average daily reticular pH of 6.3 (SD 0.2) was measured. The duration of pH values below 6.0 tended to be longer for supplemented cows compared to non-supplemented (median 151 vs. 14 min/d, $P = 0.08$). Supplemented cows tended to ruminate less (436 vs 457 min/d, $P = 0.09$) and to perform less chews per rumination bolus (59 vs. 63, $P = 0.09$). Traits like DM intake, daily eating and rumination time, bite size, bite frequency, rumination chews, boli and chews per bolus, milk fat content and fat-protein ratio could only explain 2 to 13% of the average pH variability. Apparently, milk composition and ingestive and rumination behaviour were not suitable to detect moderate reticular pH decline in dairy cows.

36 Impact of condensed tannins from *Birdsfoot trefoil* on growth performance and fatty acid composition of the intramuscular fat of lamb loins

E. Seoni, M. Rothacher, G. Battacone, F. Dohme-Meier, G. Bee, Agroscope, 1725 Posieux

The fatty acid composition of ruminant products is often criticised due to the high content of saturated fatty acids (SFA) as it is related to elevated risks of cardiovascular diseases. Bioactive compounds like condensed tannins (CT) have been reported to protect dietary polyunsaturated fatty acid (PUFA) from ruminal biohydrogenation, enhancing their availability for absorption in the small intestine resulting in greater incorporation into the adipose tissue. The objective of the present study was to determine the impact of Birdsfoot trefoil (BT), a CT-containing legume on the growth performance and fatty acid composition of the intra-muscular fat of lamb loins. For the study 24 White Alpine ram lambs (BW 21.7 ± 2.7 kg) were fed a basal diet consisting of 56% Birdsfoot trefoil silage (19.9 g/kg DM of CT) and 44% hay. Additionally, the lambs were offered either a barley concentrate to reach the predicted protein requirements (BP) or a concentrate with a crude protein level 20% above the requirements (HP). Polyethylene glycol (PEG) was used in order to neutralize the effect of CT in 2 of the 4 diets: BP+PEG (BP+) and HP+PEG (HP+). Feed intake and body weight were measured daily and weekly, respectively. Lambs were slaughtered when they reached approximately 40 kg of body weight. Lambs fed the HP and HP+ diet ingested more feed (28.6%; P<0.001) and grew faster (26.7%; P< 0.001) than lambs fed diets BP and BP+. The CT supplementation reduced (P< 0.01) feed intake by 8.4% and tended to decrease (P=0.06) average daily weight gain by 10.7%. Oleic acid levels in the intramuscular fat of loins from the HP and HP+ group were greater (20.7%; P<0.05) and ultimately resulted in a greater (19.3%; P<0.05) proportion of total monounsaturated fatty acids (MUFA) compared with the BP and BP+ group. Docosapentaenoic and arachidonic acid as well as eicosapentaenoic and α -linolenic acid levels were up to 16.7% lower (P< 0.05) in the intramuscular fat of loins from lambs fed the HP and HP+ than the BP and BP+ diet. Condensed tannin supplementation reduced (P<0.001) the levels of α -linolenic acid and increased (P<0.001) the levels of arachidonic acid by 22.3% and 7.2%, respectively. The results of this study demonstrated that except for a slight but significant increase of arachidonic levels in the CT-groups, supplementation of CT in the diet of lambs was not sufficient to increase the PUFA concentrations in lamb meat.

37 Optimum Genetic Contribution bei Original Braunvieh

Heidi Signer-Hasler¹, Franz Seefried², Birgit Gredler², Beat Bapst², Mirjam Frischknecht^{1,2}, Dorian Garrick³, Christian Stricker⁴, Fritz Schmitz-Hsu⁵, Christine Flury¹

¹Berner Fachhochschule, HAFL, Zollikofen, Schweiz; ²Qualitas AG, Zug, Schweiz; ³Iowa State University, Ames, IA, United States of America; ⁴agn Genetics, Davos, Schweiz, ⁵Swissgenetics, Zollikofen, Schweiz

