



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

# Frühjahrstagung 2015

*Aktuelle Forschung in der Schweiz im Bereich Tierproduktion*

**Donnerstag, 9. April 2015**

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

## Zusammenfassungen der Poster

Das Verzeichnis der Zusammenfassungen ist nach Nutztierart geordnet.

Die Zusammenfassungen der Poster sind nach Poster-Nummer geordnet.

# Verzeichnis der Zusammenfassungen

## Rind - Milch

Nr.	Poster	Seite
1	Genetic Analysis of Hyperthelia in Brown Swiss Cattle	1
5	Zwei Methoden der Körperkonditionsbeurteilung beim Milchvieh im Vergleich	3
11	Inzuchtentwicklung in Schweizer Milchrinderpopulationen	6
12	Effekte des Fütterungsmanagements auf Fress- und Wiederkäuerverhalten von Milchkühen im Tagesverlauf	6
14	Use of infrared thermography as a non-invasive diagnostic tool for early detection of Digital Dermatitis in dairy cows	7
15	Effect of preventive claw trimming on claw temperature of dairy cows	8
16	Development and validation of a novel algorithm to quantify the walking behavior of dairy cows with the aid of a three-dimensional accelerometer	8
19	Using whole genome sequence data for across-breed imputation in dairy cattle	10
20	Welche Genregionen beeinflussen die Unterkieferverkürzung beim Braunvieh?	10
27	Optimising slaughter yields by selective crossbreeding of beef and dairy cattle	14
28	Analyse der rätschen Grauviehpopulation in der Schweiz	14
29	Einfluss von Brown Swiss Genetik und Weidegang auf die Fettsäurezusammensetzung von Kuhmilch	15
30	Genotypfrequenzen von Kappa-Kasein und bekannten Erbfehlern in Schweizer Milchrinderrassen	15
31	Genetische Diversität bei Schweizer Rinderrassen	16
35	Genome-wide association analysis of fertility traits in Swiss dairy cattle	18
37	Marker chromosomes and their possible role in bovine fertility	19

## Rind - Fleisch

Nr.	Poster	Seite
17	Projet Lactobeef : Ingestion du petit-lait et performances zootechniques	9
24	Projet Lactobeef : ingestion de petit-lait et émissions de méthane entérique chez des bovins au pâturage	12
25	Validierung populationsübergreifender, genomischer Zuchtwerte am Beispiel von Schweizer Limousin Fleischrinder	13
26	Vergleich von Schlachtleistungsmerkmalen bei Schweizer Fleischrinderrassen	13

## Schwein

Nr.	Poster	Seite
2	Entwicklung und Stand der Genetik von Schweizer Mastschweinen	1
3	Auswirkungen der mutterlosen Aufzucht auf das Verhalten der Ferkel	2
4	At-Line Use of Raman Spectroscopy to predict Pork-Quality Traits	2
6	Genomisch optimierte Zuchtwertschätzung für Reproduktionsmerkmale beim Schwein	3
7	Zearalenon im Harn als Indikator für die Aufnahme dieses Mykotoxins durch das Schwein	4
10	Einfluss von Diätfütterung bei Absetzferkeln auf Durchfallhäufigkeit und Wachstum	5
13	Einfluss des Geschlechtes auf den N-Gehalt des Leerkörpers und die N-Effizienz beim Schwein	7
23	Bestimmung der Schweinefettqualität für die Zuchtwertschätzung	12
33	Evaluierung von Serum-Methylmalonsäure und Homocystein-Konzentrationen bei Schweinen zwischen der 6. und 26. Lebenswoche	17
34	Association Studies on Boar Taint in a Swiss Sire Line	17
38	Re-sequencing of the F4ab / F4ac receptor candidate region in pig	19

## Ziege

Nr.	Poster	Seite
22	Die Genetische Vielfalt Schweizer Ziegenrassen	11

## Pferd

Nr.	Poster	Seite
8	Slow feeding Systeme für Pferde: Verlangsamt ein Netz über dem Futter die Futteraufnahme?	4
9	Heritabilities of health traits in Swiss Warmblood horses	5
18	Neue Varianzkomponenten für die Zuchtwertschätzung beim Freiburger Pferd	9
21	HMGA2 ist mit der Widerristhöhe beim Shetland Pony assoziiert	11
36	Cytogenetic analyses in nine mares with fertility problems	18

## Bienen

Nr.	Poster	Seite
32	Genetische Analyse der Schweizer Honigbienenpopulationen mittels Genomsequenzierung	16

## Verschiedene Nutztierarten

Nr.	Poster	Seite
39	Ethnoveterinärmedizinische Forschung in Europa und der Schweiz	20

## 1 Genetic Analysis of Hyperthelia in Brown Swiss Cattle

Adrien Butty<sup>1</sup>, Jürg Moll<sup>2</sup>, Stefan Neuenschwander<sup>1</sup>, Christine Baes<sup>1,2</sup>, Franz Seefried<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Einheit für Tiergenetik, ETH, Zürich

<sup>2</sup>Qualitas AG, 6300 Zug

Supernumerary teats (SNT) – or hyperthelia – are any abnormal morphological phenotype other than the given value of 4 functional teats on a cow's udder. SNT vary in the extent to which they are developed, from rudimentary epithelial abnormalities to well-formed functional teats with additional mammary gland. Therefore SNT can cause mastitis, affect milking ability negatively and have economic relevance. Previous studies with different cattle populations showed that supernumerary teats are a heritable, poly-/oligogenic congenital abnormality.

Phenotypic data for SNT has been collected since 1995 during routine conformation scoring of cows. First, this data will be used together with pedigree information for estimation of genetic variance. In a second step, genome-wide association studies will be run with dense genotype information from cows. SNP data from approximately 1700 Brown Swiss dairy cows from low input and organic farms in Switzerland were genotyped in the context of the project LowInputBreed (EU, Grant agreement No 222623) and the Original Brown Swiss federal preservation project.

objective of this study is to analyse the genetic architecture of hyperthelia in Swiss Brown Swiss cattle using dense genomic information.

## 2 Entwicklung und Stand der Genetik von Schweizer Mastschweinen

Beatrice Rufer, Alexander Burren & Peter Spring

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

Mit einer optimalen Schlachtkörperqualität können Schlachtpreise realisiert werden, welche über dem normalen Wochenpreis liegen und so das wirtschaftliche Ergebnis eines Mastbetriebes massgeblich verbessern. Magerfleischanteil (MFA), Schlachtgewicht und Fettqualität sind die drei Hauptkriterien, welche in das Bezahlungsschema für Schlachtschweine einfließen. Aus diesem Grund wurden, im Rahmen einer Bachelorarbeit an der HAFL Zollikofen, die Entwicklung des MFA und der Schlachtgewichte in der Periode 2010 bis 2013 auf 7'487 Schweizer Betrieben untersucht. Für die Untersuchung stellte die Proviande Daten von 10 Millionen Schlachtschweinen zur Verfügung.

Die Auswertung zeigte, dass der durchschnittliche MFA in den letzten vier Jahren jeweils bei 56.7 % lag. Die konstanten mittleren MFA-Werte deuten darauf hin, dass die Fortschritte, welche in der Zucht laufend erzielt werden, im Feld in den letzten Jahren nicht umgesetzt wurden. In allen vier Jahren befinden sich 82-83 % der geschlachteten Schweine im neutralen oder zuschlagsberechtigten MFA-Bereich, die restlichen 17-18 % liegen im Abzugsbereich.

2013 wogen 90.59 % der Schlachtkörper zwischen 74 und 96 kg und befanden sich dadurch in dem von den Abnehmern erwünschten Gewichtsbereich. 2.21 % der Tiere waren zu leicht und 7.20 % zu schwer. Untergewichtige Tiere verursachten Abzüge von zirka 1.7 Mio. Die Gesamtabzüge für die zu schweren Tiere waren mit rund 7.2 Mio. wesentlich höher.

Viele Betriebe könnten durch konsequentes Wägen der Tiere ihre Schlachtabrechnungen wesentlich optimieren. Ebenfalls gilt es für einen Teil der Betriebe, den durchschnittlichen MFA leicht zu steigern und die Streuung des MFAs zu reduzieren.

### **3 Auswirkungen der mutterlosen Aufzucht auf das Verhalten der Ferkel**

*Beat Wechsler, Magdalena Rzezniczek, Lorenz Gyga, Roland Weber*

Aufgrund steigender Wurfgrößen werden überzählige Ferkel schon in den ersten Lebenstagen von der Muttersau abgesetzt und künstlich aufgezogen. In der vorliegenden Studie sollte geklärt werden, wie sich dies auf deren Verhalten auswirkt. In die Untersuchung wurden zwei sogenannte technische Ferkelammen einbezogen: Das Produkt 'Rescue Deck' mit einer Gruppengröße von 7 Ferkeln und das Produkt 'Nursery' für maximal 26 Ferkel. Beide Haltungssysteme beinhalten ein beheiztes und eingestreutes Ferkelnest sowie einen Aktivitätsbereich mit perforiertem Boden. Die Fütterung erfolgte mit einer Kunstmilch, die im 'Rescue Deck' nach etwa 14 Tagen durch Festfutter ersetzt und in der 'Nursery' kontinuierlich mit immer mehr Prästarter gemischt wurde.

Die Verhaltensbeobachtungen zum 'Rescue Deck' erfolgten auf dem Versuchsbetrieb in Tänikon (14 Gruppen) und zu der 'Nursery' auf drei Praxisbetrieben (6 Gruppen). Als Kontrolle dienten Würfe, die von der Muttersau gesäugt und in Abferkelbuchten mit frei beweglicher Sau aufgezogen wurden. Die Verhaltensbeobachtungen fanden im 'Rescue Deck' am 4., 11. und 18. Tag und in der 'Nursery' am 4. und 18. Tag nach dem Einstellen in die technische Ferkelamme statt.

