



SCHWEIZERISCHE VEREINIGUNG FÜR TIERPRODUKTION
Association Suisse pour la Production Animale
Swiss Association for Animal Production

Frühjahrstagung 2013

Aktuelle Forschung in der Schweiz im Bereich Tierproduktion

Dienstag, 19. März 2013

Landwirtschaftliches Institut des Kantons Freiburg, Posieux

Zusammenfassungen der Poster

Das Verzeichnis der Zusammenfassungen ist nach Nutztierart und Thema geordnet.

Die Zusammenfassungen der Poster sind nach Poster-Nummer geordnet.

Verzeichnis der Zusammenfassungen

Rind - Milch

Nr.	Poster	Seite
1	Einfluss der Krafftutterergänzung auf das Fressverhalten von Milchkühen zweier Holsteinlinien in einem weidebetonten Fütterungssystem unter Biolandbau-Bedingungen	1
2	Energieaufwand, Futterraufnahme und Aktivität von zwei Holstein Kuhtypen auf der Weide unter Bedingungen des biologischen Landbaus	1
39	Influence of hay rich in sugar on the microbial profile in the rumen and the physiological processes in the rumen wall of dairy cows	20
40	Einfluss von zuckerreichem Grünfutter auf das Fettsäurenmuster der Milch	20
8	Entwicklung der Milchleistung während der ersten 28 Laktationstage von Milchkühen	4
13	Managementaspekte in Schweizer Milchviehbetrieben mit latenten Eutergesundheitsproblemen	7
14	Hyperketonemia affects metabolism and immune response in dairy cows	7
27	In a cell culture model for bovine mastitis the inflammatory response to Staphylococcus aureus strains reflects the molecular characteristics of the bacteria	14
43	Effekte des Durchmelkens auf endokrine Profile während der Lactogenese und auf den IgG-Gehalt im Colostrum von Milchkühen um die Geburt	22
21	Foot lesions in dairy cattle in Switzerland – prevalence and risk factors	11
23	Attitudes towards painful interventions at the feet of dairy cattle in Switzerland	12
34	New genetic evaluation for fertility in Brown Swiss cattle in Switzerland	17
7	Improving genetic evaluation of Swiss dairy cattle breeds using whole genome sequence data	4
9	Accuracy of 54k to HD genotype imputation in Brown Swiss cattle	5
28	Welche Genregionen beeinflussen Eigenschaften des Fells beim Eringer- und Evolènerind?	14
33	Zuchtwertschätzung für Milchleistungsmerkmale für die Rasse Eringer	17

Rind - Fleisch

Nr.	Poster	Seite
19	Performance and meat quality of Limousin heifers: comparison of an alpine system with a lowland system, with or without finishing	10
20	Utilisation d'une ration indigène dans la finition des remontes d'engraissement	10
36	Traçabilité analytique de la viande bovine produite en montagne	18
30	Die Auswirkung eines positiven Handlings auf die Ausweichdistanz und die Fleischqualität extensiv gehaltener Rinder	15

Schwein

Nr.	Poster	Seite
5	Spezifisches Gewicht und Mineralstoffgehalt der Knochen von Zuchtsauen als Indikatoren für ihre Versorgungslage mit Kalzium (Ca) und Phosphor (P)	3
24	Einfluss der Berücksichtigung der Körperkondition bei der Fütterung der Sau auf das wirtschaftliche Ergebnis	12
31	Perforierte Liegeflächen in der Mastschweinehaltung	16
32	Inheritance mechanisms of receptor(s) for Enterotoxigenic Escherichia coli fimbriae F4ad (F4adR) in the pig	16
37	Selection strategies against boar taint in a Swiss pig sire line	19
38	Bewertung der Schweinefettqualität bei Einzeltieren mit NIRS	19

Schaf

Nr.	Poster	Seite
18	Effect of sainfoin (<i>Onobrychis viciifolia</i>) and faba bean (<i>Vicia faba</i>) on the periparturient rise in ewes infected with gastrointestinal nematodes	9
12	Zuchtwertschätzung für Fruchtbarkeit beim Schaf	6
11	Genetische Diversität bei Schweizer Schafrassen	6

Geflügel

Nr.	Poster	Seite
25	Performance, health and welfare of commercial laying hen genotypes on free range and organic farms in Switzerland, France and The Netherlands	13
26	Effect of three dietary phytogetic products on production performance and coccidiosis in challenged broiler chickens	13

Pferd

Nr.	Poster	Seite
16	Nutzung von SNP Daten für das Auffinden von informativen Tieren in Populationen	8
15	Re-Sequenzierung des Genoms von 30 Freiburger Pferden	8
10	A case of sex reversal in the horse	5
29	Détention en groupe d'étalons reproducteurs : analyse des comportements sociaux lors de l'établissement de la hiérarchie	15

Bienen

Nr.	Poster	Seite
3	Survival of <i>Melissococcus plutonius</i> , the causative agent of European foulbrood, on wood and in honey	2
17	Sugar feeding – Not only a question of quantity: Chronic toxicity of hydroxymethylfurfural on winter bees	9
41	Differential susceptibility of drone vs. worker honey bees to <i>Nosema ceranae</i> and BQCV infections?	21
44	DWV clinical symptoms are predictive markers for colony losses	22
45	Host factors influence the honeybee gut microbiota	23
46	<i>Varroa destructor</i> overrides all others	23
35	Pyrrrolizidine Alkaloids in Honey from Switzerland	18

Andere

Nr.	Poster	Seite
22	Genauigkeit genomischer Zuchtwerte: Cosegregation oder Linkage Disequilibrium?	11
42	Untersuchungen zur partiellen Substitution von Fischmehl in der Diät von Regenbogenforellen (<i>Oncorhynchus mykiss</i>)	21
4	Pesticides, parasites and bumblebee reproductive traits	2
6	Impact of pesticides and pathogenes on colony traits	3

1 Einfluss der Kraftfutterergänzung auf das Fressverhalten von Milchkühen zweier Holsteinlinien in einem weidebetonten Fütterungssystem unter Biolandbau-Bedingungen

Carolin Heublein*, Frigga Dohme-Meier*, Karl-Heinz Südekum**, Fredy Schori*

*Agroscope Liebefeld-Posieux, Rte de la Tioleyre 4, 1725 Posieux

**Universität Bonn, Endenicher Allee 15, D-53115 Bonn

Das Ziel der Studie war, mit zwei unterschiedlichen Holsteinkuhtypen den Einfluss der Kraftfutterergänzung auf Milchleistung, Futteraufnahme und Fressverhalten auf der Weide unter Biolandbau-Bedingungen zu untersuchen. Der Versuch war ein Cross-Over Design mit 12 Schweizer Holstein Kühen (HCH) und 12 Holstein Kühen neuseeländischen Ursprungs (HNZ), die sich in der Körpermasse unterschieden (HCH, 597 kg vs. HNZ, 554 kg, $P < 0.05$) und durchschnittlich 91 ± 18 d in Laktation waren. Die Kühe waren Vollzeit auf der Weide ohne Dürrfutterergänzung und erhielten entweder kein Kraftfutter (KF) oder 6 kg/d. Um die Futteraufnahme auf der Weide zu schätzen, wurde die n-Alkan-Doppelindikatormethode benutzt. Fressverhalten und physische Aktivität wurden mittels Kaurekordern und Pedometern über 72 h erfasst. Kühe, die KF erhielten, hatten eine höhere ($P < 0.001$) Milchleistung als Kühe ohne KF. HCH produzierten mehr ($P < 0.05$) Milch mit KF (30.0 vs. 24.9 kg/d) als HNZ (26.0 vs. 23.0 kg/d). Ausserdem produzierten HCH mehr ($P < 0.05$) Milch pro kg KF als HNZ (0.8 vs. 0.5 kg/kg). Der Milchfettgehalt war niedriger ($P < 0.001$) bei Kühen mit (3.2 %) als bei Kühen ohne KF (3.8 %). Die Futteraufnahme auf der Weide war niedriger ($P < 0.001$) bei Kühen mit KF (12.1 vs. 9.4 kg Trockensubstanz (TS)/d), aber die Gesamtfutteraufnahme war höher ($P < 0.001$) bei Kühen mit KF (14.7 vs. 12.1 kg TS/d). Kühe mit KF verbrachten weniger ($P < 0.001$) Zeit mit der Futteraufnahme als Kühe ohne KF (561 vs. 453 min/d). Mit KF werden die Fresszeiten auf der Weide reduziert und der Anteil von Weidegras an der Ration wird geringer. Die tiefen Milchfettgehalte mit KF weisen auf Veränderungen der Pansenfermentation hin. Die Daten deuten darauf hin, dass HCH KF besser für zusätzliche Milch verwerten können als HNZ.

2 Energieaufwand, Futteraufnahme und Aktivität von zwei Holstein Kuhtypen auf der Weide unter Bedingungen des biologischen Landbaus

Thanner S.¹, Dohme-Meier F.¹, Görs S.², Metges C.C.², Schori F.¹

¹Forschungsanstalt Agroscope Liebefeld-Posieux ALP-Haras, 1725 Posieux, Schweiz

²Leibniz Institute for Farm Animal Biology (FBN), Research Unit Nutritional Physiology „Oskar Kellner“, 18196 Dummerstorf, Germany

Für eine nachhaltige und wirtschaftliche biologische Milchproduktion ist es wichtig, Milchkühe einzusetzen, die ihren Energiebedarf für die Milchproduktion, den Grundumsatz und die Aktivität allein durch die Futteraufnahme auf der Weide decken können. Die vorliegende Studie verglich die Wärmeproduktion, das Fressverhalten und die physische Aktivität von zwei laktierenden (200. \pm 17 Laktationstag) Holsteinkuhtypen (Schweizer Typ: H_{CH}; 613 kg LG und Neuseeländischer Typ: H_{NZ}; 570 LG) in einem Umtriebsweidesystem, ohne Zufütterung von Kraft- und Dürrfutter, unter Bedingungen des biologischen Landbaus. Während einer 7 d Messperiode wurde mittels der ¹³C-Bikarbonat-Verdünnungstechnik die CO₂-Produktion täglich an zwei Kühen durch automatische Entnahme von Blutproben über 6 h mit Hilfe von Isotopenverhältnis-Massenspektrometrie ermittelt. Obwohl die H_{CH} schwerer und grösser waren als die H_{NZ}, unterschieden sich die beiden Kuhtypen nur numerisch im Energieaufwand (311 vs. 269 kJ / 6 h / kg^{-0.75}; $p = 0.18$) und der physischen Aktivität (Gehen: 109 vs. 97 min / 6h; $p = 0.45$). Die Weidegrasaufnahme (16.4 kg TS / d, $p = 0.89$) und Milchleistung (ECM: 18.0 kg / d, $p = 0.96$) war bei beiden Kuhtypen sehr ähnlich, was vermuten lässt, dass die H_{CH} ihr genetisches Potenzial für Milchproduktion nicht voll ausnutzen konnten. Im Vergleich zu älteren Studien weisen diese Resultate auf eine Annäherung der eingesetzten Kuhtypen in ihrem Verhalten, ihrer Körpermasse, ihrer Produktivität und damit in ihrem Energieaufwand hin.

3 Survival of *Melissococcus plutonius*, the causative agent of European foulbrood, on wood and in honey

Jean-Daniel Charrière and Alexandra Roetschi

Agroscope Liebefeld-Posieux Research Station ALP-Haras, Bern, Switzerland

In Switzerland, honeybee colonies exhibiting clinical symptoms of European foulbrood (EFB) must be destroyed. For effective control of EFB, it is important to understand how long *Melissococcus plutonius*, the causative bacteria for EFB, can survive on wood and in honey to avoid reoccurrence of the disease.

Although *M. plutonius* is not as resistant as the spore forming *Paenibacillus larvae*, the causative agent of American foulbrood (AFB) which can survive several years, it nevertheless shows a capacity to survive several months on wood or in honey. Here we observed important differences between bacteria strains: a wild type isolated from diseased colonies in Switzerland and type strain ATCC 35311. The Swiss strain was more resistant on wood under the test conditions. That kind of variation should be taken into account when planning the necessary sanitation measures in an EFB case.

Additionally, it is important for beekeepers to assume that material in contact with EFB diseased colonies will be infectious for several months. Such material should not be associated with honey bees until proper sanitation measures (e.g. disinfection) can be performed.