Unter Inzucht versteht man die Verpaarung von Tieren, in deren Abstammung gemeinsame Vorfahren auftreten. In einer geschlossenen Population führt Selektion zu einer Zunahme der Inzucht. Das ist einerseits erwünscht, da so gewünschte Allelvarianten in der Population angereichert werden. Andererseits hat der Inzuchtanstieg auch negative Folgen, wie Inzuchtdepression, Erbfehler und Verlust der genetischen Vielfalt. Die Methode der „Optimum Genetic Contribution“ (OGC) wird vorgeschlagen, um bei gleichem Zuchtfortschritt mehr genetische Diversität in einer Zuchtpopulation zu erhalten. Eine retrospektive Fallstudie unter Verwendung der Software EVA bei Original Braunvieh hat gezeigt, dass OGC auch für Milchrinderpopulation der Schweiz Potenzial hat. Denn mittels OGC kann a) mehr Zuchtfortschritt unter Beibehaltung des aktuellen Inzuchtanstiegs, oder b) eine stärkere Beschränkung des Inzuchtzuwachs unter Beibehaltung des aktuellen Zuchtfortschritts oder c) sowohl mehr Zuchtfortschritt als auch eine stärkere Beschränkung des Inzuchtzuwachs erreicht werden. Aufgrund der langen Rechenzeiten und praktischen Limitierungen sind Optimierungen für die ganze Population (d.h. Auswahl Kuhväter) nicht umsetzbar. Die Umsetzung für die Auswahl von Stierenmüttern und Stierenvätern wird jedoch empfohlen. Die Optimierungsberechnungen werden im laufenden Jahr implementiert, so dass Swissgenetics ab Herbst 2017 Vertragsanpaarungen vorerst für die Rasse Original Braunvieh unter Berücksichtigung des neuen Tools vorschlagen kann.

38 Wachstumsverlauf von Mastschweinen bei N-Überschuss

Stoll Peter¹, Ruiz Isabel^{1,2}

¹Agroscope, 1725 Posieux, ²ETH Zürich, Institut für Agrarwissenschaften, 8092 Zürich

Die Frage nach der Nachhaltigkeit der Schweinefleischproduktion gewinnt immer mehr an Bedeutung. Die Proteinversorgung, die entsprechenden Importe, hauptsächlich von Soja, und die N-Effizienz geben vermehrt zu Diskussionen Anlass. Aus wirtschaftlichen Gründen wird in der Praxis immer noch häufig auf eine Phasenfütterung verzichtet. Die Auswirkungen auf die N-Bilanzen auf Betriebsebene sind erheblich. In zwei Versuchen wurden insgesamt 208 Mastschweine (Kastraten und weibliche Tiere) eingesetzt. Die Mastphase wurde in 3 Phasen aufgeteilt, in die Gewichtsabschnitte 20 – 60 kg LG, 60 – 100 kg LG bzw. 100 bis 140 kg LG. Vier Fütterungsvarianten wurden getestet. Variiert wurden das Rohprotein- bzw. das Aminosäureangebot. Die Kontrolltiere erhielten ein Futter das den Schweizerischen Fütterungsempfehlungen entsprach (K-100). Die anderen Gruppen erhielten 105 %, 80 % bzw. 84 % der empfohlenen Menge an Rohprotein- bzw. präzäkal verdaulichen Aminosäuren (K-105, R-80, R-84). Die Tiere erhielten das Futter ad libitum. Die Auswertung der Wachstumsdaten zeigte grosse Unterschiede, was ja auch zu erwarten war. Erstaunlicherweise waren in den Gruppen R-80 und R-84 rund 31 % Tiere, die bei der vorhandenen Unterversorgung an Aminosäuren ein im Vergleich zu den K-100 Tieren überdurchschnittliches Wachstum aufwiesen (> 905 g MTZ). Diese Tiere haben identische Wachstumskurven wie die überdurchschnittlichen Tiere der K-100. Überschüssiger N wird via Nieren als Harnstoff ausgeschieden. Dieser Prozess benötigt Energie, belastet das Tier und die N-Bilanz unnötig. Ab 90 kg LG sinkt die Wachstumskurve K-100 stetig, was bei R-80 und R-84 nicht beobachtet werden kann. Bei der Gruppe K-105 setzt dieses Absinken schon bei 80 kg LG ein. Die aktuellen Fütterungsempfehlungen für Rohprotein und präzäkal verdaulichen Aminosäuren sind ab 60 kg zu hoch und müssen nach unten korrigiert werden. Da bei der praktischen Umsetzung dieser Empfehlungen, bei der Futteroptimierung, immer auch wirtschaftliche Aspekte einfließen, Futter mit höherem Rohproteingehalt werden in der Regel billiger, sollten allenfalls auch Obergrenzen für Rohprotein in die Fütterungsempfehlung integriert werden.