Während Belly nosing in den Abferkelbuchten mit einer Ausnahme nicht beobachtet werden konnte, trat es in den technischen Ferkelammen im Laufe der Aufzucht zunehmend häufiger und länger auf. Spielen/Kämpfen war in den technischen Ammen weniger ausgeprägt als in den Abferkelbuchten. Bei den Ferkeln in den Abferkelbuchten stieg die Ruhedauer von Tag 4 zu Tag 18 an, wohingegen in den technischen Ammen eine Abnahme der Ruhedauer zu verzeichnen war.

Aus dem Vergleich des Verhaltens der Ferkel in den beiden Aufzuchtssystemen 'Rescue Deck' und 'Nursery' sowie in Abferkelbuchten lässt sich schlussfolgern, dass Ferkel, die früh von der Muttersau abgesetzt werden und in einer technischen Ferkelamme aufwachsen, die Verhaltensstörung Belly nosing entwickeln und durch die limitierten Platzverhältnisse beim Spielen/Kämpfen sowie beim Ruhen eingeschränkt sind.

### **4 At-Line Use of Raman Spectroscopy to predict Pork-Quality Traits**

*R. Scheier<sup>1</sup>, M. Scheeder<sup>2</sup>, H. Schmidt<sup>1</sup>*

*<sup>1</sup>Research Centre of Food Quality, University Bayreuth, Kulmbach, Germany; <sup>2</sup>School of Agricultural, Forest and Food Sciences HAFL, Bern University of Applied Sciences, Zollikofen, Switzerland*

Raman spectroscopy is providing a fingerprint of the early postmortem metabolism in meat. In this study, for the first time, Raman spectroscopy is shown to measure and predict quality traits of intact muscles at the slaughtering process. Porcine semimembranosus muscles (N=151) were measured 30-60 min post mortem at the veterinarian line of a commercial abattoir using a prototype handheld Raman device. The Raman spectra were regressed against technologically important quality traits as measured with classic reference methods. Predicting pH<sub>35</sub>, pH<sub>24</sub> and drip loss with PLSR yielded coefficients of determination of 0.75, 0.58 and 0.83 and root mean square errors of cross validation of 0.09, 0.05 and 0.6%, respectively. This is demonstrating the on-line potential of early postmortem Raman spectra to measure pH<sub>35</sub> and to predict pH<sub>24</sub> and drip loss. Apparently, the chemometric models utilize the metabolic fingerprint provided by the Raman spectra to predict quality traits which, to date, can only be obtained 24 or more hours after slaughter. This is a key advantage of the Raman technique. With the ability to predict the ultimate pH and DL at an early stage of the slaughter process in a major muscle of the hind leg, this technique has the potential to sort carcasses or legs e.g. for their use as cooked or raw ham for which opposite meat quality specifications regarding pH and water holding capacity are required and preferred. Furthermore, it is reasonable to assume that these findings can be transferred to other muscles or animal species because the correlations are based on Raman signals of essential metabolites found in every muscle cell. Thus, the principal feasibility of Raman spectroscopy to predict early postmortem pH, ultimate pH and drip loss at the slaughter line has been shown.

However, this technique has to be further improved in terms of speed, robustness and ease of application before it can be routinely applied in abattoirs for sorting.

## **5 Zwei Methoden der Körperkonditionsbeurteilung beim Milchvieh im Vergleich**

*Isensee, A., Klocke, P.<sup>1,2</sup>, Bieber, A.<sup>1</sup>, Spengler Neff, A.<sup>1</sup>, Ivemeyer, S.<sup>1,3</sup>, Maurer, V.<sup>1</sup>, Leiber, F.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> *Forschungsinstitut für biologischen Landbau, Departement für Nutztierwissenschaften, Ackerstr. 113, 5070 Frick, Schweiz, florian.leiber@fibl.org, www.fibl.org*

<sup>2</sup> *bovicare – Hermannswerder Haus 14, 14473 Potsdam, Deutschland, www.bovicare.de.*

<sup>3</sup> *Universität Kassel, Fachgebiet Nutztierethologie und Tierhaltung, Nordbahnhofstr. 1a, 37213 Witzenhausen, Deutschland, www.uni-kassel.de.*

Die Körperkonditionsbeurteilung, bei der die Menge der subkutanen Fettauflage im Lenden-, Becken- und Schwanzbereich beurteilt wird, ist beim Milchvieh ein wichtiges Beurteilungsinstrument, um Gesundheits- und Fruchtbarkeitsproblemen vorzubeugen. Häufig steht die Körperkonditionsbeurteilung jedoch in der Kritik, zu subjektiv zu sein und keine validen Ergebnisse zu liefern. Ziel der Studie war es daher zu untersuchen, ob sich die Berücksichtigung des Gesamteindrucks der Kuh, was als subjektive Herangehensweise verstanden werden kann, bei der Beurteilung negativ auf die Validität der Boniturnote auswirkt, und ob ein strikteres Vorgehen unter weitestgehender Ausschaltung des Gesamteindrucks bessere Ergebnisse erzielt. Zudem wurde untersucht, bei welchen Körperregionen die Fettauflage besonders schwierig zu beurteilen ist. Die Studie wurde an 1111 Milchkühen der Rasse Schweizer Braunvieh durchgeführt. Es wurden zwei unterschiedliche Methoden zur Körperkonditionsbeurteilung angewendet. Als Referenzmethode diente die Messung der Rückenfettdicke (RFD). Die bei der Körperkonditionsbeurteilung entstehenden Boniturnoten werden als „dependent BCS“ (dBCS; mit subjektivem Eindruck) und „independent BCS“ (iBCS; ohne subjektiven Eindruck) bezeichnet. Der dBCS erklärte 67.3 % der Varianz der RFD und lieferte damit bessere Ergebnisse als der iBCS, der nur 47.3 % der Varianz der RFD erklären konnte. Demnach wirkt sich die Berücksichtigung des Gesamteindrucks der Kuh positiv auf die Resultate aus. Auffallend grosse Abweichungen zwischen dBCS und iBCS wurden an den Sitzbeinhöckern festgestellt. 61.4% der Tiere wurden hier unterschiedlich bewertet, die Beurteilung dieser Körperregion scheint mithin besonders schwierig.

## **6 Genomisch optimierte Zuchtwertschätzung für Reproduktionsmerkmale beim Schwein**

*Andreas Hofer, SUISAG, Allmend 8, CH-6204 Sempach. aho@suisag.ch*

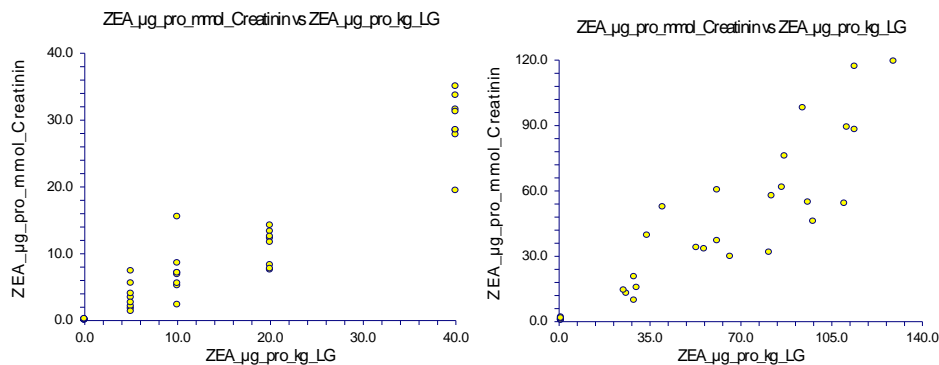
Die genomisch optimierte Zuchtwertschätzung (goZWS) hält auch in der Schweinezucht Einzug. Häufig kommt das sogenannte Ein-Schritt-Verfahren (single step GBLUP) zum Einsatz. Bei den mit ca. 60'000 Markern typisierten Tieren wird zusätzlich zu den bisher genutzten Leistungs- und Pedigreeinformationen die aus den Markern abgeleitete genomische Verwandtschaft berücksichtigt. Bei typisierten jungen Selektionskandidaten kann über die genomische Verwandtschaft mit älteren Referenztieren deren Leistungsinformation für die Schätzung genutzt werden. Die genomische Verwandtschaft zeigt auch Unterschiede zwischen Wurfgeschwistern auf.

Die SUISAG arbeitet an der Einführung der goZWS für Reproduktionsmerkmale bei der Rasse Edelschwein (ES). Bereits sind 2000 Referenztiere typisiert. Darunter sind 75% Sauen, da wegen den wenigen eingesetzten KB-Ebern nicht genügend nachkommengeprüfte Eber verfügbar sind. Die mittlere Genauigkeit des traditionell geschätzten Reprozuchtwertes (RZW) dieser Referenztiere liegt nur bei 56% Bestimmtheitsmass(B%). Der Genauigkeitserfolg mit dem neuen Verfahren wird abgeleitet, indem geschätzte ZW auf Basis von Daten, die jüngere Leistungsinformationen ausblenden, mit Schätzungen mit dem vollen Datensatz verglichen werden. Es wird also die Vorhersagegenauigkeit der ZWS bei Jungtieren mit oder ohne Marker verglichen, jedoch mit weniger Information über die Referenztiere als eigentlich verfügbar. Die bisherigen Testläufe zeigen, dass mit den Markern von 1750 Referenztieren mit mittlerem B% von 50% die Genauigkeit (Korrelation) der Vorhersage von späteren Zuchtwerten bei Jungebern je nach Merkmal um 5 -20% gesteigert werden kann. Im Frühjahr werden den ES-Kernzüchtern erstmals provisorische goRZW zur Verfügung gestellt. Wenn wiederholt stabile goRZW geschätzt werden, wird die Fachkommission Zucht der Suisseporcs über die definitive Einführung entscheiden.