4 Pesticides, parasites and bumblebee reproductive traits

Fausser-Misslin A¹, Sandrock C¹, Sadd BM², Brandenburg J¹ and Neumann P¹

1. Swiss Bee Research Centre, Research Station ALP – Haras, CH-3003 Bern, Switzerland;
2. Institute of Integrative Biology, ETH-Center CH–8092 Zurich, Switzerland.

In social insects fitness largely depends on the reproductive performance of male and female sexual. Limitations of reproductive capacities may be caused by environmental effects, including parasites, pesticides and/or interaction amongst them. Mitigating recent pollinator declines therefore calls for an assessment of such suspected drivers with detrimental effects on reproductive success. Here the effects of sublethal exposures to systemic neonicotinoids and the gut parasite *Crithidia bombi* on sperm quantity and viability were studied in male bumblebees. Similarly, the ability to store sperm in the spermatheca was investigated, further we assessed male longevity. The data suggest that pesticide treatment and the interaction between pesticide and parasite treatment had a significant effect on male longevity, but also that sublethal pesticides exposure and *C. bombi* infections in combination reduce the number of sperm in the accessory testes, but do not alter their viability. No significant effects on sperm vitality and quantity in the accessory testes were observed in the other treatment groups. Likewise, no significant effects were found on sperm viability in the gyne's spermatheca.

Chronic sublethal exposure to neonicotinoids alone, and in combination with parasites, can impact important reproductive traits.

5 Spezifisches Gewicht und Aschegehalt der Knochen von Zuchtsauen als Indikatoren für ihre Versorgungslage mit Kalzium (Ca) und Phosphor (P)

A. Gutzwiller und P. Schlegel, *Agroscope, 1725 Posieux*

In Schweizer Schweinezuchtbetrieben treten gelegentlich Knochenbrüche bei abgesetzten Erstlingssauen auf. Zur Abklärung, ob ein Mangel an Ca und P vorliegt, eignet sich die Untersuchung von Knochen auf ihren Mineralstoffgehalt oder ihre Knochendichte. Wir untersuchen den Einfluss des Alters und des Reproduktionsstadiums auf das spezifische Gewicht (Indikator für die Dichte) und den Mineralstoffgehalt der Mittelhandknochen von geschlachteten Schweinen der Agroscope-Zuchtherde, welche gemäss den Agroscope-Empfehlungen gefüttert worden sind. Diese Daten können bei Abklärungen in Problembetrieben als Normalwerte dienen. Die Knochen der kurz nach dem Absetzen geschlachteten primiparen Sauen waren im Vergleich zu den 6 bis 9 Monate alten unträchtigen Remonten nicht demineralisiert, sie waren jedoch weniger mineralisiert als die Knochen der wegen kleiner Wurfzahl oder Umrauschen geschlachteten multiparen Sauen.

Spezifisches Gewicht und Aschegehalt der Mittelhandknochen

	Remonten	Primipare	Multipare
Spez. Gewicht	1.24±0.08 ^b	1.21±0.07 ^b	1.35±0.06 ^a
Asche, g/kg TS	612±23 ^c	627±16 ^b	637±19 ^a
Asche, g/cm ³	0.51±0.09 ^b	0.52±0.05 ^b	0.63±0.08 ^a

Mittelwert und Standardabweichung; ^{a,b} Unterschied signifikant ($P < 0.05$)

6 Impact of pesticides and pathogenes on colony traits

Fauser-Misslin A¹, Sandrock C¹, Sadd BM² and Neumann P¹

1. Swiss Bee Research Centre, Research Station ALP – Haras, CH-3003 Bern, Switzerland;

2. Institute of Integrative Biology, ETH-Center CH-8092 Zurich, Switzerland.

There is clear evidence that pollinators are declining. Potential drivers include pathogens, pesticides and/or interactions amongst them. Mitigating pollinator declines critically depends on the identification of the factors affecting their fitness, as well as the demonstration of putative interactions with synergistic effects. Here, the effects of chronic sublethal exposure to systemic neonicotinoids on the fitness of the bumblebee, were investigated. Additionally, infection of the common gut parasite *Crithidia bombi* was included. The data show that sublethal pesticide exposure can significantly reduce the numbers of produced gynes and males, with a considerable proportion of colonies not investing in gynes at all. While infections with *C. bombi* alone tended to have positive effects on gyne production, lower numbers of gynes were produced in combination with neonicotinoid exposure than in all other treatments. Our results indicate that chronic sublethal exposure to a neonicotinoid, especially in combination with pathogens, can substantially reduce fitness of bumblebee colonies.

7 Improving genetic evaluation of Swiss dairy cattle breeds using whole genome sequence data

Baes C, Gredler B., Bapst B., Moll J., Qualitas AG, Chamerstrasse 56, CH-6300 Zug; Flury C., HAFL, Länggasse 85, CH-3052 Zollikofen; Stricker C., agn Genetics GmbH, Börtjistrasse 8b, CH-7260 Davos; Fernando R., Garrick D., Iowa State University, 225 Kildee Hall, IA50011-3150 Ames; Schmitz-Hsu F., Swissgenetics, Meielenfeldweg 12 3052 Zollikofen; Fries R., Technische Universität München, Liesel-Beckmann-Str. 1, D-85354 Freising

The genetic architecture of quantitative and qualitative traits in agricultural animals is rapidly being unveiled due to the increasing availability of whole genome sequence information (WGS). Together with several scientific and industrial partners, Qualitas AG instigated a research project to uncover the framework underlying genetic variation for the main dairy breeds in Switzerland (Braunvieh, Original Braunvieh, Simmental, Holstein and Red Holstein) and to incorporate useful features from WGS into routine breeding value estimation. This project will contribute to the 1000 Bull consortium, which aims to create a worldwide database of WGS for imputation of genetic variants.

Here we formally present a detailed plan of our project. First, a workflow protocol from raw sequence data to variant data will be established. Secondly, sequence variants will be imputed for animals of each breed with 50k- or HD-genotypes. Genome wide association studies will be carried out to identify influential variants responsible for the observed phenotypic expression in traits of interest. Those variants will be routinely imputed for subsequent routine breeding value estimation. Second, WGS information will be used to quantify inbreeding. Methods to maintain the genetic diversity currently found in Swiss cattle will be developed using optimum contribution theory.

8 Entwicklung der Milchleistung während der ersten 28 Laktationstage von Milchkühen

E.C. Kessler, R.M. Bruckmaier, J.J. Gross – Abteilung Veterinär-Physiologie, Vetsuisse Fakultät Universität Bern, Bern, Schweiz

Die Milchleistung steigt in den ersten Laktationswochen bei der Milchkuh rapide an. Zur detaillierten Betrachtung der Leistungsentwicklung insbesondere während der Kolostralmilchphase wurden von 17 Rindern und 39 Milchkühen die 10 ersten Einzelgemelke nach der Abkalbung und die Tagesgemelke der Laktationstage 1 bis 28 ausgewertet. Das erste Gemelk nach der Abkalbung (Kolostrum) variierte bei den Kühen zwischen 1.3 und 20.7 kg, bei den Rindern zwischen 1.8 und 10.9 kg. Die Spanne zwischen der niedrigsten und höchsten Milchmenge pro Gemelk erstreckte sich beim 10. Gemelk zwischen 9.2 und 21.5 kg (Kühe) bzw. 7.0 und 15.2 kg (Rinder). Zwischen dem 2. und 4. Gemelk war der höchste Anstieg in der Gemelksmenge zu verzeichnen (von 6.2 auf 11.8 kg/Gemelk bei Kühen und von 4.9 auf 9.4 kg/Gemelk bei Rindern). Die mittleren Tagesgemelke stiegen zunächst exponentiell an und nach ca. einer Woche erfolgte der Anstieg moderater und zunehmend linear. Zur Charakterisierung wurde eine nicht-lineare Regressionsgleichung zugrunde gelegt, mit deren Hilfe der Zeitpunkt des Übergangs der Laktationskurve in den linearen Anstieg berechnet wurde. Dieser war bei Rindern im Mittel mit Tag 6.9 früher als bei den Kühen mit Tag 8.2 ($P < 0.01$). Kühe hatten im Vergleich zu den Rindern stets höhere Tagesgemelke einschliesslich der Kolostrummenge ($P < 0.05$). Die Korrelation der Erstkolostrummenge mit der täglichen Milchproduktion nahm bei den Kühen während der ersten 14 Tage ab ($r = 0.47$ am Tag 5 bis $r = 0.32$ am Tag 14, $P < 0.05$). Danach befanden sich alle Kühe auf einem vergleichbaren Leistungsniveau unabhängig von der Erstkolostrummenge ($r = 0.27$ am Tag 28, $P = 0.12$). Bei den Rindern hingegen blieb die Variation der Milchproduktion durchgehend bis zum 28. Tag konstant. Eine niedrige Leistung in den ersten Laktationstagen hatte kaum einen Einfluss auf das Leistungspotential bei den Kühen. Im Hinblick auf eine gleichzeitig geringere metabolische Belastung kann dieses Merkmal als Zuchtziel an Bedeutung gewinnen.

9 Accuracy of 54k to HD genotype imputation in Brown Swiss cattle

Gredler, B.¹, Sargolzaei, M.^{2,3}, Bapst, B.¹, Bieber, A.⁴, Simianer, H.⁵, Seefried, F.R.¹

¹ Qualitas AG, Chamerstrasse 56, 6300 Zug, Switzerland; ² Centre for Genetic Improvement of Livestock, University of Guelph, Guelph, N1G2W1 Canada; ³ Boviteq Alliance, 19320 Grand Rang St. François, Saint-Hyacinthe, Québec, J2T-5H1, Canada; ⁴ FiBL – Research Institute of Organic Agriculture, Postfach/Ackerstrasse, 5070 Frick, Switzerland; ⁵ Georg August University, Albrecht-Thaer-Weg 3, 37075 Goettingen, Germany

Imputation of genotypes can be used to reduce the implementation costs of genomic selection. In this study, we evaluated the accuracy of genotype imputation from Illumina 54k to Illumina High Density (HD) in Brown Swiss cattle. Genotype data comprised 6,106 54k and 880 HD genotyped bulls and cows of Brown Swiss and Original Braunvieh cattle. Genotype data was checked for parentage conflicts and SNP were excluded if MAF was below 0.5% and SNP call rate was lower than 90%. The final data set included 39,004 SNP for the 54k and 627,306 SNP for the HD chip. HD genotypes of animals born between 2004 and 2008 (n=365) were masked to mimic animals genotyped with the 54k chip. Methods used for imputation were FImpute and Findhap V2. Both programs use pedigree information for imputation. The accuracy of imputation was assessed by the correlation (r) between true and imputed genotypes, the percentage of correctly and incorrectly imputed genotypes. Both programs gave high imputation accuracy with FImpute outperforming Findhap. Accuracy of imputation increased with increasing relationship between the HD genotyped reference population and 54k genotyped imputation candidates. Average r for FImpute and Findhap were 0.992 and 0.988 when both parents of the 54k genotyped candidate were HD genotyped, respectively. Correlations were lower when no direct relatives were HD genotyped (0.971 and 0.918 for FImpute and Findhap, respectively). Accuracy of imputation highly depended on MAF of the imputed SNP. For FImpute, average r ranged between 0.89 (MAF <0.025) and 0.99 (MAF between 0.4 and 0.5).

10 A case of sex reversal in the horse

Claude Schelling¹, Benita Pineroli¹, Verena Bracher², Aldona Pieńkowska-Schelling¹

¹Züchtungsbiologie, Clinic of Reproductive Medicine, Vetsuisse-Faculty Zurich, Winterthurerstrasse 260, 8057 Zurich

²Tierklinik Leimental, Gewerbestrasse 4, 4105 Biel-Benken

A registered female horse was given a clinical exam in order to enlist her for a breeding program. The veterinary noted normal external genitalia, but small, probably inactive, ovaries and rather well developed muscles. The preliminary diagnosis pointed at the possibility of an intersexual animal.

Classical and molecular cytogenetics were applied to investigate the chromosomal status of this horse. It could be clearly demonstrated that the mare is a sex reversed male with a karyotype of 64,XY.