39 Neue Softwaretools zur Zuchtplanung

Christian Stricker⁺, Hao Cheng⁺⁺ und Rohan L. Fernando⁺⁺

⁺ agn Genetics GmbH, Davos, Switzerland

⁺⁺ Department of Animal Science, Iowa State University, Ames, USA

Basierend auf der freien Software JWAS, XSim, PedModule und SSBR (<http://qtl.rocks>) wurden Funktionen zur stochastischen Simulation von Populationen geschrieben. JWAS implementiert genomweite Assoziationsstudien, XSim erlaubt die Simulation SNP- und QTL Geno- und Phänotypen in Pedigrees, PedModule modelliert sowohl fixe als auch korrelierte zufällige Effekte und SSBR steht für single-step Bayesian Regression. Die neuen Funktionen – alle implementiert in Julia (<http://www.julialang.org>) - nutzen die Funktionalität der erwähnten Tools zur Simulation pedigree-basierter Zuchtprogramme. Als Beispiel wird eine klassische Rinderzuchtpopulationsstruktur mit dem klassischen 4-Pfadmodell simuliert. Zur Illustration werden, ausgehend von realen SNP Daten, 6000 Marker auf 2 Chromosomen mit je 15 QTL simuliert und über 15 Generationen anhand von BLUP-Zuchtwerten selektiert. Zuchtfortschritt und Inzuchtzunahme werden dann mit der Selektion nach genomischen Zuchtwerten verglichen. Das Beispiel soll das Potential des Tools zur Beurteilung züchterischer Massnahmen oder zur Abbildung von Zuchtprogrammen illustrieren.

40 A herbal feed additive improves udder health of dairy cows in early lactation

Michael Walkenhorst¹, Florian Leiber¹, Philipp Mayer, Ariane Maeschli

¹Forschungsinstitut für biologischen Landbau FiBL, 5070 Frick

Herbal feed additives are frequently used in dairy farms but only little information about their effects is available. The aim of this study was to determine the influence of a commercial herbal feed additive (HFA) containing mainly *Urtica dioica* L. (herba), *Silybum marianum* (L.) Gaert. (fructus), *Artemisia absinthium* L. (herba) and *Achillea millefolium* L. (herba) on health and performance of dairy cows.

A stratified (farm, age, calving date) randomized placebo (PL) controlled field study was conducted including 280 cows (6-14 per farm) from 30 German and Swiss farms. From 14 days before calculated calving date until the 300th day of lactation 100g HFA or 100g green meal as control (PL) were fed daily to each cow. The amount of concentrate fed (CA) and the milk recording data (milk quantity; content of fat, protein and urea; somatic cell score (SCS)) were monitored for the first four monthly lactation controls of each individual cow. A mixed model was applied whereby study group (HFA and PL) was defined as fixed factor, farm as random effect, and CA as covariate.

In the mixed model, cows receiving HFA showed significantly ($p < 0.05$) lower SCS than placebo while all other parameters were not influenced by the study group.

Increased somatic cell scores ($SCS > 3$), as main sign of udder inflammation and generally linked to bacterial infection, is one of the most important recent health problems and cause for the most antibiotic treatments in dairy cows. Direct anti-inflammatory and immunostimulative effects of *Urtica dioica* L. and *Achillea millefolium* L. might be a reason for the reduced SCS in the HFA group. Also indirect effects of *Silybum marianum* (L.) Gaert. and *Artemisia absinthium* L. could play a role: Both plants are well known to protect liver cells in vitro and in vivo, which is the main producer of proteins for the innate immunity, but highly stressed in early lactation. Further research is needed to clarify the concrete mode of action.

41 Laufhofnutzung von Milchziegen in Abhängigkeit von der Gestaltung des Laufhofs

¹Beat Wechsler, Joanna Stachowicz, Lorenz Gygay, Edna Hillmann, Nina Keil

¹BLV, Zentrum für Tiergerechte Haltung: Wiederkäuer und Schweine, Tänikon, 8356 Ettenhausen

Ziel der Untersuchung war es zu klären, wie Milchziegen einen Laufhof nutzen und welche Faktoren die Laufhofnutzung beeinflussen.