## 7 Zearalenon im Harn als Indikator für die Aufnahme dieses Mykotoxins durch das Schwein

Andreas Gutzwiller, Agroscopie, 1725 Posieux; Allegra Niggeler, 1772 Ponthaux

Das von Feldpilzen der Gattung *Fusarium* gebildete östrogen wirkende Zearalenon (ZEA) kann die Fruchtbarkeit von Schweinen beeinträchtigen. Da dieses Mykotoxin in Grobfutter wie Silage oder Stroh nicht homogen verteilt ist, sind die in Einzelproben analysierten ZEA-Gehalte nur bedingt aussagekräftig. Zur Abklärung von Fruchtbarkeitsstörungen sowie für epidemiologische Studien zur Bedeutung von ZEA wäre ein am lebenden Schwein erhobener Indikator hilfreich. In zwei Untersuchungen wurde abgeklärt, ob über die mit einem ELISA (RIDASCREEN®) analysierte ZEA-Konzentration im Harn eine Aussage über die aufgenommene ZEA-Menge möglich ist. Jungsauen erhielten täglich 0, 5, 10, 20 oder 40 µg ZEA /kg Lebendgewicht (LG). Jäger erhielten ad libitum Futter mit 0.02 bis 3 mg ZEA/kg an Automaten, welche den Futterverzehr jedes Tieres registrierten. Wie die Resultate des Jungsauenversuchs (Graphik links) und des Jagerversuchs (Graphik rechts) zeigen, eignet sich die auf das Creatinin bezogene ZEA-Konzentration in Harnproben als Indikator für die ZEA-Belastung. Pro Bestand bzw. pro Tiergruppe sollte eine Sammelprobe mehrerer Tiere untersucht werden.



## 8 Slow feeding Systeme für Pferde: Verlangsamt ein Netz über dem Futter die Futteraufnahme?

C. Wyss<sup>1</sup>, G. Gerster<sup>1</sup>, A. Zollinger<sup>1</sup>, B. Strickler<sup>1</sup>, I. Bachmann<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Agroscopie, Schweizerisches Nationalgestüt SNG, Les Longs Prés 191, 1580 Avenches

In freier Wildbahn beschäftigen sich Equiden mehr als 16 Stunden täglich mit der Nahrungsaufnahme. In der traditionellen Fütterung von Pferden ist die Fressdauer mit 2-3 rationierten Raufutterportionen pro Tag stark verkürzt und kann zu Verdauungs- und/ oder Verhaltensproblemen führen.

In vorliegender Arbeit sollte überprüft werden, ob zwei marktgängige Netze die Heu- sowie Haylageaufnahme pro Zeitintervall verringern.

Dazu wurden sechs Stuten in einer Mehrraumgruppenanlage untergebracht. Sie erhielten täglich entweder 5 x 60 Minuten, 8 x 38 Minuten oder 12 x 25 Minuten Zugang zu Raufutter in Fressständen. Das Futter wurde auf einem Futtertisch vorgelegt und wahlweise mit einem Netz überspannt. Die Maschengrösse der Netze betrug 4.5x4.5 cm bzw. 3x3 cm für Heu und 4.5x4.5 cm für Haylage.

Die Futteraufnahme von Heu respektive Haylage mit und ohne Verwendung der Netze wurde während je 4 Tagen je drei Mal beobachtet und die verzehrte Menge pro Zeiteinheit erfasst. Die Daten wurden mit Hilfe des Wilcoxon-Rank Sum Tests in R statistisch ausgewertet.

Für Haylage konnte kein signifikanter Unterschied der Aufnahmemenge mit dem 4.5cm Netz und ohne Netz festgestellt werden (1.70 kg TS/h mit Netz und 1.84 kg TS/h ohne Netz).

Bei der Vorlage von Heu wurde eine signifikante Reduktion der Aufnahmemenge mit dem 3cm-Netz festgestellt (1.26 kg TS/h beim 3cm-Netz; 1.51 kg TS/h beim 4.5cm-Netz und 1.69 kg TS/h ohne Netz). Die Resultate zeigen, dass die Futteraufnahme durch die Netze verlangsamt wurde, es bestanden jedoch grosse individuelle Unterschiede.



## 9 Heritabilities of health traits in Swiss Warmblood horses

Murielle Lauper<sup>a</sup>, Vinzenz Gerber<sup>a</sup>, Alessandra Ramseyer<sup>a</sup>, Dominik Burger<sup>a</sup>, Anja Lüth<sup>c</sup>, Christoph Koch<sup>a</sup>, Gaudenz Dolf<sup>b</sup>

<sup>a</sup>Swiss Institute of Equine Medicine, University of Bern and Agroscope, Bern and Avenches, Switzerland

<sup>b</sup>Institute of Genetics, University of Bern, Bern, Switzerland

<sup>c</sup>Zuchtverband Schweizer Sportpferde (ZVCH), Avenches, Switzerland

This study estimated heritabilities of equine sarcoid disease, horn quality of the hooves, prognathism and increased filling of the talocrural joint as possible indicator for osteochondrosis in Swiss Warmblood horses examined at the fieldtests for 3 year-olds between 2005 and 2013.

The presence of sarcoids, horn quality of the hooves, incisor occlusion and increased joint filling were assessed clinically and recorded. Records of 3'715 horses were integrated in a pedigree comprising 217'282 horses. The prevalences of the examined traits were rather low, ranging from 2.4 to 13.0 %. Variance components and heritabilities were estimated on the liability scale using MTGSAM. Heritabilities estimated were 0.21±0.07 for the occurrence of sarcoids, 0.04±0.02 for hooves with remarkably brittle and friable horn quality, 0.03±0.01 for hooves with marked growth ring formation, 0.06±0.03 for prognathism and 0.08±0.04 for increased filling of the talocrural joint as a possible indicator for osteochondrosis. The influence of the examiner on the variance of these observations was considerable.

With the exception of the one for equine sarcoid disease, estimates for the heritabilities were low. The low heritability estimates indicate the presence of a genetic background for these traits. However, since these estimates are on the liability scale it remains to be seen whether other studies come up with similar results. Care should be taken to ensure a standardized evaluation of the traits to decrease the variance introduced by the examiners.

## 10 Einfluss von Diätfütterung bei Absetzferkeln auf Durchfallhäufigkeit und Wachstum

Thanner S.<sup>1</sup>, Gutzwiller A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Forschungsanstalt Agroscope, 1725 Posieux, Schweiz

Eines der Haupteinsatzgebiete von Antibiotika in der Nutztierhaltung ist die Durchfallbekämpfung bei Absetzferkeln. Die Restriktion der Nährstoffaufnahme im Anschluss an die ersten Tage nach dem Absetzen, könnte die Durchfallhäufigkeit senken und somit den Antibiotikaeinsatz reduzieren. Die vorliegende Studie verglich in 4 Serien über 31 Tage die Durchfallhäufigkeit (DuH) und Durchfallintensität (Dul), sowie das Wachstum von insgesamt 156 Absetzferkeln, die anhand der Kriterien Wurf, Geschlecht und Absetzgewicht in Paare eingeteilt und auf zwei Versuchsverfahren aufgeteilt wurden. Die 128 Ferkel des Diätverfahrens (*D*) erhielten vom 1.(= 3. Tag nach dem Absetzen) bis zum 10. Versuchstag Diätfutter, mit reduziertem Nährstoff-, Energie- und Eisengehalt und Zusatz von Johannisbrot als Quelle von Rohfaser und Tanninen. Das Diätfutter war in Serie 1 und 2 identisch, in Serie 3 wurde der Energiegehalt stärker reduziert und in Serie 4 wurde nicht entpektinierter Obsttrester als Rohfaserquelle eingesetzt. Die 128 Ferkel des Kontrollverfahrens (*K*) erhielten während der gesamten Versuchszeit Kontrollfutter, das auch die Ferkel der Versuchsvariante *D* ab dem 11. Versuchstag erhielten. Der um rund 20% reduzierte Energiegehalt, sowie der Zusatz an Johannisbrot und Rohfaserquellen im *D* reduzierte die DuH und Dul im Vergleich zu *K* nur in der Serie 4 (DuH:  $p_{\text{Serie1}} = 0.70$ ,  $p_{\text{Serie2}} = 0.61$ ,  $p_{\text{Serie3}} = 0.50$ ,  $p_{\text{Serie4}} = 0.004$ ; Dul:  $p_{\text{Serie1}} = 0.50$ ,  $p_{\text{Serie2}} = 0.69$ ,  $p_{\text{Serie3}} = 0.57$ ,  $p_{\text{Serie4}} = 0.003$ ). Der Tageszuwachs (TZW) vom 1.-10. Versuchstag im *D* wurde um 22% reduziert ( $p = 0.02$ ), vom 11. Versuchstag bis zum Versuchsende unterschied sich der TZW zwischen *D* und *K* nicht ( $p = 0.50$ ). Möglicherweise konnten durch die grossen Unterschiede in der Durchfallinzidenz zwischen den Serien, sowie durch die günstigen diätetischen Eigenschaften des Kontrollfutters keine markanteren Unterschiede zwischen *D* und *K* gemessen werden. Es stellt sich die Frage welchen Einfluss der Zusatz von Obsttrester auf die Durchfall hemmende Wirkung von *D* in Serie 4 hatte.

## 11 Inzuchtentwicklung in Schweizer Milchrinderpopulationen

<sup>1</sup>Burren A., <sup>1</sup>Kreis A., <sup>2</sup>Kneubuehler J., <sup>3</sup>Barras E., <sup>2</sup>Bigler A., <sup>4</sup>Schnyder U., <sup>5</sup>Rust M., <sup>2</sup>Witschi U.,

<sup>1</sup>Flury C., <sup>1</sup>Joerg H. & <sup>2</sup>Schmitz-Hsu F.