11 Genetische Diversität bei Schweizer Schafrassen

A. Burren¹, H. Signer-Hasler¹, M. Neuditschko², J. Tetens³, J. Kijas⁴, C. Drögemüller⁵ and C. Flury¹

¹HAFL, Länggasse 85, 3052 Zollikofen

²ALP-Haras, Avenches

³Christian-Albrechts-University Kiel, Institut für Tierzucht und Tierhaltung, Hermann-Rodewald-Str. 6, 24118 Kiel

⁴CSIRO Livestock Industries, St Lucia, Brisbane, Queensland, Australia

⁵Universität Bern, Institut für Genetik, Bremgartenstr. 109, 3001 Bern

Im Rahmen des globalen Schaf-Hapmap-Projekts wurden - neben vielen anderen – jeweils 24 Tiere für die sieben Schweizer Schafrassen Bündner Oberländer Schaf, Engadiner Schaf, Schwarzbraunes Bergschaf, Spiegelschaf, Weisses Alpenschaf, Walliser Schwarznasenschaf und Walliser Landschaf mit dem Illumina OvineSNP50 genotypisiert. Diese Genotypen wurden in dieser Studie für eine Analyse der genetischen Vielfalt zwischen und innerhalb der Schweizer Rassen verwendet. Nach dem Filtern waren noch 45'193 SNPs verfügbar. In der Clusteranalyse zeigten die Läufe für sieben Cluster den besten Fit. Die Clusteranalyse wie auch die genomische Verwandtschaftsmatrix zeigten auf, dass die Rassen Walliser Schwarznasenschaf und Walliser Landschaf sowie die Rassen Spiegelschaf und weisses Alpenschaf verwandt sind. Die höchste Verwandtschaft innerhalb Rasse konnte beim Walliser Landschaf und die tiefste beim Engadiner Schaf beobachtet werden. Aktuell wird für die Rassen noch die LD-basierte effektive Populationsgrösse geschätzt.

12 Zuchtwertschätzung für Fruchtbarkeit beim Schaf

H. Jörg¹, A. Burren¹, C. Hagger¹, C. Aeschlimann² und G. Schmutz²

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

²Schweizerischer Schafzuchtverband, Industriestrasse 9, 3362 Niederönz

Der Schweizerische Schafzuchtverband führt eine Zuchtwertschätzung für Fruchtbarkeit bei den vier Hauptrassen Weisses Alpenschaf, Braunköpfiges Fleischschaf, Schwarzbraunes Bergschaf und Walliser Schwarznasenschaf ein. Zuerst wurden 19 Merkmale aus der internationalen Schafzucht in Betracht gezogen. Die Merkmale wurden in den Herdebuchdaten der letzten zehn Jahre analysiert.

Aufgrund der Verfügbarkeit der Daten und der Variationen in den Daten der vier Populationen wurden die folgenden vier Merkmale für die Zuchtwertschätzung Fruchtbarkeit ausgewählt: Erstablammalter, Zwischenwurfzeit, Wurfgrösse 1 und Wurfgrösse 2. Die Wurfgrösse entspricht nicht der Anzahl Lämmer bei der Geburt, sondern der Anzahl Lämmer bei der 40 Tage Wägung beim ersten Wurf beziehungsweise beim zweiten Wurf. Die Wurfgrösse nach 40 Tagen berücksichtigt im Gegensatz zur Wurfgrösse bei Geburt die unerwünschten Abgänge in den ersten Lebenstagen. Weitere Würfe wurden nicht berücksichtigt, da die folgenden Wurfgrössen zu stark mit der Wurfgrösse 2 korrelieren. Bei den vier Merkmalen werden keine Lebendgewichte berücksichtigt, da die Gewichte der Lämmer bereits über die Zuchtwerte Zuwachs bearbeitet werden. Die Heritabilitäten der vier Merkmale sind im Bereich um 0.25 für das Erstablammalter und im Bereich 0.1 für die restlichen drei Merkmale. Die Werte sind zwischen den Rassen vergleichbar und entsprechen auch den Erwartungen aufgrund der internationalen Werte.

Die vier Zuchtwerte für Fruchtbarkeit in Kombination mit den Zuchtwerten für den direkten Zuwachs und für den maternalen Zuwachs eignen sich bestens für einen Gesamtzuchtwert, welcher über die Gewichtung auch rassenspezifische Interessen aufnehmen kann.

13 Mastitis-Managementaspekte in Schweizer Milchviehbetrieben mit Eutergesundheitsproblemen

L. Kretzschmar¹, B. v. d. Borne², T. Kaufmann³, M. Reist², D. Strabel³, M. Harisberger², D. Heiniger¹, A. Steiner¹, M. Bodmer¹

¹Wiederkäuferklinik und ²Veterinary Public Health Institute der Vetsuisse-Fakultät der Universität Bern

³Rindergesundheitsdienst, AGRIDEA Lindau

Einleitung: Mastitis ist die kostspieligste Erkrankung der Milchkuh. Das Zusammenspiel vieler verschiedener Management abhängiger Faktoren hat Auswirkungen auf die Eutergesundheitssituation einer Milchviehherde. Ziel dieser Studie war, das Mastitis-Management auf Schweizer Milchviehbetrieben mit Eutergesundheitsproblemen zu beschreiben.

Material und Methoden: 100 Betriebe mit einer theoretischen Tankzellzahl von 200'000-300'000 Zellen/ml im Jahr 2010 wurden in der Studie berücksichtigt. Daten zu Betriebsstruktur, Haltung, Melktechnik, Melkarbeit, Trockensteh- und Mastitis-Management wurden mit einem Fragebogen erhoben. Zusätzlich wurde ein Betriebsbesuch durchgeführt, im Laufe dessen die einzelnen Kategorien vor Ort untersucht wurden. Ausserdem wurden von Kühen mit $\geq 150'000$ Zellen/ml aseptische Viertelgemelkproben entnommen.

Resultate: Die untersuchten Betriebe stellten ihre Kühe häufig allmählich durch Überspringen von Melkzeiten trocken (54%). Es wurden 3386 Viertelgemelkproben von 847 Kühen bakteriologisch untersucht. Die höchste Erregerprävalenz auf Viertelniveau betrug 12.3% bei *C. bovis*. Der Wechsel der Zitzengummis erfolgte bei 85% der Betriebe zu spät. Nur 37% der Betriebsleiter hielten bei der Eutervorbereitung eine korrekte Reihenfolge der Arbeitsschritte ein.

Diskussion: Der beträchtliche Datensatz, welcher erhoben wurde, gibt einen detaillierten Überblick über die aktuelle Situation bezüglich Mastitis-Management in Schweizer Milchviehbetrieben und kann als Grundlage für zukünftige Informationskampagnen dienen. Dies hilft, die Eutergesundheit in Schweizer Milchviehbetrieben zu verbessern.

14 Hyperketonemia affects metabolism and immune response in dairy cows

M. Zarrin^{1,2,3}, O. Wellnitz¹, H.A. van Dorland¹, R.M. Bruckmaier¹

¹Veterinary Physiology, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Switzerland

²Department of Animal Science, Yasouj University, I.R.Iran

³Graduate School for Cellular and Biomedical Sciences, University of Bern, Switzerland

Hyperketonemia occurs frequently in high yielding dairy cows during periods of extensive mobilization of adipose tissue. Previous studies illustrated that hyperketonemia interferes with metabolism and it is assumed that it impairs the immune response. The objective was to study effects of beta-hydroxybutyrate (BHBA) infusion and an additional intramammary lipopolysaccharide (LPS) challenge on metabolism and immune response of the mammary gland in dairy cows. Thirteen dairy cows received intravenously either a Na-DL- β -OH-butyrate infusion (HyperB, n=5) to induce hyperketonemia (1.7 mmol/L), or an infusion with a 0.9 % saline solution (NaCl, n=8) for 56 h. Two udder quarters were challenged with 200 μ g *Escherichia coli*-LPS at 48 h after the start of infusion. Hourly metabolite blood concentrations and mRNA transcripts of various variables related to metabolism and immune response in mammary tissue from biopsies taken one week before, 48 h after the start of the infusion, and 8 h after the LPS challenge, were measured. Changes were evaluated by analysis of variance with treatment as fixed effect. Plasma glucose and glucagon concentration decreased during BHBA infusion. BHBA infusion increased of serum amyloid A mRNA abundance ($P < 0.01$), and haptoglobin tended to increase in HyperB. During LPS challenge BHBA infused animals showed a more pronounced increase of mRNA abundance of IL-8, IL-10, and citrate synthase ($P < 0.05$). The results confirm that BHBA infusion affects metabolism and the immune response of the mammary gland which may reflect the increased susceptibility for mastitis during spontaneous hyperketonemia.

15 Re-Sequenzierung des Genoms von 30 Freiburger Pferden

M. Frischknecht^{1,2}, M. Neuditschko¹, V. Jagannathan², S. Rieder¹, T. Leeb²

¹ALP-Haras, Avenches; ²Institut für Genetik, Vetsuisse Fakultät Universität Bern

Quantitative Merkmale werden häufig komplex vererbt und die Identifikation der ursächlich beteiligten Gene (den „quantitative trait loci“, QTL) ist deshalb oft sehr schwierig. Um die genetischen Grundlagen solcher Merkmale zu ermitteln, sind zum einen grosse Tierzahlen und eine möglichst genaue Phänotypisierung wichtig. Auf der anderen Seite ist die Dichte an Genotypinformation ein weiterer wichtiger Punkt bei der Identifizierung von QTL. Die genetischen Informationen liegen heute in der Regel als SNP Chip Daten mit ca. 50'000 Genotypen pro Tier vor. Doch es besteht auch die Möglichkeit, bei wenigen Tieren eine wesentlich höhere Dichte an Daten zu sammeln, zum Beispiel durch die Re-Sequenzierung des ganzen Genoms. Sobald die Haplotypenstruktur einer Population bekannt ist, können auch bei nicht sequenzierten Tieren ausgehend von z.B. 50'000 experimentell bestimmten SNP Chip Genotypen fehlende Genotypen imputiert werden. In anderen Spezies lieferten genomweite Assoziationsstudien (GWAS) mit imputierten Genotypen stark verbesserte Ergebnisse gegenüber GWAS, die nur auf den SNP Chip Informationen beruhten.

Wir haben einen Datensatz von 1077 Freiburger Pferden, die mit dem 54k SNP Chip genotypisiert wurden. Aus diesen Tieren wurden 22 Hengste und 8 Stuten, also insgesamt 30 Pferde, ausgewählt und auf einem illumina HiSeq 2000 Gerät mit etwa 10-12facher Abdeckung re-sequenziert. Die 30 Pferde wurden so ausgewählt, dass sie möglichst informativ sind (siehe Poster Neuditschko et al.). In den Daten der Re-sequenzierung werden alle SNPs und kleinen Indels im Vergleich zur Referenzgenomsequenz identifiziert. Anschliessend müssen die Haplotypen der Pferde geschätzt werden, damit das geplante Imputieren von Genotypen nicht-sequenzierter Pferde möglichst exakt wird. Bei der Tagung wird der aktuelle Stand des laufenden Projekts vorgestellt.

16 Nutzung von SNP Daten für das Auffinden von informativen Tieren in Populationen

M. Neuditschko¹, R. Von Niederhäusern¹, C. Flury², H. Signer-Hasler², M. Frischknecht^{1,3}, T. Leeb³, S. Rieder¹

¹ALP-Haras, Avenches; ²HAFL, Zollikofen; ³Institut für Genetik, Vetsuisse Fakultät Universität Bern

Informative Tiere, sind Tiere die verstärkt in der Zucht eingesetzt werden und daher viele Nachkommen haben. Solche Tiere werden häufig auch als Gründertiere oder Schlüsseltiere einer Population bezeichnet. Aktuell verwendete Methoden in der Tierzucht beschränken sich ausschliesslich auf pedigree-basierte Abstammungsinformationen für das Auffinden von informativen Tieren. Diese Methoden setzen voraus, dass die Tiere über die Jahre vollständig und korrekt in einem Pedigree erfasst werden. Vor allem bei kleinen Nutztier- und Wildpopulationen sind Pedigrees nur unvollständig oder gar nicht vorhanden.