Auf 13 Betrieben wurden die Laufhofnutzung und das Aktivitätsverhalten von Milchziegen in Abhängigkeit von der Gestaltung des Laufhofs und des Stalls untersucht. Die Betriebe hielten verschiedene Rassen in Gruppen von 20 bis 160 Tieren, darunter behornete sowie nicht behornete Tiere. Für den Laufhof sowie den Laufstall eines jeden Betriebes wurde anhand eines Punktesystems je ein Qualitäts-Index definiert. Dadurch konnten betriebliche Unterschiede in der Gestaltung in Bezug zur Nutzung des Laufhofes und zur Aktivität der Ziegen gesetzt werden. Der Qualitäts-Index nahm zu, je vielseitiger der Laufhof (z.B. Bedachung, Windschutz, Platzangebot, Zugang zum Laufhof, Angebot an Bürsten, Raufen oder Klettermöglichkeiten) bzw. der Stall (z.B. Platzangebot, Angebot an Strukturierungselementen und Bürsten) ausgestattet waren. Der durchschnittliche Anteil der Herde, der sich täglich im Laufhof aufhielt, wurde anhand von Videoaufnahmen bestimmt. Das Liegeverhalten sowie die Aktivität der Ziegen wurden an 15 zufällig ausgewählten Fokustieren pro Betrieb mittels 3D-Beschleunigungs-Loggern über einen Zeitraum von 10 Tagen gemessen. Statistisch ausgewertet wurden die Laufhofnutzung und die Aktivität der Ziegen an 3-7 Tagen pro Betrieb mit zwischen den Betrieben vergleichbaren Wetterbedingungen.

Insgesamt nutzen 93 % aller Fokustiere den Laufhof. Die Laufhofnutzung nahm mit zunehmendem Qualitäts-Index des Laufhofs zu ($p = 0.026$). Mit zunehmendem Qualitäts-Index des Stalls nahm die Anzahl der Liegeperioden ab ($p < 0.01$). Die Liegedauer pro Tag hingegen wurde durch den Qualitäts-Index des Stalls nicht signifikant beeinflusst.

Die Ergebnisse der Untersuchung führen zum Schluss, dass die Attraktivität des Laufhofs durch eine geeignete Gestaltung gesteigert werden kann.

42 A survey on parasite control strategies on organic sheep and goat farms in Switzerland

Susanne B. Bollinger¹, Simon Moakes², Matthias Stolze² & Steffen Werne²

¹Universität für Bodenkultur Wien, Institut für Nutztierwissenschaften, Gregor-Mendel-Straße 33, 1180 Wien, Österreich

²Forschungsinstitut für biologischen Landbau, Ackerstrasse 113, 5070, Frick, Schweiz

To determine the current control measures for gastrointestinal nematodes (GIN) on Swiss organic small ruminant farms, a phone questionnaire was developed and conducted. The survey also aimed to assess the understanding and implementation of possible alternative GIN control options. In total, 52 meat sheep and 58 dairy goat farm questionnaires were completed, and it was found that in general, farmers were aware of the potential benefit of an adequate grazing management to reduce GIN infection. However, practical realisation was often limiting. On average it was stated that adult meat sheep and dairy goats were drenched 1.5 and 1.3 times per animal and year, respectively, whilst lambs and kids were treated 1.6 and 1.3 times per animal and year, respectively. Sixteen percent of the interviewed organic goat farmers and 10% of the organic meat sheep farmers stated that they have confirmed anthelmintic resistance on their properties.

43 An attempt for a preventive use of Sainfoin pellets in dairy goats to control gastrointestinal nematodes

Steffen Werne, Amelie Lèbre^{1,2}, Nadine Arnold³, Moritz Schwery⁴, Herbert Volken⁴ & Felix Heckendorn¹

¹ Forschungsinstitut für biologischen Landbau, Ackerstrasse 113, 5070 Frick, Schweiz

² Syndicat Caprin de la Drôme, La Chauméane, 26400 Divajeu, France

³ Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften, Grüental, 8820 Wädenswil, Schweiz

⁴ Landwirtschaftszentrum, Talstrasse 3, 3930 Visp, Schweiz

Dairy goats, naturally infected with gastrointestinal nematodes, were fed 700g sainfoin- or alfalfa-pellets per day, additionally to a non-tanniferous basic diet. The effect of the feeding on the parasite egg excretion per gramm faeces (EPG) was monitored over a period of 7 weeks. The trial was conducted in parallel at two sites; in France and in Switzerland. At both sites the same quality of sainfoin- and alfalfa-pellets were used. Compared to the alfalfa group the EPG of the sainfoin fed goats were reduced by 12% in France and by 18% in Switzerland. A repeated measurement analysis revealed no significant difference between the feeding groups at neither site. As it is very likely that the effect of condensed tannins on gastrointestinal nematodes is dose dependent, the relatively low absolute condensed tannin concentration might be jointly responsible for the absence of a significant effect.