<sup>1</sup>Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften, Länggasse 85, 3052 Zollikofen

<sup>2</sup>Swissgenetics, Meielenfeldweg 12, 3052 Zollikofen

<sup>3</sup>Schweizerischer Holsteinzuchtverband, Route de Grangeneuve 27, 1725 Posieux

<sup>4</sup>Swissherdbook, Schützenstrasse 10, 3052 Zollikofen

<sup>5</sup>Braunvieh Schweiz, Chamerstrasse 56, 6300 Zug

In zahlreichen Studien wurde in den letzten Jahren gezeigt, dass mit zunehmender Inzucht die Leistung, die Fruchtbarkeit und die Gesundheit beim Milchvieh abnehmen und eine sogenannte Inzuchtdepression auftritt. In diesem Zusammenhang wurde, im Rahmen einer Bachelor Thesis an der HAFL Zollikofen, die Inzuchtentwicklung in den sieben Milchrinderpopulationen Brown Swiss (BS), Original Braunvieh (OB), Holstein (HO), Red Holstein (RH), Rotfaktorträger (RF), Swiss Fleckvieh (SF) und Simmental (SI) untersucht. Berücksichtigt wurden alle Herdebuch Tiere mit Geburtsjahr 1990-2012 und ihre Ahnen.

Die BS-Population weist sowohl 1990 als auch 2012 den höchsten  $\emptyset$  Inzuchtkoeffizienten (F) auf (Tab. 1). Die tiefsten  $\emptyset$  Inzuchtkoeffizienten weisen 1990 die Rasse SI und 2012 die Rasse RF auf. Die grösste Zunahme beim  $\emptyset$  F zeigte sich bei der SI-Population, gefolgt von der HO-, BS-, OB-, RH- und RF-Population. Bei den HO- und RF-Tieren ist die  $\emptyset$  Pedigreevollständigkeit in beiden Jahren tiefer als bei den anderen Populationen, weshalb die Inzuchtkoeffizienten weniger aussagekräftig sind. Da die  $\emptyset$  Inzuchtkoeffizienten bei

**Tab. 1  $\emptyset$  Inzuchtkoeff. und  $\emptyset$  Pedigreevollständigkeit 1990/2012**

Merkmal	Jahr	BS	OB	HO	RH	RF	SF	SI
$\emptyset$ Inzuchtkoeffizient [%]	1990	2.2	1.2	1.4	1.3	1.1	1.1	1.0
$\emptyset$ Pedigreevollständigkeit		90.6	95.6	72.2	81.7	73.3	82.7	83.9
$\emptyset$ Inzuchtkoeffizient [%]	2012	4.7	3.5	4.2	3.1	2.6	2.4	3.7
$\emptyset$ Pedigreevollständigkeit		91.6	99.7	89.9	93.0	91.8	95.4	98.3
Delta F	2012-1990	2.5	2.3	2.7	1.8	1.5	1.3	2.8

allen sieben Populationen deutlich unter einer Cousin x Cousine Anpaarung (6.25%) liegen, sind keine gezielten Managementmassnahmen notwendig.

## 12 Effekte des Fütterungsmanagements auf Fress- und Wiederkäuerverhalten von Milchkühen im Tagesverlauf

Florian Leiber, Johanna K. Probst, Anet Spengler Neff; FiBL, Ackerstr. 113, 5070 Frick, Schweiz

In einer Biomilchviehherde (Schweizer Fleckvieh, durchschnittliche Leistung 7000 kg/Tier/Jahr) wurde das Fress- und Wiederkäuerverhalten von 10 Kühen (Gruppe 1) mit üblicher Konzentratfüttergabe (im Mittel 2.4 kg/Tag/Tier) mit dem von 8 Kühen (Gruppe 2) verglichen, bei welchen auf die individuell gefütterten Konzentrate vollständig verzichtet wurde. Beide Gruppen waren bezüglich Milchleistung, Milcheiweiss und Laktationsstadium ausgeglichen. Alle Kühe erhielten in Phase 1 eine ausgeglichene TMR ad libitum. In Phase 2 wurde ein Teil des Emds nicht in die TMR gegeben und stattdessen am Morgen (6.00 bis 8.00) reines Emd ad libitum gefüttert. Mit Hilfe der RumiWatch® Sensorhalter wurde je Versuchsphase während 96 Stunden das individuelle Fress- und Wiederkäuerverhalten aufgezeichnet. Die Tage 2-4 der Messung wurden jeweils ausgewertet. Die je Gruppe gemittelten Verlaufskurven wurden grafisch verglichen und für einzelne Zeitpunkte wurden Mittelwertvergleiche (Tukey) nach Varianzanalyse berechnet.

Die Kurven für das Fressen und das Wiederkäuen verliefen hochgradig synchron zwischen beiden Gruppen. Während der Kraftfuttermittellage (zweimal täglich) waren die Fresszeiten in Gruppe 1 verlängert ( $P < 0.01$ ); im Gesamtmittel waren die Fresszeiten allerdings nicht signifikant verschieden. Sowohl für das Fressen als auch für das Wiederkäuen war die Kurve etwas ruhiger in Gruppe 2. Die separate Gabe von Emd am frühen Morgen führte in beiden Gruppen zu signifikant längerer Futteraufnahme während dieser Zeit, aber auch am Nachmittag nach dem Melken. Die Daten zeigen, dass die RumiWatch® Sensorhalter konsistente und zwischen den Tieren vergleichbare Verhaltenswerte aufgezeichnet haben. Die Eingriffe ins Fütterungsmanagement hatten jeweils deutliche Effekte auf die Futteraufnahme. Eine separate Gabe von Heu in TMR-Systemen könnte zu verbesserter Futteraufnahme führen. Dieses Resultat bedarf jedoch der weiteren Überprüfung unter verschiedenen Bedingungen.

### **13 Einfluss des Geschlechtes auf den N-Gehalt des Leerkörpers und die N-Effizienz beim Schwein**

*Stoll Peter, Ruiz Isabel*

Import- Exportbilanzen sind Hilfsmittel um formulierte Umweltziele erreichen zu können. Die aktuell verwendeten Daten basieren auf Versuchen die vor 30 Jahren durchgeführt wurden. In der Zwischenzeit wurden grosse Anstrengungen unternommen um via Selektion die Schlachtkörper den Konsumentenwünschen besser anzupassen. So sind die Schlachtkörper von heutigen Masttieren wesentlich fleischiger. Die heute verwendeten Annahmen über den N- und P-Export eines Betriebes durch den Verkauf von Schlachttieren sind weitgehend Extrapolationen der früheren Versuchsdaten, die mit entsprechenden Wachstumsmodellen berechnet wurden. Damit diese veränderte Situation angemessen in der Bilanzierung berücksichtigt werden kann, ist es notwendig, die Gesamtkörperzusammensetzung von wachsenden Schweinen erneut zu erheben.

In zwei Versuchsserien wurden je 28 Jungeber (JE), Kastraten (K) beziehungsweise weibliche Tiere (W) verwendet. Die eine Hälfte der Tiere waren F1-Kreuzungen ESV x ESM und die andere Hälfte waren reine ESM-Tiere. Sie erhielten ad libitum Futter. Das Futter entsprach den CH-Fütterungsempfehlungen. Je 12 Tiere wurden bei 20, 40, 60, 80, 100, 120, 140 kg Lebendgewicht (LG) geschlachtet und die Gesamtkörperzusammensetzung bestimmt. Für die Exportbilanz interessieren vor allem die Resultate der Gewichtskategorien 80 – 120 kg LG (n = 36).

Die JE hatten den höchsten N-Gehalt im Leerkörper gefolgt von den W und den K (27.9, 26.9 bzw. 27.0 g/kg;  $P > 0.05$ ). Der Wert, der aktuell in der Exportbilanz verwendet wird, beträgt 22 g/kg. Durch die Selektion der letzten 30 Jahre wurde der N-Gehalt wesentlich erhöht. Die Berechnungsgrundlagen müssen entsprechend angepasst werden.

In Praxisbetrieben liegt die N-Effizienz bei rund 25 – 35 %. Unter unseren Versuchsbedingungen wurde für JE, K und W eine Effizienz von 52.5, 48.1 und 46.9 % ermittelt ( $P > .05$ ). Obwohl unter Versuchsbedingungen eine höhere N-Effizienz als in der Praxis erwartet werden kann, wird doch deutlich, dass in dieser Hinsicht noch ein N-Sparpotential vorhanden ist.

### **14 Use of infrared thermography as a non-invasive diagnostic tool for early detection of Digital Dermatitis in dairy cows**

*M. Alsaad<sup>1</sup>, C. Syring<sup>1</sup>, J. Dietrich<sup>1</sup>, M.G. Doherr<sup>2</sup>, T. Gujan<sup>3</sup>, A. Steiner<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> *Clinic for Ruminants, Vetsuisse-Faculty, University of Bern, Switzerland*

<sup>2</sup> *Veterinary Public Health Institute, Vetsuisse-Faculty, University of Bern, Switzerland*

<sup>3</sup> *Institute of Agricultural Sciences, Swiss Federal Technical School of Zürich, Switzerland*

Infrared thermography (IRT) was used to detect digital dermatitis (DD) prior to routine claw trimming. A total of 1192 IRT observations were collected from 149 cows on eight farms. All cows were housed in tiestalls. The maximal surface temperatures of the coronary band (CB) region and skin (S) of the fore and rear feet (mean value of the maximal surface temperatures of both digits for each foot separately, CB<sub>max</sub> and S<sub>max</sub>) were assessed. Grouping was performed at the foot level (presence of DD, n = 99; absence, n = 304), or at the cow level (all four feet healthy, n = 24) or where there was at least one DD lesion on the rear feet, n = 37). For individual cows (n = 61), IRT temperature difference was determined by subtracting the mean sum of CB<sub>max</sub> and S<sub>max</sub> of the rear feet from that of the fore feet. Feet with DD had higher CB<sub>max</sub> and S<sub>max</sub> ( $P < 0.001$ ) than healthy feet. S<sub>max</sub> was significantly higher in feet with infectious DD lesions (M-stage: M2 + M4; n = 15) than in those with non-infectious M-lesions (M1 + M3; n = 84) ( $P = 0.03$ ), but this was not the case for CB<sub>max</sub> ( $P = 0.12$ ). At the cow level, an optimal cut-off value for detecting DD of 0.99 °C (IRT temperature difference between rear and front feet) yielded a sensitivity of 89.1% and a specificity of 66.6%. The results indicate that IRT may be a useful non-invasive diagnostic tool to screen for the presence of DD in dairy cows by measuring CB<sub>max</sub> and S<sub>max</sub>.