Basierend auf der Hauptkomponentenanalyse wurde eine neue Methode entwickelt mit welcher informative Tiere bestimmt werden können, ohne jegliche Abstammungsinformationen der einzelnen Tiere zu kennen. Erste Berechnungen wurden für die aktuelle Freiburgerpopulation durchgeführt und mit den Ergebnissen der bisher verwendeten Methoden verglichen. Zusätzlich wurden vergleichende Berechnungen zwischen pedigree- und marker-basierter Verwandtschaft aufgestellt. Interessant an diesem Vergleich ist, dass vor allem Freiburger mit hohem Warmblutanteil mit einer marker-basierten Verwandtschaftsmatrix wesentlich informativer erscheinen. Die Ergebnisse dieser Studie zeigen, dass durch die Anwendung von SNP Daten informative Tiere ohne Pedigree Informationen bestimmt werden können.

17 Sugar feeding – Not only a question of quantity: Chronic toxicity of hydroxymethylfurfural on winter bees

Jochen Pflugfelder and Peter Gallmann

Swiss Bee Research Center, Liebefeld Agroscope ALP Schwarzenburgstrasse 161;
3003 Bern

Hydroxymethylfurfural (HMF) can occur in sugar syrups for honeybee feed. HMF is derived from the dehydration of fructose by heating. It is an acid-catalysed reaction that also leads to levulinic and formic acid formation. HMF is toxic to honey bees, and causes gastroenteritis. Recently colony losses in Belgium and the Netherlands were caused by syrup containing 200 ppm HMF. During winter, honey bees are under a total exposure of the winter stores as there is no other food sources available.

Because information on chronic toxicity of HMF is limited to summer bees (Jachimowicz 1975, LeBlanc 2009) we assessed the chronic toxicity for winter bees in order to calculate the no effect concentration. Winter bees were collected in October. Ten bees were maintained in hoarding cages at 25°C in complete darkness and fed only HMF-spiked 50% sucrose solution *ad libitum*. Dose response was assessed using 12 concentrations (0 to 25600 ppm), with 3 replicates each.

The no effect concentration of HMF was determined at 200ppm.

18 Effect of sainfoin (*Onobrychis viciifolia*) and faba bean (*Vicia faba*) on the periparturient rise in ewes infected with gastrointestinal nematodes

S. Werne^a, E. Perler^a, V. Maurer^a, J.K. Probst^a, A. Drewek^b, F. Heckendorn^a

^a Research Institute of Organic Agriculture, Ackerstrasse 21, 5070 Frick, Switzerland

^b Seminar für Statistik, ETH Zürich, Rämistrasse 101, 8092 Zürich, Switzerland

Previous research has demonstrated the potential of tanniniferous feed sources to reduce the faecal egg count (FEC) of sheep and lambs infected with gastrointestinal nematodes (GIN). The present study investigated the use of sainfoin (*Onobrychis viciifolia*, cv. Perly) and faba bean seeds (*Vicia faba*, cv. Scirocco), either as single condensed tannin sources or in combination, to reduce the periparturient rise in the faecal egg count of GIN-infected ewes. Seventy-eight periparturient Red Engadine ewes (PP ewes) and fifteen ewes of the same breed in early gestation (EG ewes) were used for the study. For a feeding period of 25 days, PP ewes were allocated to four groups that were balanced with regard to FEC, number of foetuses and age. PP ewes were fed with either (i) a ryegrass-clover forage, C (n = 21); (ii) a sainfoin forage, S (n = 19); (iii) a combined condensed tannin feed consisting of sainfoin forage and faba bean pellets, SB (n = 19); or (iv) faba bean pellets and ryegrass-clover forage, B (n = 19). EG ewes were used to determine the dimension of the periparturient rise in groups i-iv. During the 25 day feeding period, faecal sampling took place every third or fourth day. Individual FECs were expressed per gramme faecal dry matter (FECDM). Compared to the control group (C), the differences in FECDM over the entire feeding period were -54.7 % (S), -40.0 % (SB), +7.8 % (B) and -41 % (EG). A mixed model analysis revealed significant differences between the C and S groups (p < 0.001) and between the C and SB groups (p < 0.001) but revealed no difference between the C and B groups (p = 0.766). We conclude that condensed tannins originating from sainfoin prevented periparturient egg rise, whereas those from faba beans did not produce such an effect

19 Performance and meat quality of Limousin heifers: comparison of an alpine system with a lowland system, with or without finishing

I.D.M. Gangnat, M. Kreuzer, F. Leiber, ETH Zurich, Institute of Agricultural Sciences.

In alpine systems, cattle are moved to high altitude pastures for the summer season. Competitiveness of this system relies on animal performance and meat quality which should not be impaired compared to lowland fattening on grass. A finishing period may be necessary if the animals are not ready for slaughter at the end of the grazing season. Yet, finishing could impair the specific meat quality linked with grazing biodiverse alpine grass. Three groups of 12 Limousin heifers were fed biodiverse alpine grass (AG), lowland cultivated grass (CG) or a mixture of alpine grass and lowland hay (1:1 in dry matter; AH). The six heaviest animals per group were slaughtered after two months on the respective diets. The remaining animals were finished on a 3:2 mixture of grass silage and maize silage together with 2 kg crushed wheat. All animals were slaughtered at a live weight of 450 kg. There was no effect of the vegetation type on growth and slaughter performances. Finishing enhanced fatness scores of CG animals only. Meat quality was assessed on the *longissimus dorsi* after 3 weeks of ageing. Meat colour and shear force were not influenced by the diet. Therefore, the alpine system was competitive in fattening Limousin heifers and finishing was beneficial for the lowland animals only.

20 Utilisation d'une ration indigène dans la finition des remontes d'engraissement

Morel Isabelle, Agroscope Liebefeld-Posieux, 1725 Posieux

Parmi les nombreuses critiques dont fait l'objet la production animale de la part des médias ou de certains milieux de la protection de l'environnement, le tourteau de soja dans les rations des bovins et des porcs est souvent au centre des préoccupations. Dans le contexte d'une production durable, conforme aux règles du «Swissness», des alternatives sont activement recherchées. Une ration entièrement composée de fourrages, aliments et coproduits indigènes (IN) a été testée dans la finition de remontes d'engraissement en comparaison à une ration standard (ST) à base d'ensilage de maïs et d'un aliment concentré contenant 33% de tourteau de soja. Les constituants de la ration expérimentale étaient du foin à raison de 37% de la matière sèche (MS), de l'ensilage d'herbe (27%), du petit-lait doux (11%) et de l'orge mélassée (25%) afin d'obtenir une ration iso-énergétique. 46 animaux issus de l'élevage des vaches allaitantes et sevrés à l'âge de 9 à 10 mois ont été répartis en deux groupes équilibrés en fonction du type génétique, du sexe, du poids au sevrage et de la classe de tissus gras. Il s'agissait de bœufs et de génisses issus des croisements Piémontais (Pi) x Angus (An), Pi x Limousin (Li), Pi x F1 (=Li x Red Holstein) et Zébu x An. L'abattage a eu lieu après une durée d'engraissement minimale de 8 semaines lorsque les animaux avaient atteint la classe de tissus gras optimale de 3 selon la CH-TAX. Avec 1150 g en moyenne durant la finition, les variantes IN et ST ne se sont pas distinguées quant au GMQ moyen. L'ingestion journalière moyenne de MS et de PAIN ont été plus élevées avec la ration IN ($p < 0.05$) alors que l'ingestion d'énergie était équilibrée entre les deux rations, de même que les indices de consommation de MS et d'énergie. Les animaux des deux variantes ont atteint le degré d'engraissement recherché à un poids moyen semblable avec une charnure tendancielle meilleure pour la variante IN. On en conclut que la ration expérimentale indigène permet d'obtenir des résultats zootechniques comparables à ceux réalisés avec une ration standard composée d'ensilage de maïs et d'un aliment concentré à base de tourteau de soja.

21 Foot lesions in dairy cattle in Switzerland – prevalence and risk factors

J. Becker¹, A. Steiner¹, M. Reist²; ¹Clinic for Ruminants and ²Veterinary Public Health Institute, Vetsuisse Faculty of Berne, Switzerland

Objectives: The objectives of this study were to assess the prevalence of foot lesions in dairy cattle in Switzerland and to evaluate possible associated risk factors.

Material and Methods: 1449 dairy cows from 78 Swiss herds were investigated at routine claw trimming. Locomotion score, BCS, cleanliness, and the following foot lesions were assessed: digital dermatitis (DD), heel-horn erosion (HE), Rusterholz' sole ulcer (RSU), sole ulcer (SU), white line disease (WLD), double sole (DS), hemorrhages (H), severe hemorrhage (sH), widened white line (wWL), subclinical laminitis (subLAM), chronic laminitis (chronLAM), interdigital hyperplasia (HI), interdigital phlegmona (P), infection of the toe (IT), lesions with deep structures affected (dL), and the definition claw score=1 (CS), i.e. at least one severe foot lesion. Structured personal interviews with the associated farmers were arranged to investigate possible risk factors.

Results: Highest cow-level prevalence was present for CS followed by HE, DD, sH, lameness, and RSU. Herd-level prevalence of lameness, DD, HE, RSU, sH, and CS were more than 50%. Significant associations revealed by risk factor analyses were: higher BCS was associated with less DS, HE, CS, and more DD; reduced cleanliness was associated with more DS and HE; HE and DD were positively associated with each other; if farmers judged claw health to be of lower importance for their business, prevalence of lameness and DS was higher; considering claw health for breeding and more frequent claw trimming were associated with higher prevalence of DD; compared to herds of the Holstein breed, those of Brown and Red breeds had a lower prevalence of DD, herds of the Brown breed had also a lower prevalence of CS than those of the Holstein breed.

Conclusions: Lameness and foot lesions are highly prevalent on dairy farms in Switzerland. Knowledge of the associated factors of veterinarians, farmers, and claw trimmers may help to develop and improve adequate strategies for improving lameness and foot lesions in dairy cattle in Switzerland.

22 Genauigkeit genomischer Zuchtwerte: Cosegregation oder Linkage Disequilibrium?

Christian Stricker, agn Genetics GmbH, Davos und Rohan L. Fernando, Department of Animal Science, Iowa State University.

Für eine Basispopulation von 500 Tieren werden Beobachtungen an 2000 SNPs mit einer Allelfrequenz von 0.5 simuliert. 100 der 2000 SNPs werden als QTL mit einem Substitutionseffekt $a \sim N(0,1)$ ausgewählt. Nach 5 Generationen von Zufallspaarung wird in Generation 6 kein Linkage Disequilibrium erreicht. Werden phänotypische Werte mit einer Heritabilität von 0.25 generiert und zufällig 1000 Tiere als Kandidaten ausgewählt, dann ergibt sich eine Korrelation zwischen geschätzten und wahren Zuchtwerten (Genauigkeit) von 0.67. Zur Schätzung der Zuchtwerte wurde ein Bayesian random regression Modell verwendet. Als Trainingspopulation dienten alle 2000 Tiere, die nicht als Kandidaten ausgewählt wurden. Die Genauigkeit der Zuchtwerte basiert auf jenen Tieren, die in der Trainingspopulation eine genomische Verwandtschaft von >0 aufwiesen. Sie wird andererseits aber negativ beeinflusst von Tieren, die untereinander keine genomische Verwandtschaft aufweisen. Wird eine Halbgeschwisterpopulation generiert, indem 10 Väter an 100 Mütter mit je 2 Nachkommen angepaart werden, d.h. 2000 Nachkommen generiert, dann steigt die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung in 1000 zufällig ausgewählten Kandidaten auf 0.75 an. Dies ist auf die erhöhte genomische Verwandtschaft zwischen den Halbgeschwistern zurückzuführen. Wird anstelle der Halbgeschwister 500 weitere Generationen lang zufällig gepaart, dann entsteht Linkage Disequilibrium und erhöht die Genauigkeit in 1000 zufällig ausgewählten Kandidaten auf 0.92. Diese Beispiele zeigen exemplarisch auf, dass Bayesian random regression Models sowohl Cosegregation als auch Linkage Disequilibrium als Informationsquelle nutzen.

23 Attitudes towards painful interventions at the feet of dairy cattle in Switzerland

J. Becker¹, A. Steiner¹, M. Reist²; ¹Clinic for Ruminants and ²Veterinary Public Health Institute, Vetsuisse Faculty of Berne, Switzerland

Objectives: The majority of lameness-causing problems are located in the area of the feet. As cow-level prevalence of lameness is 15% in CH, painful surgical interventions on the feet of cows have to be performed regularly. The administration of local anesthesia is required in cases involving the pododerma, according to Swiss legislation on animal welfare, but anesthesia is usually not performed due to various reasons. The objective of this study was to approach this problem in CH, assessing attitudes of farmers, veterinarians and claw trimmers towards painful interventions in the area of the feet of dairy cows.