Keywords: Infrared thermography, Dairy cow, Coronary band, Digital dermatitis

## 15 Effect of preventive claw trimming on claw temperature of dairy cows

M Alsaood<sup>1</sup>, C Syring<sup>1</sup>, M Luternauer<sup>1</sup>, M G Doherr<sup>2</sup>, A Steiner<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Clinic for Ruminants, <sup>2</sup>Veterinary Public Health Institute, Vetsuisse-Faculty, University of Bern, Switzerland

Infrared thermography (IRT) was used to assess the effect of routine claw-trimming on claw temperature. A total of 648 IRT observations each were collected from 81 cows housed in 6 tie-stalls before and three weeks after claw-trimming. The feet were classified as either healthy (non-lesion group (n=182)) or affected with infectious foot disorders (group IFD (n=142)). The maximal surface temperatures of the coronary band and skin and the difference of the maximal temperatures ( $\Delta T$ ) between lateral and medial claw of the respective foot were assessed. Linear mixed models, correcting for the hierarchical structure of the data, the ambient temperature and the infectious status of the claws were developed to evaluate the effect of time in relation to the trimming event (day 0 versus day 21) and claw (medial versus lateral). Front feet and hind feet were analysed separately. Ambient temperature and infectious foot status were identified as external and internal factors, respectively that significantly affected claw temperature. Before claw-trimming, the lateral claws of the hind feet were significantly warmer as compared to the medial claws, while such a difference was not evident for the claws of the front feet. At d21,  $\Delta T$  of the hind feet was reduced by  $\geq 0.25$  °C, while it was increased by  $\leq 0.13$  °C in the front feet, as compared with d0. So, trimming was associated with a remarkable decrease of  $\Delta T$  of the hind claws. Equalizing the weight-bearing of the hind feet by routine claw-trimming is associated with a measurable reduction of  $\Delta T$  between the paired hind claws.

Key words: thermography, dairy cow, claw trimming

## 16 Development and validation of a novel algorithm to quantify the walking behavior of dairy cows with the aid of a three-dimensional accelerometer

Maher Alsaood<sup>1</sup>, Joël Niederhauser<sup>3</sup>, Ladina Just<sup>1</sup>, E. Hehenberger, Getraud Schuepbach-Regula<sup>2</sup> & Adrian Steiner<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Clinic for Ruminants, <sup>2</sup>Veterinary Public Health Institute Vetsuisse-Faculty, University of Bern, Switzerland. <sup>3</sup>InnoClever GmbH, Liestal, Switzerland.

Change of animal behavior is one of the most important criteria to assess animal welfare and health. The accelerometer system is a reliable and useful tool to detect standing and lying. The objective of this study was to develop and validate an algorithm to monitor locomotor behavior based on the output from accelerometer sensors of loose-housed dairy cattle compared with video analyses (gold standard). The measurements were conducted in three experiments to validate lying time, stand up, lie down and lying bouts (exp. I; n=18 cows); standing time; walking time; number of standing bouts; number of walking bouts and number of strides (exp. II; n=21 cows) and stride length (m) and stride duration (s) (exp. III; n=19). The first two experiments of this study (exp. I - II) were carried out at the experimental farm of Agroscope Reckenholz-Tänikon Research Station ART in Tänikon, Switzerland and the third experiment (exp. III) at the clinic of ruminants, Vetsuisse-faculty, University of Bern, Switzerland. Spearman correlations were calculated between accelerometer variables and respective data derived from the video recordings (gold standard). The overall difference in percent was calculated as a mean deviation between accelerometer variable and respective video recording. In all experiments, the mean difference between accelerometer data and respective gold standard was between 0% and 17% (depending on variable) and the correlation between respective data ranged from  $R^2 = 1$  to  $R^2 = 0.24$ . The results of this study show that the newly developed algorithm is able to quantify the locomotor behavior of dairy cows with an acceptable to perfect accuracy (depending on variable of locomotion), which may markedly improve automatic livestock management systems for efficient health monitoring of dairy cows.

Key words: Accelerometer, dairy cow, behavior

## 17 **Projet Lactobeef : Ingestion du petit-lait et performances zootechniques**

*Morel Isabelle et Dufey Pierre-Alain*

*Agroscope, Institut des sciences en production animale IPA, Tioleyre 4, CP 64, CH-1725 Posieux*

Le lactosérum ou petit-lait représente dans les zones de production de fromages d'alpage une source importante d'énergie disponible, peu valorisée et problématique pour l'environnement. Son ingestion par des bovins à viande pourrait représenter une opportunité intéressante.

Durant deux années consécutives, trois groupes, herbe (H), herbe + orge (O) et herbe + petit-lait (PL), de 16 animaux (bœufs et génisses appartenant à quatre types génétiques différents) âgés de 18 mois et d'un poids vif moyen de 480 kg, ont été estivés dans le Jura (alt. 1'200 m) durant 4 mois, dont 95 jours de période expérimentale. Dans la variante O, 2 kg de granulés d'orge mélassée ont été distribués quotidiennement au distributeur automatique de concentrés (DAC) alors que pour la variante PL, un équivalent énergétique de petit-lait (1<sup>e</sup> année) et une quantité illimitée de petit-lait non écrémé chaud (2<sup>e</sup> année) ont été distribués une fois par jour par groupe dans des bassins sur le pâturage.

Avec resp. trois et deux animaux ayant refusé le petit-lait en 1<sup>e</sup> et 2<sup>e</sup> année, l'ingestion journalière moyenne de petit-lait des buveurs s'est élevée à resp. 24,6 l (rationné) et 32,9 l (à volonté). Cette dernière quantité correspond à plus de 40% des besoins énergétiques d'un bœuf ou d'une génisse de cette catégorie de poids et de croît. La complémentation à la pâture sous forme d'orge et de petit-lait a permis d'améliorer l'accroissement journalier des animaux avec des différences tendancielle dans le 1<sup>er</sup> essai (resp. +12 et +9%) et hautement significatives dans le 2<sup>e</sup> essai avec resp. +15 et +17% par rapport à la variante-témoin H pour un niveau de croissance moyen de resp. 911 et 827 g/j en 1<sup>e</sup> et 2<sup>e</sup> année. La distribution *ad libitum* de petit-lait (2<sup>e</sup> année) a en outre eu pour effet de réduire la consommation d'eau de 60%.

En conclusion, on observe que des quantités importantes de petit-lait peuvent être consommées par les bovins à viande sur les alpages. Des performances d'engraissement semblables à celles obtenues avec de l'orge peuvent être obtenues sans que la santé des animaux n'en soit affectée.

## 18 **Neue Varianzkomponenten für die Zuchtwertschätzung beim Freiberger Pferd**

*Burren Alexander<sup>1</sup>, Hagger Christian<sup>1</sup>, Bangerter Erika<sup>1</sup>, Häring Jeanne<sup>2</sup>, Klopfenstein Stéphane<sup>2</sup>, Rieder Stefan<sup>3</sup> und Flury Christine<sup>1</sup>*

<sup>1</sup>*Hochschule für Agrar-, Forst-, und Lebensmittelwissenschaften, Länggasse 85, 3052 Zollikofen*

<sup>2</sup>*Schweizerischer Freibergerverband, Les Longs Prés, 1580 Avenches*

<sup>3</sup>*Agroscope, Schweizerisches Nationalgestüt SNG, 1580 Avenches*

Seit dem Jahr 2006 führt die HAFL einmal jährlich die Zuchtwertschätzung (ZWS) für den Schweizerischen Freibergerverband durch. Im Jahr 2014 wurden verschiedene Auswertungen zur Weiterentwicklung der ZWS durchgeführt. Unter anderem wurden die Varianzkomponenten für die 28 Merkmale der linearen Beschreibung und Exterieurbeurteilung (LB & EXT), für die 12 Feldtestmerkmale (FT) und für die drei Merkmale der Weissen Abzeichen (WA) neu geschätzt. Die Varianzkomponenten wurden mit den alten Schätzwerten verglichen. Weiter wurde der Einfluss auf die Rangierung der Hengste nach Gesamtzuchtwert untersucht.