Material and Methods: Attitudes of 77 farmers and 32 claw trimmers towards painful interventions in the area of the feet were assessed during structured personal interviews, 137 bovine veterinarians completed an equivalent online survey.

Results: The knowledge of the statutory provision of Switzerland that anesthesia has to be administered in any case of painful intervention, was low among farmers and veterinarians. About three out of four veterinarians, but less than 50% of farmers and claw trimmers considered local anesthesia during the excision of a sole ulcer involving the pododerma as useful. 65% of the veterinarians performed local anesthesia for the painful excision of a sole ulcer in at least 50% of cases, one out of four in less than 25% of the cases. Pain during this intervention without anesthesia was often considered to be low by farmers and claw trimmers.

Conclusions: Information about the need and usefulness of anesthesia for treatment of painful interventions in the area of the foot in dairy cattle has to be spread and propagated among involved professionals to improve animal welfare and productivity in dairy farms. We found signs of underestimation of pain and deficient pain management. Furthermore, it was the general opinion that local anesthesia during painful interventions in the area of feet was neither necessary nor useful.

24 Einfluss der Berücksichtigung der Körperkondition bei der Fütterung der Sau auf das wirtschaftliche Ergebnis

P. Stoll, Agroscope Liebefeld-Posieux ALP-Haras

Fütterung auf Körperkondition lautet die aktuelle Empfehlung. Eine Muttersau mit optimaler Körperkondition (BCS) ist im Durchschnitt gesünder, lebt länger (bessere Amortisation der Aufzuchtkosten), hat tiefere Tierarztkosten, stabilere Wurfgrößen und Wurfgewichte und weniger untergewichtige Ferkel. Insgesamt führt dies zu einer erhöhten Wirtschaftlichkeit. Die Frage, ob der Aufwand für die Bestimmung des BCS auch wirtschaftlich zu rechtfertigen sei, ist berechtigt. Im Rahmen eines Fütterungsversuches mit Sauen von ALP wurde in den Jahren 2007 bis 2008 unter anderem auch die Verteilung der BCS-Klassen der Sauen ermittelt (n = 2110; der Anteil der in die Klassen 1 bis 6 eingeteilten Sauen betrug 0.5, 8.3, 33.3, 50.6, 7.3 und 0 %). Nachdem die Fütterung auf Körperkondition eingeführt war, wurde in den Jahren 2011 und 2012 die Veränderung der Verteilung im Rahmen eines weiteren Fütterungsversuches erhoben (n = 459; der Anteil der in die Klassen 1 bis 6 eingeteilten Sauen betrug 0, 0, 38.4, 59.5, 2.1 und 0 %). Sauen der BCS-Klassen 1 und 2 sind zu mager. Sie haben eine reduzierte Lebenserwartung. Die Nachkommen haben tiefere Geburtsgewichte. Werden Preise, wie sie im Jahr 2010 realisiert wurden zugrunde gelegt, so beträgt die Differenz zwischen Jagerverkauf und den Kostenfaktoren Aufzucht, Futter, Arbeit und Infrastruktur +195 CHF pro Sau und Jahr. Die Tiere der BCS-Klassen 3 und 4 sind körperlich optimal. Die entsprechende Differenz beträgt +862 CHF pro Sau und Jahr. Sauen der BCS-Klassen 5 und 6 sind zu fett. Sie haben während der Trächtigkeit zu viel Futter gefressen und verlieren während der Laktation viel Körpergewicht, da die Futteraufnahme in dieser Periode reduziert ist. Fruchtbarkeitsstörungen, kleinere Nachfolgewürfe und eine reduzierte Lebenserwartung sind die Folgen. Die Differenz beträgt -644 CHF pro Sau und Jahr. Die Differenz der gewichteten Mittelwerte der beiden BCS-Klassen-Verteilungen, ohne bzw. mit Berücksichtigung des BCS, beträgt CHF 139.- pro Sau und Jahr. Folglich lohnt sich die BCS-Beurteilung.

25 Performance, health and welfare of commercial laying hen genotypes on free range and organic farms in Switzerland, France and The Netherlands

V. Maurer, Z. Amsler, E. Zeltner, Res. Institute of Organic Agriculture (FiBL), Frick, CH
F. Leenstra, T. v. Niekerk, B. Reuvekamp, Livestock Res., Wageningen UR, Lelystad, NL
M. Bestman, C. Vermeer, Louis Bolk Institute, Driebergen, NL
F. v. Sambeek, F. Galea, Institut de Sélection Animale (ISA), Boxmeer, NL/F

Within the EC FP7 project LowInputBreeds, researchers from The Netherlands (NL), France (F) and Switzerland (CH) are looking for the ideal layer genotype for free range systems. In the 3 countries a total of 257 farmers with free range layers (organic and conventional) with 273 flocks were first interviewed to determine the relationships between the genotype of the hens, management and performance. Almost 20 different genotypes (brands) were present on the farms. In F, all birds were brown feathered. In CH and NL, there were brown, white, and silver hens. In CH, mixed flocks (brown/white) were also present. Overall performance in organic and conventional systems differed significantly (higher mortality and lower egg production among organic hens). The difference was highly significant in NL, and showed a non-significant tendency in the same direction in CH and F. White hens tended to perform better than brown hens. Silver hens appeared to have a higher mortality and lower production per hen housed. There were no significant relationships between production, mortality, feather condition and use of outside run or with flock size. There was more variation in mortality and egg production among small than among large flocks. As a second step, 40 farms each were visited in NL and CH to (a) find possible reasons for these differences and to (b) look at management as well as animal health and welfare into more detail. First results indicate that in NL free range hens scored better on plumage condition and wounds than organic hens, while in Switzerland organic hens scored better on plumage condition and keel bones than free range hens. Effects of management and genotype are currently analysed.

26 Effect of three dietary phytogetic products on production performance and coccidiosis in challenged broiler chickens

W. Scheurer, * P. Spring* and L. Maertenst†
*Bern University of Applied Sciences, School of Agricultural and Forest and Food Sciences, 3052 Zollikofen, Switzerland; †Institute for Agricultural and Fisheries Research, Animal Science Unit, 9090 Melle, Belgium

A pen trial using 1080 male Ross 308 broiler chicks (6 treatments with 6 replicates each) was conducted to examine the effects of three dietary phytogetic products on avian coccidiosis. The dietary treatments included: 1) negative control (NC); 2) positive control (PC), without feed additive; 3) Narasin at 0.7 kg/ton (COCC); 4) PHYT1 at 2.0 kg/ton; 5) PHYT2 at 1.0 kg/ton; 6) PHYT3 at 1.0 kg/ton. Treatments 2-6 were challenged with a mixture of *E. acervulina*, *E. maxima* and *E. tenella* at day 15 via feed. Standard performance parameters and coccidial lesion scoring (d 22) were carried out. One week after coccidial challenge, chicks body weights of the Narasin treatment and the NC were higher ($P<0.05$) than all other treatments. Body weights at d 39 were 2.47 (NC), 2.34 (PC), 2.51 (COCC), 2.35 (PHYT1), 2.39 (PHYT2) and 2.41 kg (PHYT3), respectively. For the entire trial period, Narasin led to significantly better FCR in comparison to the PC and PHYT3. Overall mean lesion score was 0.54 (NC), 0.91 (PC), 0.50 (COCC), 0.81 (PHYT 1), 1.02 (PHYT 2) and 1.13 (PHYT 3, $P<0.05$ compared with NC and COCC, respectively). It was concluded that all three phytogetic products were not effective at the used dosage in alleviating the negative effects observed in coccidiosis challenged birds.

27 In a cell culture model for bovine mastitis the inflammatory response to *Staphylococcus aureus* strains reflects the molecular characteristics of the bacteria

C. Zbinden^{1,3}, R. Stephan², R. M. Bruckmaier¹, O. Wellnitz¹

¹ Veterinary Physiology, Vetsuisse Faculty, University of Bern, ² Institute for Food Safety and Hygiene, Vetsuisse Faculty, University of Zurich, ³ Graduate School for Cellular and Biomedical Sciences, University of Bern

In dairy cattle, *Staphylococcus aureus* is often isolated from chronic or subclinical mastitis. Some strains, however, elicit more severe (i.e. acute) forms of mastitis. *S. aureus* strains can be grouped according to their latex agglutination, virulence, and antibiotic resistance. It is assumed that latex agglutination positive strains (SLAT(+)) are more virulent than latex agglutination negative (SLAT(-)) strains. The objective of this study was to investigate if the immune response of the mammary gland to *S. aureus* differs between SLAT(-) and SLAT(+) strains, which could play a role in the development of mastitis. Primary bovine mammary epithelial cells (bMEC) were stimulated with 10 and 25 MOI (multiplicity of infection) of heat inactivated suspensions of 3 SLAT(+) and 1 SLAT(-) strain isolated from bovine mastitis with different clinical severities. After 1, 6, and 24 hours of incubation at 37°C, cells were harvested, and mRNA expression of inflammatory mediators and tight junction proteins was evaluated by reverse transcription and quantitative PCR. At several time points the relative mRNA expression ($\Delta\Delta\text{CT}$) was higher ($P < 0.05$) in bMEC stimulated with SLAT(+) compared to SLAT(-). Differences were highest after 6 h of incubation (1.3 to 2.5 threshold cycles [CT] for tumor necrosis factor alpha, 0.9 to 3.0 CT for interleukin-8, 1.5 to 3.6 CT for RANTES [Regulated And Normal T cell Expressed and Secreted] and 0.8 to 5.5 CT for serum amyloid A, respectively). The immune response was more pronounced with higher MOI. The mRNA expression of tight junction proteins zonula occludens-1 and occludin was not affected in both groups. These data are supported by an adhesion assay where the adherence of SLAT(-) to epithelial cells was lower than of SLAT(+) strains. These results indicate that *S. aureus* strains with varying virulence and different latex agglutination cause differences in the immune response of bMEC *in vitro*, which may reflect the severity of mastitis.

28 Welche Genregionen beeinflussen Eigenschaften des Fells beim Eringer- und Evolènerind?

C. Flury, H. Signer-Hasler, M. Neuditschko¹, ²J. Tetens, ³F. Bürgisser, ³K. Timm, ³P.

Roosje, S. Rieder¹, ³T. Leeb, ³C. Drögemüller

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

¹Agroscope ALP-Haras, Avenches

Institut für Tierzucht und Tierhaltung, Christian-Albrechts-Universität Kiel

Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern

Im Jahr 1885 wurde entschieden, dass gefleckte Tiere nicht mehr ins Eringer-Herdebuch aufgenommen werden. Einige Züchter im Dorf Evolène haben sich dieser Weisung nicht gefügt und mit der Rasse Evolèner weiterhin gefleckte Tiere gezüchtet. Neben gefleckten Tieren sind heute in beiden Rassen Tiere mit Abweichungen von den zwei Grundfarben schwarz und rot bekannt. Zusätzlich sind in der Rasse Eringer Tiere aufgetreten, die an Alopecia Areata (spontaner, lokal begrenzter Haarausfall) erkrankten. Für diese Arbeit wurden 36 Tiere der Rasse Evolèner und 100 Tiere der Rasse Eringer ausgewählt und mit dem HD-Illumina-Beadchip genotypisiert. Basierend auf gewichteten FST-Werten konnte im Vergleich der beiden Rassen eine starke Selektionssignatur auf dem Chromosom 6 in der Region des *KIT* Gens beobachtet werden. Die Region um das *KIT* Gen war auch in der genomweiten Assoziationsstudie signifikant. Hingegen scheinen andere, bereits bekannte Gene für weisse Fleckung bei den Evolènern keine Rolle zu spielen. Weiter wurde eine genomweite Assoziationsstudie für Unterschiede in der Grundfarbe sowie zur Alopecia Areata durchgeführt. Für diese zwei Merkmale konnten bislang keine signifikanten Unterschiede zwischen den Fällen und Kontrollen gefunden werden. Vermutlich ist die genetische Grundlage dieser Merkmale komplex. Hinzu kommt, dass die Phänotypen nicht immer eindeutig sind und allenfalls von externen Faktoren beeinflusst werden. In laufenden Arbeiten wird versucht die bestehende Datengrundlage durch die Imputation von 50k-Genotypen von zusätzlichen Eringerkühen zu verbessern.