Abgesehen von dem Merkmal Stockmass zeigen die Merkmale der LB & EXT tiefe bis mittlere Heritabilitäten. Die Merkmale Exterieur Typ, Exterieur Körperbau und die Typnote sind genetisch sehr hoch korreliert (91% bis 100%). Weiter zeigen die Merkmale Exterieur Gänge, Trab:Raumgriff, Trab:Schub und Trab:Elastizität untereinander genetische Korrelationen nahe bei 1. Die Heritabilitäten für die FT-Merkmale bewegen sich zwischen 0.04 (Reiten-Verhalten-Auf-Absitzen) und 0.32 (Reiten Trab). Die Merkmale Fahreignung, Fahren Durchlässigkeit und Fahren Allg. Verhalten sind genetisch hoch korreliert (>93%). Weiter zeigen die Merkmale Fahren Trab und Reiten Trab und Reiten Trab und Reiten Galopp hohe genetische Korrelationen. Generell sind die Veränderungen in den geschätzten Heritabilitäten für die drei Merkmalskomplexe klein. Die neuen Varianzkomponenten werden im Prinzip für die Zuchtwertschätzung 2015 erstmals eingesetzt. Dadurch wird der verbesserten Datengrundlage auch in der Routine Rechnung getragen.

## 19 Using whole genome sequence data for across-breed imputation in dairy cattle

Baes C.<sup>1,2</sup>, Seefried F.<sup>2</sup>, Bapst B.<sup>2</sup>, Flury C.<sup>1</sup>, Signer-Hasler H.<sup>1</sup>, Garrick D.<sup>3</sup>, Stricker, C.<sup>4</sup>, Gredler B.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Bern University of Applied Sciences, Zollikofen Switzerland

<sup>2</sup> Qualitas AG, Zug Switzerland

<sup>3</sup> Iowa State University, Ames, IA, United States of America

<sup>4</sup> agn Genetics, Davos, Switzerland

Large-scale genome-wide association studies with sequence data require large sample sizes to ensure suitable statistical power – a prerequisite that may not be easily met due to financial limitations. The distinct population structure common to livestock species (sires with hundreds or even thousands of offspring) allows the use of sequence information of key ancestors in conjunction with array-based genotypes to impute sequence variants. This provides a cost-effective alternative to sequencing all animals. Imputation can provide accurate whole genome sequence information for all genotyped animals at a fraction of the true sequencing cost.

Whole sequence information of 100 Brown Swiss bulls and 250 Simmental / dual-purpose Fleckvieh animals were available for analysis. The sequence information was masked to mimic HD / 50K genotypes using different strategies. The accuracy of imputation from medium (50K; 54,609 SNP), and high-density (HD; 777,962 SNP) arrays to sequence genotypes was evaluated by calculating concordance between true and imputed genotypes. Furthermore, accuracy of imputation when the reference population was solely comprised of the breed to be imputed was compared with results obtained when the reference population was comprised of multiple breeds.

*The authors gratefully acknowledge financial support from the Swiss Cattle Breeders Association (ASR) and the Swiss Commission for Technology and Innovation (CTI).*

*Sequence information was provided by the 1000 Bull's Genome Project and the European Union's Seventh Framework Programme (FP7/2007-2013) under grant agreement no 289592 – Gene2Farm.*

## 20 Welche Genregionen beeinflussen die Unterkieferverkürzung beim Braunvieh?

Flury Christine, Lussi Astrid, Seefried Franz\*, Signer-Hasler Heidi

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

\*Qualitas AG, Chamerstrasse 56, 6300 Zug

Die Unterkieferverkürzung ist beim Braunvieh als Erbfehler deklariert und wird in der linearen Beschreibung und Einstufung als Fehler erfasst. Beim Auftreten des Fehlers werden in der Note für den Rahmen 10 Punkte abgezogen. Über die genetische Grundlage des Phänomens ist jedoch nur wenig bekannt.

Deshalb wurden in der vorliegenden Studie Haaprobieren von betroffenen Braunvieh-Kühen gesammelt und für den 80k-GGHDP Chip genotypisiert. Als Kontrollgruppe wurden von dem LowInputBreeds-Projekt die HD-Genotypen der Braunvieh-Kühe zur Verfügung gestellt. Die Genotypen für die 69'489 gemeinsamen SNPs der zwei unterschiedlichen Arrays wurden mit gängigen Filterkriterien gefiltert. SNPs mit tiefen GC-Scores (<0.75) und 70 Genotypen von Ausreisser-Tieren (basierend auf PCA) wurden ebenfalls ausgeschlossen.

Nach dem Filtern konnte eine genomweite Assoziationsstudie für die Genotypen von 81 Fällen und 440 Kontrollen und 50'864 SNPs durchgeführt werden. Mit einem gemischten Modell-Ansatz und unter Berücksichtigung der genomischen Verwandtschaft wurden auf Chromosom 5 in einer Region von 29.1-33.3 Mb 17 signifikante SNPs beobachtet. In dieser Region liegen ganz viele proteincodierende Gene. Die Assoziationsanalyse wird mit Haplotypen wiederholt. In einem weiteren Schritt werden zwei betroffene Kühe sequenziert. Mittels der Sequenzdaten wird versucht, die signifikante Region auf Chromosom 5 weiter einzuschränken, mit dem Ziel mögliche Kandidatengene für die Unterkieferverkürzung beim Rind beschreiben zu können.

## 21 **HMGA2 ist mit der Widerristhöhe beim Shetland Pony assoziiert**

M. Frischknecht<sup>1,2,3</sup>, C. Flury<sup>3,4</sup>, V. Jagannathan<sup>1,3</sup>, C. Drögemüller<sup>1,3</sup>, M. Neuditschko<sup>2,3</sup>, H. Signer-Hasler<sup>3,4</sup>, I. Bachmann<sup>2,3</sup>, S. Rieder<sup>2,3</sup> und T. Leeb<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Institut für Genetik, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, <sup>2</sup>Agroscope, Schweizerisches Nationalgestüt, Avenches, <sup>3</sup>Kompetenzzentrum für Tierzucht der Universität Bern, Berner Fachhochschule HAFL & Agroscope, <sup>4</sup>Berner Fachhochschule, HAFL, Zollikofen

Die Identifizierung von kausalen Varianten für quantitative Merkmale ist immer noch eine grosse Herausforderung, sowohl beim Menschen, wie auch bei Nutztieren. Die Grösse hat einen besonderen Stellenwert bei den quantitativen Merkmalen, da sie ein relativ einfach zu erfassen ist und eine hohe Heritabilität aufweist zudem wirkt sie sich auf die Körperproportionen aus. Die Proportionen des Körperbaus sind in der Pferdezucht sehr wichtig.

Wir führten eine genomweite Assoziationsstudie (GWAS) für die Widerristhöhe mit SNP chip (65K) Daten von 48 Shetland Ponys durch. Wir konnten beim Shetland Pony eine Region bestätigen, in der ein bereits aus anderen Pferderassen bekannter Locus für Grösse liegt. Dieser Locus beinhaltet das *HMGA2* Gen, von welchem bekannt ist, dass es das Grössenwachstum beeinflusst.

Anhand der Genomsequenzen von 2 merkmalsdivergenten Shetland Ponys (70 cm und 106 cm) suchten wir Varianten im *HMGA2* Gen. Wir konnten eine kodierende Variante in Exon 1 des *HMGA2* Gens identifizieren, welche mit der Grösse assoziiert ist.

*HMGA2* kodiert für ein DNA bindendes Protein. Die kodierende Mutation verändert die Aminosäuresequenz genau in einer der DNA-bindenden Domänen. Sehr wahrscheinlich ist daher, dass diese Variante effektiv einen funktionellen Einfluss auf das Protein hat. Wir werden als nächsten Schritt ein Experiment durchführen, welches den Einfluss des Aminosäureaustausches auf die DNA-bindenden Eigenschaften des Proteins zeigen soll. Die vorgestellte Variante könnte das erste molekular beschriebene QTN (quantitative trait nucleotide) beim Pferd darstellen.

## 22 **Die Genetische Vielfalt Schweizer Ziegenrassen**

M. Neuditschko<sup>1,2</sup>, A. Burren<sup>2,3</sup>, H. Signer-Hasler<sup>2,3</sup>, C. Drögemüller<sup>2,4</sup>, I. Reber<sup>2,4</sup>, C. Flury<sup>2,3</sup>

<sup>1</sup>Agroscope, Schweizer Nationalgestüt, Avenches, <sup>2</sup>Kompetenzzentrum für Tierzucht der Universität Bern, Berner Fachhochschule HAFL & Agroscope, <sup>3</sup>Berner Fachhochschule, HAFL, Zollikofen, <sup>4</sup>Institut für Genetik, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Bern

Mit der Unterzeichnung der Biodiversitätskonvention von Rio im Jahr 1992 hat sich die Schweiz verpflichtet, tiergenetische Ressourcen zu erhalten und zu schützen. Zu diesen tiergenetischen Ressourcen zählen auch 10 Schweizer Ziegenrassen.

Durch ein optimiertes Zuchtprogramm, das die Entwicklung des Verwandtschafts- und Inzuchtgrades berücksichtigt, kann der langfristige Erhalt dieser 10 Schweizer Ziegenrassen sichergestellt werden. Aktuelle Berechnungen des Verwandtschafts- und Inzuchtgrades Schweizer Ziegenrassen beziehen sich auf pedigree-basierte Abstammungsinformationen. Die Genauigkeit dieser Berechnungen ist stark abhängig von der Vollständigkeit des Pedigrees. Vor allem bei kleinen Nutztierassen ist die Pedigree Information oft nur unvollständig vorhanden, weshalb die Verwandtschafts- und Inzuchtberechnungen oft verzerrt sind.

Um aussagekräftige Populationsparameter für die 10 Schweizer Ziegen zu erhalten, wurden insgesamt 241 Ziegen mit dem GoatSNP50 Genotyping BeadChip® von Illumina genotypisiert. Nach der Qualitätskontrolle der SNP Genotypen wurden 48'750 genomweite SNPs für die Berechnung diverser Populationsparameter (Heterozygotie, Inzucht, rassenspezifische Allele) verwendet. Erste Ergebnisse der Diversitätsanalyse zeigten, dass durch die SNP Genotypisierung Verwandtschafts- und Inzuchtgrad Berechnungen unabhängig von Pedigree Informationen durchgeführt und die Populationsstrukturen der einzelnen Rassen hergeleitet werden können.