29 Détenition en groupe d'étalons reproducteurs: analyse des comportements sociaux lors de l'établissement de la hiérarchie.

Sabrina Briefer Freymond^a, Elodie F. Briefer^b, Rudolf Von Niederhäusern^a, Iris Bachmann^a
^aAgroscope ALP-Haras, Avenches, CH ^bQueen Mary University of London, UK

Traditionnellement, les étalons sont détenus seuls en raison du risque de blessures élevé lié à l'agressivité envers les congénères. Une faible fréquence de comportements agressifs a toutefois été observé chez les groupes d'étalons célibataires à l'état sauvage. Nous avons étudié la possibilité de détenir 5 resp. 8 étalons reproducteurs franches-montagnes en groupe sur une pâture de 4.5 ha. Les interactions agonistiques, rituelles et affiliatives ont été relevées et analysées en relation avec divers facteurs d'influence. Les comportements rituels ont été le plus exprimés, suivi des comportements agonistiques et affiliatifs. La fréquence des interactions rituelles et agonistiques diminue rapidement au cours des 3 premiers jours. Une hiérarchie stable a pu être constatée après 2-3 mois. La détention en groupe d'étalons reproducteurs sur une pâture est une alternative envisageable dans la mesure où la fréquence des interactions agonistiques diminue rapidement et se stabilise à un niveau minimum dès le 5^{ème} jour suivant l'intégration. Ce mode de détention pourrait contribuer à une amélioration du bien-être des étalons et réduire les coûts du travail liés à la détention.

30 Die Auswirkung eines positiven Handlings auf die Ausweichdistanz und die Fleischqualität extensiv gehaltener Rinder

Johanna Karolina Probst^{1,2}, Edna Hillmann², Florian Leiber^{1,2}, Michael Kreuzer², Anet Spengler Neff¹

¹FiBL Frick, Fachgruppe Tierhaltung, Ackerstrasse 21, 5070 Frick

²ETH Zürich, Institut für Agrarwissenschaften, Universitätstrasse 2, 8092 Zürich

In der Studie wurde untersucht, wie sich eine Handling Methode (basierend auf TTouch[®]) auf extensiv gehaltene Limousin Kreuzungstiere (15 Monate alt) auswirkt. Vor Beginn des Handlings wurde der erste Ausweichdistanztest (AWD-Test) durchgeführt. Anhand dieser Ergebnisse wurden zwei Gruppen mit jeweils ähnlichen Ausweichdistanzen gebildet: eine Handlinggruppe (HG = 1♀, 4♂) und eine Kontrollgruppe (KG = 2♀, 3♂). Das "head-neck region Handling" wurde 10-mal für je 8 min innerhalb von 5 Wochen vor der Schlachtung durchgeführt und beinhaltete die Anwendung der TTouch[®] Methode an der Kopf-Hals Region der Tiere. Ein zweiter AWD-Test wurde nach allen Handlingssessions, kurz vor dem Schlachttermin durchgeführt. Blutserumproben wurden während des Entblutens am Schlachthof gesammelt und anschliessend hinsichtlich der Konzentrationen von Cortisol, Glukose und Laktat analysiert. Fleischproben des *M. longissimus dorsi* wurden nach drei Wochen Reifung hinsichtlich Fleischqualitätsparameter (Scherkraft, Garverlust, Fleischfarbe) untersucht. Die Daten wurden mit einem zweiseitigen Mann-Whitney-U-Test (exakt statistisch überprüft) untersucht. Unterschiede zwischen dem ersten und dem zweiten AWD-Test waren tendenziell grösser bei den Tieren der Handling Gruppe ($W = 67$, $P = 0.056$). Die Ausweichdistanz war bei den HG Tieren im zweiten AWD-Test geringer (mean = 70 cm, SE = 58.31) als bei KG Tieren (mean = 160 cm, SE = 62.29; $p < 0.05$). Bei der Analyse der Blutparameter, der Fleischfarbe und den Garverlusten wurden keine Unterschiede zwischen den beiden Gruppen gefunden. Die Scherkraft war jedoch tendenziell geringer bei HG Tieren ($W = 4$, $P < 0.1$; mean = 28.71 N, SE = 0.29) als bei KG Tieren (mean = 30.66 N, SE = 0.79). Ein positives Handling, 12 Wochen vor der Schlachtung bei extensiv gehaltenen Tieren angewandt, resultiert in einer verminderten Ausweichdistanz und in tendenziell zarterem Fleisch.

31 Perforierte Liegeflächen in der Mastschweinehaltung

Beat Wechsler¹⁾, Roland Weber²⁾

¹⁾ Bundesamt für Veterinärwesen, Zentrum für tiergerechte Haltung: Wiederkäuer und Schweine, CH-8356 Ettenhausen

²⁾ Forschungsanstalt Agroscope Reckenholz-Tänikon ART, Zentrum für tiergerechte Haltung: Wiederkäuer und Schweine, CH-8356 Ettenhausen

Seit der Revision der Tierschutzgesetzgebung 2008 sind in der Schweinehaltung Liegeflächen mit einem geringen Perforationsanteil zum Abfliessen von Flüssigkeiten zugelassen. Für bestehende Mastschweineeställe darf dieser Perforationsanteil maximal 5 % betragen. Ziel der in Zusammenarbeit mit der Suisseporcs durchgeführten Untersuchung war es, die Eignung von Liegeflächen mit einem geringen Perforationsanteil bezüglich Verschmutzung von Buchten und Tieren abzuklären. Dazu wurden auf vier Praxisbetrieben mit Vollspaltenbuchten Liegeflächen mit unterschiedlichen Perforationsanteilen und aus verschiedenen Materialien eingebaut. Es handelte sich dabei um Betonroste mit 5 %, 6 %, 6,4 % und 8 %, Gummimatten mit 5 % und 10 % sowie Click In (Kunststoffelemente zum Verschliessen von bestehenden Spalten) mit 5 % Perforationsanteil. Die Betriebsleiter selbst und ein Mitarbeiter der ART beurteilten die Sauberkeit der Böden und Tiere in periodischen Abständen während einem Jahr.

Die Ergebnisse der Untersuchung zeigen auf, dass die Liegeflächen und die Tiere umso stärker verschmutzt waren, je tiefer der Perforationsanteil war. In Buchten mit dem Bodentyp Gummimatte 10 % war die Verschmutzung der Liegeflächen und der Tiere auf einem ähnlichen Niveau wie in Buchten mit Vollspaltenböden. Auch auf Böden mit einem Perforationsanteil von 5 % war die Verschmutzung der Liegeflächen und der Tiere in der Gesamtbeurteilung auf einem Niveau zwischen „sauber“ und „wenig verschmutzt“. Der in der Tierschutzgesetzgebung vorgegebene maximale Perforationsanteil von 5 % führte somit nicht zu einer Verschmutzung, die unter dem Gesichtspunkt des Tierwohls als inakzeptabel zu beurteilen ist.

32 Inheritance mechanisms of receptor(s) for Enterotoxigenic *Escherichia coli* fimbriae F4ad (F4adR) in the pig

Rampoldi A¹, Bertschinger HU¹, Bürgi E², Dolf G³, Vögeli P¹, Neuenschwander S¹

¹Institute of Agricultural Sciences, ETH Zurich, 8092 Zurich, Switzerland, ²Department of Farm Animals, University of Zurich, 8057 Zurich, Switzerland, ³Institute of Genetics, University of Berne, 3012 Berne, Switzerland

Association to host surface is an essential requirement for successful induction of disease by a variety of pathogens. Enterotoxigenic *E. coli* (ETEC) is the major cause of diarrhoea among piglets. The bacteria adhere to the enterocytes by adhesive fimbriae. Fimbrial type F4 is one of the most prevalent in the world. This type of fimbriae is not homogenous, F4 shows three antigenic variants, F4ab, F4ac and F4ad. In pigs the resistant or susceptible phenotypes for ETEC F4ac are inherited as a monogenetic trait, the susceptible allele being dominant over the resistant one. The receptor for ETEC F4ac, or a closely linked receptor, binds ETEC F4ab as well. The inheritance of the receptor(s) for ETEC F4ad (F4adR) is not well understood. The F4adR is inherited independently from the receptors for ETEC F4ab and ETEC F4ac (F4ab/acR). Unlike F4ab/acR, pigs can be partially susceptible to ETEC F4ad, the ETEC shows weak adhesion, binding only to some of the enterocytes in the adhesion tests. The existence of two or more receptors for ETEC F4ad on the brush borders could explain why pigs can be resistant (R), fully susceptible (E1) or only partially susceptible (E2). From an experimental herd at the University of Zurich, a total of 489 pigs, divided in seventy-two litters, were tested to determine the phenotypes for ETEC F4ad. Statistical analyses were performed on the data obtained, at the Institute of Genetics in Berne, with software Pedigree Analyses Package 4.0 to create possible models of inheritance for ETEC F4ad receptor(s). Results indicate that the E1 phenotype may be encoded by two complementary or epistatic genes, while the E2 phenotype is inherited as a dominant monogenetic trait.

33 Zuchtwertschätzung für Milchleistungsmerkmale für die Rasse Eringer

*Madeleine Berweger, Timothée Neuenschwander
Qualitas AG, Zug*

Bis anhin wurden bei der Rasse Eringer für die Produktionsmerkmale (Milch kg, Fett kg und %, Eiweiss kg und %) um gewisse fixe Effekte korrigierte phänotypische Werte publiziert. Um den Züchtern bessere Grundlagen für die züchterischen Entscheide zu liefern, wurde in einem Projekt der ASR ein Auswertungssystem entwickelt, das dem aktuellen internationalen Standard entspricht. Ein weiteres Ziel des Projektes war es, eine genetische Auswertung einzuführen, die den spezifischen Gegebenheiten der Rasse Eringer gerecht wird. Dies sind unter anderem die sehr kurzen Standardlaktationen (240 Tage) sowie die starke Verbreitung der Alpeng. Analog zu den anderen Milchviehassen in der Schweiz wurde ein Mehrmerkmals-Random Regression-Testtagsmodell gewählt (RRTDM). Dabei werden die folgenden Effekte berücksichtigt: Herdentesttag (alle Laktationen); fixe Laktationskurven abhängig von Laktationsnummer, Alter, Kalbejahr und Kalbesaison; permanente Umwelt und der Tiereffekt. Die Heritabilitäten für die Laktationsleistung (240 Tage) liegen zwischen 0.33 (Fett 3. Laktation) und 0.44 (Milch 2. Laktation), wobei die Werte in den höheren Laktationen tiefer sind als in den ersten zwei Laktationen. Die genetischen Korrelationen zwischen Milch erste und höhere Laktationen liegen im Bereich von 0.62 bis 0.79. Die Einzeltageszuchtwerte werden über 240 Tage zu Laktationszuchtwerten aufsummiert, und diese über die drei ersten Laktationen mit je 1/3 Gewicht zu den Merkmalszuchtwerten zusammengefasst. Die Zuchtwerte werden auf einer gleitenden Basis, gebildet durch die 6- bis 8-jährigen Kühe, publiziert. Die Auswertungen finden zwei Mal jährlich im Februar und August statt.

Die Korrelationen zwischen dem bisherigen Selektionsindex und dem neuen RRTDM-Zuchtwert liegen mit Werten von 0.61 bis 0.65 in einem Bereich, der für Beziehungen zwischen phänotypischen und genetischen Werten erwartet werden kann.

34 New genetic evaluation for fertility in Brown Swiss cattle in Switzerland

*Gredler, B. and Schnyder, U.
Qualitas AG, Chamerstrasse 56, 6300 Zug, Switzerland*

Poor reproductive performance is the main reason for involuntary culling in Brown Swiss cattle in Switzerland. 28 % of all cullings can be attributed to impaired fertility. Poor fertility in dairy herds results in additional costs for e.g. additional inseminations and veterinarian treatments of reproductive disorders. To improve fertility we evaluated new fertility traits for routine genetic evaluation in Brown Swiss cattle in Switzerland. The current genetic evaluation for fertility includes non return rate after 56 days in cows (NR56C) and days to first service (DFS) to measure reproductive performance of cows. However, due to the complexity of fertility, additional traits should be considered in genetic evaluations. In addition to NR56C and DFS, NR56 in heifers (NR56H), interval between first and last insemination in heifers (IFLH) and cows (IFLC) were investigated. Heritabilities and genetic correlations between the five fertility traits were estimated in various bi- and multivariate runs using REMLF90. The data set comprised 27,352 and 61,092 inseminations of heifers and cows, respectively. Depending on trait, the model included the fixed effects of month*year of insemination, month*year of calving, number of lactation, code of insemination and the random effects of herd*year of insemination, sire*semen batch number, inseminator*year of insemination, additive genetic effect of animal, permanent environmental effect and residuals. Heritabilities for all fertility traits were low and ranged between 0.015 for IFLH and 0.063 for DFS. Genetic correlations between fertility measured in heifers and cows were 0.48 and 0.49 for NR56 and IFL, respectively. This result indicates that heifer and cow fertility are genetically different traits. Genetic correlations between NR56 and the new trait IFL were -0.51 and -0.62 for heifers and cows, respectively. These correlations illustrate that IFL covers additional aspects of the complex trait fertility. First results show that the new breeding value estimation based on five fertility traits results in higher reliability of breeding values for fertility.

35 Pyrrolizidine Alkaloids in Honey from Switzerland

Christina Kast¹⁾, Arne Dübecke²⁾, Verena Kilchenmann¹⁾, Katharina Bieri³⁾, Gudrun Beckh²⁾ und Cord Lüllmann²⁾

¹⁾ Bee Research Centre, Agroscope Liebefeld-Posieux Research Station ALP, 3003 Berne, Switzerland

²⁾ Quality Services International GmbH (QSI), Flughafendamm 9a, 28199 Bremen, Germany

³⁾ Biological Institute for Pollen Analysis, Talstrasse 23, 3122 Kehrsatz, Switzerland

Studies on honey of various provenance have shown that honey may contain pyrrolizidine alkaloids (PAs) and therefore can be a potential health risk for consumers. To assess the contamination of Swiss honey with PAs, we analyzed 69 honeys of the production years 2009 and 2010. The honeys were collected from diverse climatic areas of Switzerland, including regions north and south of the Alps as well as the alpine regions. The honeys were of various botanical origins, mainly of polyfloral and honeydew types. The PA concentration was determined by target analysis using an HPLC-MS/MS-system, allowing the detection of 18 different PAs and PA-N-oxides that have been found mainly in the genera *Echium*, *Eupatorium* and *Senecio*. Qualitative (DIN 10760:2002-05, Berlin) and quantitative pollen analysis confirmed the presence of *Echium* pollen in PA positive samples.

Our study suggests, that PAs are found more frequently in honeys from Swiss alpine regions and areas south of the alps as compared to honeys from areas north of the Alps. The highest concentration of PAs was found in a honey from Ticino, the area south of the Alps. All the other positive honeys contained PAs at concentrations below 21 µg/kg, the limit recommended by the German Federal Institute for Risk Assessment.

Therefore, honeys produced in Switzerland normally have no elevated risk for the consumers.

36 Traçabilité analytique de la viande bovine produite en montagne

Pierre-Alain Dufey Station de recherche Agroscope Liebefeld-Posieux ALP-Haras

Des travaux précédents ont montré qu'une alimentation à base d'herbe peut se refléter dans la composition lipidique du muscle chez le bovin de la race d'Hérens et constituer un lien au terroir. Les acides gras peuvent être utilisés comme des biomarqueurs.

Les buts de cette étude étaient 1) d'étudier les effets du type génétique et du sexe sur la composition lipidique du muscle sur des pâturages de plaine ou de montagne 2) d'évaluer la robustesse de la discrimination obtenue dans la première étude à l'aide d'analyses multivariées en y ajoutant les animaux de cette étude avec leurs effets ainsi qu'un lieu de production supplémentaire. Pour réaliser cette étude 1) un profil des acides gras, incluant 14 acides linoléiques conjugués (CLA), a été réalisé dans le muscle *Longissimus thoracis* de 36 bouvillons et génisses des races Hérens (type rustique), Angus (type engraissement) et Holstein (type laitier). Les animaux ont effectué une saison complète de pâture en plaine à 650 m (Posieux, FR) ou en montagne à 1800 m d'altitude (Le Larzey, VS) 2) une analyse factorielle discriminante a été réalisée avec les groupes suivants : pâture montagne Jura 1200m – pâture montagne Valais 1200m – pâture montagne Valais 1800m – pâture plaine Posieux – Témoin intensif sans accès à la pâture. Ce dernier groupe a été engraisé intensivement avec une ration composée d'un mélange d'ensilages de maïs et de luzerne. Les résultats obtenus ont montré 1) que le profil des acides gras varie selon le type de bovins, la race d'Hérens se distinguant la plupart du temps des autres races et que l'effet sexe est peu marqué 2) que malgré l'augmentation de la variabilité, due aux effets types de bovins et sexes, le modèle est suffisamment robuste pour établir une réattribution correcte à 100% des 124 animaux selon le lieu de production (n=5). Une démarche similaire a été faite avec le même succès pour discriminer les animaux ayant consommé de l'herbe ou non, de l'herbe avec des céréales ou non.

Ces résultats confirment la pertinence de l'utilisation des acides gras comme biomarqueurs permettant de les utiliser comme indicateurs de la consommation d'herbe et comme moyen de traçabilité en relation avec un lieu de production.

37 Selection strategies against boar taint in a Swiss pig sire line

Haberland A.M. and Simianer H., Department of Animal Sciences, Georg-August University, Goettingen, Germany; Luther H. and Hofer A., SUISAG, Allmend 8, CH-6204 Sempach, Switzerland; Spring P., Bern University of Applied Sciences, Länggasse 85, CH-3052 Zollikofen, Switzerland; Baes C., ETH Zürich, Institute of Agricultural Sciences, Tannstrasse 1, CH-8006 Zürich, Switzerland

Until recently, surgical castration as a reliable means for producing meat free of boar taint has been common practice in European pig production. A ban on surgical castration, including that performed using anesthesia or analgesia, will likely be anchored in the legislation of many European countries in the foreseeable future; feasible alternatives are required as soon as possible.

The aim of this study was to model a terminal sire line breeding program in order to assess the potential of selection against boar taint using different breeding goals (Human Nose Score HNS or chemical compounds) by selection index calculations. The Swiss terminal sire line PREMIO[®] was used as an example for comparing the information sources: (i) biopsy-based performance testing (BPT) of live boars; (ii) assessment of HNS on station; and (iii) genomic selection.

Due to high heritabilities, natural genetic gain was highest when breeding for the main chemical components responsible for boar taint (androstenone, skatole and indole) conducting BPT. Genomic information of young selection candidates adds little to natural genetic gain and is costly. Even if HNS is considered the target trait, the (correlated) natural genetic gain in HNS was highest when breeding for chemical compounds. Concerning BPT, the amount of AND (SKA, IND) could be halved within 9 (7, 11) years.

38 Bewertung der Schweinefettqualität bei Einzeltieren mit NIRS

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

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

Die Zucht auf einen geringen Fettanteil in Schweinschlachtkörpern führte zu einem proportionalen Anstieg an mehrfach ungesättigten Fettsäuren (PUFA). Ein hoher Anteil an PUFA kann zu Problemen mit der Oxidationsstabilität führen. Für einen kernigen Speck ist zudem ein Mindestgehalt an gesättigten Fettsäuren (SFA) notwendig. Die Zusammensetzung des Fettes ist nicht nur von der Fütterung abhängig: Aus der Literatur sind hohen Heritabilitäten für die Fettsäurenanteile im Speck bekannt. Eine Verbesserung der Fettqualität durch die Zucht erscheint daher möglich. Dafür braucht es aber effiziente Messmethoden.

An der MLP Sempach wurden auf Basis der Nah-Infrarot-Spektrometrie (NIRS, NIRFlex N-500, Büchi, Flawil) zwei Methoden entwickelt, die einen unterschiedlichen Aufwand der Aufbereitung des Rückenspeckes erfordern. Zum einen wurde mit einem Lichtleiter (Fibre-Optic-Probe, FOP) Scans direkt an der Oberfläche unter der Schwarte des Rückenfettes, das bei 120 Schweineschlachtkörpern zwischen der 4. und 3. Rippe entnommen wurde, aufgenommen. Dieses Rückenfett wurde anschliessend grob homogenisiert und in einer optischen Küvette mit der Solid Messzelle (XL) gescanned. Als Referenzwerte für Kalibrationen dienten die durch Gaschromatographie ermittelten Fettsäurenmuster. Die FOP-Methode ergab im unabhängigen Validationsdatensatz für PUFA und SFA Bestimmtheitsmasse von 0.92 bzw. 0.85 und Standardfehler von 0.47 bzw. 0.69 %-Punkten und damit brauchbare Kalibrationen. Die XL-Methode ergab bessere Kalibrationen ($R^2=0.97$ bzw. 0.94 ; $SEP=0.28$ bzw. 0.49), erfordert aber einen erheblich grösseren Arbeitsaufwand.

In einer laufenden Untersuchung werden mit diesen beiden Methoden die PUFA- und SFA-Anteile im Rückenspeck von MLP-Prüftieren gemessen, um die Grundlage für Varianzkomponentenschätzungen zu schaffen, anhand derer dann eine abschliessende Beurteilung der Möglichkeiten zur züchterischen Verbesserung der Schweinefettqualität erfolgen kann.

39 Influence of hay rich in sugar on the ruminal microbial profile and the physiological processes in the rumen wall of dairy cows

Ineichen, S.^{1,2}, Munger, A.¹, Zeitz, J.O.², Silacci, P.¹, Dohme-Meier, F.¹

¹Research Station Agroscope Liebefeld-Posieux ALP-Haras

²ETH Zurich, Institute of Agricultural Sciences

The effects of 2 hays differing in their level of water soluble carbohydrates (350 g/DM kg (WSC⁺) vs. 130 g/kg DM (WSC⁻)) were investigated on milk yield, ruminal fermentation and differences in gene expression of transport proteins in the rumen wall when fed in a diet with 30% concentrate to 8 ruminal cannulated Holstein cows (milk yield: 40 kg/d). The experiment was designed as a cross over study with 2 experimental periods each consisted of a 14-d adaptation and a 7-d collection period. During each collection period milk yield was recorded daily and ruminal pH was measured continuously over 2 × 3 d. Ruminal fluid and papillae were sampled on 2 d. At similar DM intake WSC⁺ cows ingested, as expected, more ($P<0.01$) WSC (6.23 vs. 2.37 kg/kg DM) and produced more ($P=0.01$) milk with a higher ($P<0.01$) protein but similar fat content than WSC⁻ cows. The 24 h pH nadir was lower ($P=0.02$) in WSC⁺ cows (5.19 vs. 5.28) compared to the WSC⁻ cows, but time periods below ruminal pH threshold values of 5.8, 5.5 and 5.2 did not differ. Feeding WSC⁺ hay increased ruminal populations of lactate producing bacteria *S. bovis* ($P<0.01$), *Lactobacillus* ($P<0.01$) and the lactate consuming *M. elsdenii* ($P=0.02$) and decreased the populations of fibrolytic bacteria *F. succinogenes* ($P<0.01$) and *R. albus* ($P<0.01$). Concomitantly, ruminal lactate concentration was higher ($P=0.02$) in WSC⁺ cows compared to WSC⁻ cows. Furthermore, ruminal acetate concentration decreased ($P<0.01$) in favor of those of propionate and butyrate when WSC⁺ hay was fed. The sodium proton exchangers 1 and 3 (NHE-1/3) and the monocarboxylate transporter (MCT-1) were not affected by WSC intake. In conclusion higher intake of WSC altered the ruminal microbial profile and the pattern of fermentation which resulted in a higher milk yield. The increasing population of *M. elsdenii* indicates that the microbial community can contribute to the internal pH regulation capacity.

40 Einfluss von zuckerreichem Grunfutter auf das Fettsaurenmuster der Milch

U. Wyss und A. Munger, Agroscope Liebefeld-Posieux ALP-Haras

Je nach Wachstumsbedingungen konnen Graser ausserordentlich reich an loslichen Kohlenhydraten („Zucker“) sein. Ein erhohter Zuckergehalt kann zu einer Pansenazidose fuhren. Ob er auch das Fettsaurenmuster in der Milch beeinflusst, wurde in einem Versuch untersucht.