## 23 Bestimmung der Schweinefettqualität für die Zuchtwertschätzung

Martina Müller Richli<sup>1,2</sup>, Martin Scheeder<sup>1,2</sup>, Daniel Kaufmann<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Suisag Sempach, Allmend 8, 6204 Sempach; <sup>2</sup>HAFL, Länggasse 85, 3052 Zollikofen.

Bei Mastschweinen hat die Fütterung einen grossen Einfluss auf die Rückenspeckqualität. Aber nicht nur: Aus der Literatur sind hohe Erblichkeiten für die Fettsäurenanteile im Speck bekannt. Eine Verbesserung der Fettqualität durch die Zucht erscheint daher möglich. Dafür braucht es effiziente Messmethoden. An der MLP Sempach wurde auf Basis der Nah-Infrarot-Spektroskopie (NIRS, NIRFlex N-500, Büchi, Flawil) eine Methode entwickelt, die mit einem Lichtleiter (Fibre-Optic-Probe, FOP) direkt unter der Schwarte die Zusammensetzung des Rückenfettes messen kann. Diese Methode ergab im unabhängigen Validationsdatensatz für die gesättigten (SFA), einfach und mehrfach ungesättigten Fettsäuren (MUFA und PUFA) sowie die Jodzahl (JZ) Bestimmtheitsmasse von 0.92, 0.76, 0.92 bzw. 0.98 und Standardfehler von 0.62, 0.67, 0.49 bzw. 0.67 %-Punkten und damit brauchbare Kalibrationen. Mit dieser Methode wurde bei 1964 MLP-Prüftieren der Rückenspeck analysiert und aus diesen Fettqualitätsmerkmalen Varianzkomponenten geschätzt.

Tabelle 1: Beschreibung der Daten; Erblichkeiten (Diagonale), phänotypische Korrelationen (oberhalb Diagonale) und genotypische Korrelationen (unterhalb Diagonale)

n=1964				Erblichkeiten und Korrelationen			
	Mittel	Min	Max	SFA (%)	MUFA (%)	PUFA (%)	JZ
SFA (%)	38.30	31.30	43.30	<b>0.43</b>	-0.60	-0.59	-0.89
MUFA (%)	48.80	43.90	53.30	-0.56	<b>0.42</b>	-0.26	0.22
PUFA (%)	12.80	8.70	19.10	-0.60	-0.33	<b>0.49</b>	0.87
JZ	65.70	57.70	75.80	-0.89	0.14	0.89	<b>0.47</b>

Die geschätzten Erblichkeiten für die Fettqualitätsmerkmale liegen im mittleren Bereich (Tabelle 1). Somit ist grundsätzlich eine züchterische Bearbeitung dieser Merkmale möglich. Seit Anfangs 2015 werden bei allen Endprodukte-Prüfungstieren die Fettqualitätsmerkmale erfasst. Zur Zeit wird geprüft, ob die Daten in die Zuchtwertschätzung einfließen sollen.

## 24 Projet Lactobeef : ingestion de petit-lait et émissions de méthane entérique chez des bovins au pâturage

Dufey Pierre-Alain, Agroscope, Institut des sciences en production animale IPA, CH-1725 Posieux

L'élevage contribue aux émissions de gaz à effets de serre (GES) dans le monde à raison de 14.5% des émissions totales. La fermentation entérique est la deuxième source d'émission la plus importante liée au secteur, avec près de 40% du total. Sur ces 40%, les bovins sont responsables de 77% des émissions de méthane entériques. Plusieurs études ont montré que l'alimentation est un des facteurs de variations de ces émissions.

Au total, trente génisses issues de la race Angus et de croisements Limousin sur des types laitiers ont été soumis à 3 régimes alimentaires au pâturage : herbe seule (H), herbe+3 kg d'orge mélassée (O), herbe+35 l de petit-lait (PL). L'orge a été distribuée au moyen d'un distributeur automatique de concentrés et correspondait à un équivalent énergétique de petit-lait. Le petit-lait doux a été distribué chaud (40°C) au bidon une fois par jour. Le méthane a été collecté *in vivo* selon la méthode de Johnson (1994). Un gaz traceur inerte (SF6) est introduit dans le rumen à l'aide d'une capsule perméable, capable de se mélanger aux autres gaz issus des fermentations (CH4, CO2). La collecte des gaz est réalisée sur 24 heures grâce à un système d'aspiration fixé sur un licol adapté à la tête de l'animal, et relié à un canister dorsal (mis en dépression) dans lequel l'échantillon gazeux vient s'accumuler. Les collectes durent au total 5 jours par animal. Les concentrations en SF6 et CH4 sont ensuite déterminées par analyses chromatographiques. Pour des raisons logistiques, les collectes ont été réalisées sur deux périodes, début juin pour la moitié des animaux et début juillet pour l'autre moitié. Par rapport à la variante herbe (H), les animaux de la variante PL ont eu durant la phase expérimentale complète de 82 jours, un gain moyen quotidien supérieur de +22% alors que leur production de méthane entérique était réduite en moyenne respectivement de 40 et 37% par jour pour les deux périodes de mesures. Un effet de substitution important ayant eu lieu pour la variante O, les valeurs par jour ne sont pas pertinentes. Dans un 2<sup>e</sup> temps, ces données seront également calculées en fonction de l'ingestion estimée.



## 25 Validierung populationsübergreifender, genomischer Zuchtwerte am Beispiel von Schweizer Limousin Fleischrinder

Sophie Kunz<sup>1</sup>, Stefan Neuenschwander<sup>1</sup>, Christian Stricker<sup>1,2</sup>, Fritz Schmitz-Hsu<sup>3</sup>, Urs Vogt<sup>4</sup>, Mathias Gerber<sup>4</sup>, Sébastien Stamane<sup>5</sup>.

<sup>1</sup>Einheit für Tiergenetik, ETH Zürich; <sup>2</sup>agn Genetics GmbH, Davos; <sup>3</sup>Swissgenetics, Zollikofen ;

<sup>4</sup>Mutterkuh Schweiz, Brugg; <sup>5</sup>Ingenomix SA, Boisseuil (F).

Der Test Evalim wurde von der französischen Firma Ingenomix speziell für die Rasse Limousin entwickelt. Diese genomischen Zuchtwerte werden aus den Typisierungen mit dem Illumina 54K Chip und den phänotypischen Merkmalen Leichtkalbigkeit, Wachstum, Bemuskelung, Rahmen, Knochenfeinheit, Kalbeverlauf und Milchleistung geschätzt. Die Referenzpopulation besteht aus rund 2700 französischen Stieren und die Sicherheit variiert je nach Merkmal zwischen 45-68%.

Mit dieser Masterarbeit sollen die folgenden Fragen beantwortet werden:

1. Sind die französischen und die schweizerischen Phänotypen vergleichbar?
2. Wie hoch sind die Korrelationen zwischen den traditionellen und Evalim Zuchtwerte in der Schweiz?
3. Kann die französische Referenzpopulation für Schweizer Merkmale verwendet werden?
4. Nachzuchtgeprüfte Schweizer Limousin-Stiere wurden genotypisiert. Die Beziehungen der SNPs zu den Leistungsmerkmalen werden untersucht und mit den Ergebnissen aus der Literatur verglichen. Welche Schlüsse lassen sich trotz des geringen Datenumfangs ziehen?

## 26 Vergleich von Schlachtleistungsmerkmalen bei Schweizer Fleischrinderrassen

<sup>1</sup>Hulst S, <sup>1</sup>Burren A, <sup>2</sup>Bürgisser M, <sup>2</sup>Iten A & <sup>1</sup>Kunz P

<sup>1</sup>Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften HAFL, Länggasse 85, 3052 Zollikofen

<sup>2</sup>Mutterkuh Schweiz, Stapferstrasse 2, 5201 Brugg

Die Herdebuchzahlen von Mutterkuh Schweiz beweisen, dass in den letzten Jahren die Anzahl der Fleischrinderrassen und der Fleischrinderkreuzungstiere stetig zugenommen hat. In diesem Zusammenhang stellt sich die Frage, mit welcher Rasse bzw. Kreuzung welche Schlachtkörperqualität erzielt werden kann? Um diese Frage zu beantworten, stellte Mutterkuh Schweiz die CH-TAX Daten von 34'662 Tieren 23 verschiedener Rassen und Kreuzungen von Rassetiereltern aus der Periode 2010-2013 für eine Bachelor Thesis an der HAFL zur Verfügung. Untersucht wurden die Merkmale Schlachtgewicht, Fleischigkeit und Fettabdeckung, wobei die Fleischigkeit in numerische Werte umcodiert wurde (X=0, A=1, T=-2, T=3, T+=4, H=5, C=6). Für den Vergleich wurden die drei Variablen mit einem gemischten linearen Modell nach Geschlecht, Geburtsmonat, Schlachtjahr und Betrieb korrigiert und auf 305 Tage (mittleres Schlachalter) standardisiert. Reine Charolais Tiere erzielten mit 248 kg das sign. höchste Schlachtgewicht, gefolgt von den Kreuzungen Charolais x Braunvieh (246.3 kg) und Simmental x Charolais (244.5 kg). Kein sign. Unterschied zeigte sich auch zur Kreuzung Limousin x Charolais (241.2 kg), wobei diese sich wiederum bezüglich des mittleren standardisierten Schlachtgewichtes nicht sign. von den Kreuzungen Original Braunvieh x Limousin (236.2 kg) und Simmental x Limousin (238.5 kg) unterscheidet. Die sign. höchsten mittleren standardisierten Fleischigkeiten zeigten sich bei reinen Limousin (5.82), Limousin x Charolais (5.79), reinen Charolais (5.75), reinen Aubrac (5.71) und Limousin x Aubrac (5.64) Tieren. Weniger grosse Unterschiede zeigten sich bei der Fettabdeckung. 17 Rassen/Kreuzungen weisen eine mittlere standardisierte Fettabdeckung im Bereich von 3 bis 3.35 auf. Sign. tiefer, aber immer noch sehr nahe an der erwünschten gleichmässigen Fettabdeckung, lagen Tiere der Rassegruppen reine Salers (2.84), Limousin x Charolais (2.8), reine Aubrac (2.61), reine Charolais (2.6), reine Limousin (2.59) und Limousin x Aubrac (2.58). Die Ergebnisse zeigen, dass die Wahl der Mastrasse bzw. der Mastkreuzung die Schlachtqualität signifikant beeinflussen kann.