Im Fruhling 2010 wurde ein 2 × 2 cross-over Versuch mit 8 pansenfistulierten Kuhen angelegt. Die Versuchsration bestand aus taglich frisch geschnittenem Grunfutter von zwei unterschiedlichen Wiesenbestanden. Die Variante KH+ war ein Reinbestand aus italienischem Raigras. Die Variante KH- war ein Mischbestand aus Grasern, Klee und Krautern. Die beiden Erhebungsperioden dauerten jeweils zwei Wochen, mit einer Adaptation von je einer Woche vor Versuchsbeginn bzw. nach dem Wechsel der Versuchsvarianten. Von beiden Bestanden wurde zunachst Futter vom ersten und anschliessend vom zweiten Aufwuchs verfuttert.

Die Versuchsvarianten unterschieden sich deutlich bezuglich der analysierten Gehalte an wasserloslichen Zuckern im Grunfutter. Diese betrug 249 und 223 g/kg TS fur die Variante KH+ und 151 und 130 g/kg TS fur die Variante KH- fur die beiden Versuchsperioden. Die verzehrten Mengen an Grunfutter unterschieden sich nicht zwischen den Varianten. Sie betrug fur KH+ 18.4 und fur KH- 18.7 kg TS/Tag. Die durchschnittliche Milchproduktion lag fur KH+ bei 16.5 und fur KH- bei 16.3 kg/Tag. Der Fettgehalt war bei der Variante KH+ mit 4.4 % tiefer als bei der Variante KH- mit 4.6 %.

Die Variante KH+ wies im Durchschnitt 60.3, 23.4 und 3.7 g/100 g Fett an gesattigten, einfach und mehrfach ungesattigten Fettsauren auf. Bei der Variante KH- waren die Gehalte an gesattigten FS tiefer (58.8 g) und an ungesattigten FS hoher (25.4 und 4.1 g/100 g Fett) als bei der Variante KH+. Die CLA-Gehalte (0.7 bzw. 1.0 g) waren bei der Variante KH+ signifikant tiefer. Keine signifikanten Unterschiede gab es bei den Omega-3 Fettsauren, mit Gehalten von 1.5 bzw. 1.6 g/100 g Fett.

41 Differential susceptibility of drone vs. worker honey bees to *Nosema ceranae* and BQCV infections?

Gina Tanner*, Geoff Williams, Marion Mehmman, Peter Neumann

Swiss Bee Research Centre, Agroscope Liebefeld-Posieux Research Station ALP-Haras, Bern, Switzerland, *gina.tanner@alp.admin.ch

In honey bee health research, the vast majority of studies focuses on workers, although sexuals play a key role for colony functionality. In particular, males have been neglected. Here, we evaluated the susceptibility of drones and workers to infections with the microsporidian *Nosema ceranae* and/or Black queen cell virus (BQCV) in a fully-crossed hoarding cage experiment. While the association between BQCV and *N. apis* has been reported, it is not known if such a relationship also exists between this virus and *N. ceranae*. Callow individuals were inoculated with *N. ceranae* spores and with BQCV seven days later, hypothesizing that *Nosema* parasitism may damage the midgut, thereby promoting virus infections. In addition to monitoring mortality for 14 days, we compared infection levels of both pathogens. The data suggest that oral inoculations of both groups with *N. ceranae* and/or BQCV were successful. Unlike workers that showed no differences in mortality among infections, *Nosema*-infected drones showed a significantly higher mortality, suggesting a higher susceptibility of males.

42 Untersuchungen zur partiellen Substitution von Fischmehl in der Diät von Regenbogenforellen (*Oncorhynchus mykiss*)

Andrea Buser^{a,b}, Jens Wohlfahrt^a, Timo Stadlander^a, Michael Kreuzer^b, Andreas Stamer^a

^aFiBL Schweiz, Abteilung Aquakultur, Ackerstrasse 21, 5070 Frick

^bETH Zürich, Institut für Agrarwissenschaften, Universitätstrasse 2, 8092 Zürich

Karnivore Fischarten wie die Regenbogenforelle (*Oncorhynchus mykiss*) sind in der Aquakultur in Binnenländern von grosser Bedeutung. Fischmehl aus Hochseefischerei stellt immer noch den wichtigsten Proteinlieferanten für deren Futter dar. Der Ersatz von Fischmehl mit Weizen oder Sojaextraktionsschrot konkurriert jedoch direkt mit der menschlichen Ernährung, weshalb nach Alternativen gesucht wird. Dabei haben die Larven der subtropischen, praktisch weltweit verbreiteten Fliege *Hermetia illucens* grosses Potenzial. Sie werden als Nahrungsquelle für Menschen bislang nicht genutzt. Die Larven wachsen auf jeglicher organischer Substanz, was sie ideal zur Nutzung der Abfälle aus der Lebensmittelherstellung macht. Ein weiterer Vorteil für den Einsatz als alternative Proteinquelle ist das hervorragend geeignete Aminosäureprofil des letzten Larvenstadiums von *H. illucens*. In einem siebenwöchigen Fütterungsversuch mit Regenbogenforellen (*O. mykiss*) in einer Schweizer Biofischzucht wurde im Versuchsfutter ein Anteil von 47% des Fischmehls durch getrocknetes Larvenmehl ersetzt. Das entspricht 28% der gesamten Ration. Die Kontrollgruppe erhielt das Futter mit dem vollen Anteil an Fischmehl. Von anfänglichen 67 g wuchs die Versuchsgruppe mit einem Futterverwertungsquotienten von 1.06 auf 129 g (+93%), die Kontrollgruppe auf 130 g (+95%). Sie wies eine Futterverwertung von 0.93 g Futter/g Körperansatz auf. Dies und weitgehendes Fehlen von grösseren Gruppenunterschieden in morphometrischen Parametern und der Nährstoffzusammensetzung der Fische zeigt, dass das Insektenmehl grundsätzlich vielversprechend für einen Teilersatz von Fischmehl ist. Dass in der sensorischen Qualität der Filets für den Konsumenten kein Unterschied besteht, konnte mit einer Degustation gezeigt werden.

43 Effekte des Durchmelkens auf endokrine Profile während der Lactogenese und auf den IgG-Gehalt im Kolostrum von Milchkühen

RS Zbinden¹, HA van Dorland¹, G Rummelink³, B Kemp², ATM van Knegsef², RM Bruckmaier¹

¹Abteilung Veterinär-Physiologie, Universität Bern, Bern, Schweiz; ²Adaptation Physiology Group, Wageningen University, Wageningen, The Netherlands; ³Livestock Research, Wageningen University and Research Centre, Lelystad, The Netherlands.

Durchmelken anstatt Trockenstellen von Milchkühen kann die metabolische Belastung in der Früh-laktation reduzieren. Es ist aber zu vermuten, dass die Qualität des Kolostrums darunter leidet. Das Ziel dieser Studie war, die Effekte des Durchmelkens auf die Progesteron- und Prolaktinspiegel während der Laktogenese und den IgG-Gehalt von Kolostrum zu untersuchen. Zwanzig Holstein-Friesian Milchkühe wurden zufällig 2 Gruppen zugeordnet (0 oder 60 Tage trockengestellt; DRY0 oder DRY60). Die Milchmenge wurde täglich erfasst. Die Konzentration von Prolaktin und Progesteron im Plasma wurde 5 Tage vor, bis 3 Tage nach der Geburt bestimmt. Die Milchproben für die Analyse von IgG wurden 7 Tage vor bis 3 Tage nach der Geburt bei DRY0, und am Tage 0 bis 3 Tage nach der Geburt bei DRY60 entnommen. Prolaktin stieg in beiden Gruppen einen Tag vor der Geburt signifikant an, und unterschied sich nicht zwischen den Gruppen. Progesteron fiel vorgeburtlich ab und DRY0 unterschied sich von DRY 60 nur durch einen signifikant stärkeren Abfall des Progesteronspiegels am Tage vor der Geburt. Dies könnte auf einen schnelleren Abkalbeprozess von DRY0 deuten. Ein Anstieg von IgG in der Milch in DRY0 begann 6 Tage vor der Geburt. Die IgG Konzentration im Kolostrum war am Tag 0 nicht signifikant zwischen den Gruppen verschieden, und sank bis zum Tag 3 gleichermassen in beiden Gruppen ab. Die ermolzene IgG Masse war wegen der höheren Milchproduktion von DRY60 jedoch signifikant höher als in DRY0.

Die Konzentrationsprofile von Prolaktin und Progesteron sowie die Kolostrumqualität werden durch die fehlende Trockenzeit nicht beeinträchtigt. Es darf vermutet werden, dass Oxytocin, ausgeschüttet durch den Melkvorgang, die Geburt beschleunigt.

44 DWV clinical symptoms are predictive markers for colony losses

Benjamin Dainat^{a,b*}, Peter Neumann^{a,c}

^bUSDA-ARS Bee Research Laboratory, Beltsville, Maryland, USA

^cDepartment of Zoology and Entomology, Rhodes University, Grahamstown, South Africa

The association between the ectoparasitic mite *Varroa destructor* and deformed wing virus (DWV) is detrimental for *Apis mellifera* colony health, but virus analyses in the laboratory are time and cost intensive. Most of the colony losses occur in winter. Here we tested whether workers displaying DWV clinical symptoms can be used as reliable predictive field markers for colony losses providing a tool for beekeepers and stakeholders to estimate the viability of a colony before entering winter. In fall and winter 2007/2008, *A. m. carnica* workers with apparent wing deformities were counted daily in traps installed on 29 queenright colonies. The data clearly show that the numbers of workers with DWV clinical symptoms can be used as reliable field markers for colony losses with an even stronger predictive value than the sheer *V. destructor* numbers (Dainat and Neumann, 2012). Colonies which later died had a significantly higher proportion of workers with wing deformities than did those which survived. There was a significant positive correlation between *V. destructor* infestation levels and the number of workers displaying deformed wings. Based on field experience, colony size remains the most powerful predictive marker suggesting beekeepers should overwinter only strong colonies to minimize losses. The results are further supporting that the vector capacity of the mite for honey bee viruses constitutes a central mechanism for colony death. The impact of viruliferous mites is quantifiable in the field by simply counting workers with the obvious wing deformities.

45 Host factors influence the honeybee gut microbiota

Laurent Gauthier^a, Jérôme Hamelin^b, Anaïs Bonafous^b and Jean-Jacques Godon^b

^a Swiss Bee Research Centre, Agroscope Liebefeld-Posieux Research Station ALP, 3003 Bern, Switzerland

^b Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement, INRA & Montpellier Supagro, Avenue des Etangs. 11100 Narbonne, France

Animals' gut's (or digestive tracts) are consistently colonized by a consortium of symbiotic microorganisms which, in addition to their importance for nutrition, constitute the first barrier encountered by pathogens before they get access to the gut epithelial cells. Since bee colonies display different disease sensibility levels, we wondered to which extent such microbial communities vary from one colony to another, and how bee genotype may influence the structure of this microbiota.

46 *Varroa destructor* overrides all others

Marion Mehmann, Geoff Williams, Gina Tanner, Peter Neumann

Swiss Bee Research Centre, Agroscope Liebefeld-Posieux Research Station ALP-Haras, Bern, Switzerland; Institute of Bee Health, Vetsuisse Faculty University of Bern, Switzerland

Chronic, sublethal exposure to pesticides is believed to affect honey bee (*Apis mellifera*) colony health. Here we investigated possible effects of two common pesticides – the insecticide thiacloprid and the miticide tau-fluvalinate – on the strength and survival of *Varroa destructor* infested colonies.

From May to September 2011, 16 queenright colonies were continuously exposed to one of the following treatments: Control; Tau-fluvalinate; Thiacloprid and tau-fluvalinate, Thiacloprid. Adult bee populations were quantified using the Liebefelder method in May before the treatments, September and October. Infestation levels with *Varroa destructor* were quantified using mite washes. Routine *Varroa* treatments (oxalic & formic acid) were performed before and during the experiment.

Colonies exposed to tau-fluvalinate had increased adult bee populations, lower mite infestation levels and reduced mortality; whereas, exposure to thiacloprid had no significant influence. Our results suggest that parasitism by *V. destructor* has a greater influence on adult bee population size and colony mortality than does chronic, sublethal doses of the tested pesticides. However, high levels of *V. destructor* may have masked the pesticides' effects.