## 27 Optimising slaughter yields by selective crossbreeding of beef and dairy cattle

Mueller, A.C., Burren, A. & Joerg, H.

*Bern University of Applied Sciences, School of Agricultural, Forest and Food Sciences HAFL, Länggasse 85, 3052 Zollikofen*

Not every breed cross of beef and dairy cattle results in equally high slaughter yields. This study aims to determine which crossbreeds produce the best returns in terms of carcass weight, conformation and fat cover. The data set consisted of 601'669 crossbreeds born between 2000 and 2012 resulting from a cross between dairy breed x beef breed or dairy breed 1 x dairy breed 2. To compare carcass weights between the crossbreeds, a linear mixed model was used to adjust weights for birth month, slaughter year, sex, litter size, zone, carcass fat cover and conformation. By including frequency distributions of carcass conformation and fat cover, it was possible to determine the best breeding partner for each dairy breed in terms of slaughter yield. Blonde d'Aquitaine and Charolais are suitable breeding partners for Braunvieh in all slaughter categories, while Belgian Blue crosses with Braunvieh are characterised by high carcass weights and excellent conformation in the fattening calf and bull slaughter categories. Fleckvieh and Holstein Friesian crosses with Blonde d'Aquitaine and Charolais cattle produce good results across all slaughter categories. Fleckvieh crosses with Montbéliarde are particularly well-suited to producing fattening calves and bulls. Simmental crosses with the Braunvieh, Fleckvieh and Holstein Friesian dairy breeds show good success in producing fattening calves. Crosses between Simmental and Charolais are recommended for bull, oxen and cattle fattening.

## 28 Analyse der rätschen Grauviehpopulation in der Schweiz

Hubert Würsch, Christine Flury<sup>1</sup>, Jürg Boos<sup>2</sup>, Anet Spengler Neff<sup>3</sup>,

*Stalden 1, 6371 Stans; <sup>1</sup>HAFL, Länggasse 85, 3052 Zollikofen; <sup>2</sup>ZHAW, Grüental, 8820 Wädenswil;*

*<sup>3</sup>FiBL, Ackerstrasse 113, 5070 Frick*

Nach der Wiedereinführung des Grauviehs in die Schweiz 1985, wurde 1991 eine erste Populationsanalyse durchgeführt. Mit der vorliegenden Bachelorarbeit der ZHAW Wädenswil wurde die aktuelle Struktur der Population des Rätischen Grauviehs in der Schweiz untersucht. Die Populationsentwicklung, die Inzucht- und die Leistungsdaten der Rasse sowie die Betriebsstrukturen und die Zuchtziele innerhalb der Genossenschaft der Grauviehzüchter (GdG) wurden eruiert und mit 1991 verglichen. Als Grundlage dienten das Herdebuch der GdG, die MLP sowie die Betriebsstrukturerehebungsdaten des BLW. Zusätzlich wurde bei den 193 Züchtenden eine Umfrage durchgeführt. Von insgesamt 2'463 Tieren der Rasse waren 2013 126 Stiere und 1'444 Kühe für die Zucht zugelassen, wobei die Anzahl Tiere in der Zucht seit 2010 abnimmt. Das Erstkalbealter liegt bei 29.4 Monaten. Die Milchleistung ist mit 8.37 kg pro kg Lebendgewicht vergleichbar mit der Leistung von Original Braunviehkühen auf Bio-Betrieben. Der Anteil Bio- Betriebe (61 %) und der Anteil ökologischer Ausgleichsflächen (23.6 %) sind bedeutend höher als im Schweizer Durchschnitt. Mindestens 67 % der GdG Betriebe sind Hauptberufsbetriebe. Der Inzuchtkoeffizient  $F$  liegt für die verschiedenen Referenzgruppen 2011 zwischen 2.3 % und 6.2 %, die effektive Populationsgrösse  $N_e$  ist zwischen 61 und 89 und die Zunahme des Inzuchtkoeffizienten  $\Delta F$  pro Generation liegt zwischen 0.56 % und 0.82 %. Gemäss den Gefährdungskriterien des BLW gilt das Rätische Grauvieh aktuell als gefährdet. Die Tiere in der Zucht entsprechen mit einer Widerristhöhe von 117.7 cm und einer Lebensdauer von 9.8 Jahren dem Rassestandard. Es ist wichtig, dass die Züchtenden die Abstammungen vollständig dokumentieren, Leistungsdaten erfassen, gemäss den Zuchtzielen selektionieren und genügend Vatertiere halten. Die GdG sollte den Einsatz vieler, nicht verwandter Linien fördern und die Leistungsprüfungen unterstützen. Die Forschung sollte sich vermehrt mit den alten Rassen und ihren besonderen Leistungen im Vergleich zu den kommerziellen Rassen befassen.

## 29 Einfluss von Brown Swiss Genetik und Weidegang auf die Fettsäurezusammensetzung von Kuhmilch

A. Bieber<sup>a</sup>, S. Stergiadis<sup>bc</sup>, E. Franceschin<sup>d</sup>, A. Isensee<sup>a</sup>, M.D. Eyre<sup>b</sup>, V. Maurer<sup>a</sup>, E. Chatzidimitriou<sup>b</sup>, G. Cozzi<sup>d</sup>, B. Bapst<sup>e</sup>, G. Stewart<sup>b</sup>, A. Gordon<sup>f</sup>, G. Butler<sup>b</sup>, C. Leifert<sup>b</sup>

<sup>a</sup>FiBL Research Institute of Organic Agriculture, Department of Livestock Sciences, Ackerstrasse 113, P.O. Box 219, CH-5070, Frick, Switzerland, <sup>b</sup>Nafferton Ecological Farming Group, School of Agriculture Food and Rural Development, Newcastle University, Nafferton Farm, Stocksfield, Northumberland, NE43 7XD, UK, <sup>c</sup>Agri-Food and Biosciences Institute, Sustainable Agri-Food Sciences Division, Agriculture Branch, Large Park, Hillsborough, Co Down BT26 6DR, UK, <sup>d</sup>University of Padua, Department of Animal Medicine, Production and Health, Viale dell' Università 16, Agripolis, 35020 Legnaro, Padua, Italy, <sup>e</sup>Qualitas AG, Chamerstrasse 56, CH-6300 Zug, Switzerland, <sup>f</sup>Agri-Food and Biosciences Institute, Finance & Corporate Affairs Division, Biometrics & Information Systems Branch, 18a Newforge Lane, Belfast, Co Antrim BT9 5PX, UK

In dieser Studie wurde der Einfluss des Anteils an Brown Swiss (BS) Genetik und der Futteraufnahme von der Weide auf die Fettsäurezusammensetzung der Milch von Braunvieh Kühen (n=863) untersucht. Auswertungen mittels gemischten linearen Modellen zeigten, dass die Genetik keinen signifikanten Einfluss auf die Milchleistung sowie auf den Fett- und Proteingehalt hatte. Milch von Kühen mit geringeren Anteilen an BS Genetik wies u.a. höhere Gehalte an mehrfach ungesättigten Fettsäuren, Omega-3 Fettsäuren (n-3) und geringere Gehalte an gesättigten Fettsäuren sowie ein höheres Verhältnis von n-3 zu Omega-6 Fettsäuren auf, als Milch von Tieren mit >75% BS Genetik. Die gefundenen Unterschiede waren nicht immer statistisch signifikant. Die Ergebnisse können teilweise mit einem höheren Weideanteil erklärt werden, der mit abnehmender BS-Genetik einherging. Es wird die Schlussfolgerung gezogen, dass sich ein hoher Anteil Original Braunvieh Genetik positiv auf die Fettsäurezusammensetzung der Milch auswirken kann, insbesondere bei TS-Aufnahme von mehr als 75% von der Weide.

## 30 Genotypfrequenzen von Kappa-Kasein und bekannten Erbfehlern in Schweizer Milchrinderrassen

Christine Bütikofer, Lara Lobsiger, Alexander Burren, Franz Seefried\*, Christine Flury  
Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften, Länggasse 85, 3052 Zollikofen;  
\*Qualitas AG, Chamerstrasse 56, 6300 Zug

Seit der Entschlüsselung des Rindergenoms im Jahr 2009 hat sich in der Rindviehzucht einiges geändert. Für die Tiere werden neu genomische Zuchtwerte geschätzt. Wird ein Tier mit einem der GeneseekGenomicProfiler-Arrays genotypisiert, werden die Genotypen für Kappa-Kasein und bekannte Erbfehler mitbestimmt. Ziel der Arbeit war es, die Frequenzen von Kappa-Kasein, Brachyspina und CVM bei den Rassen HO, RH, SF und SI zu bestimmen. Analog wurden die Frequenzen von Kappa-Kasein, Beta-Kasein, Beta-Lactoglobuline und SMA, SDM, Weaver und Spinnengliedrigkeit bei den braunen Rassen (BV, OB) ausgewertet.

Die Daten wurden freundlicherweise von der Qualitas AG aufbereitet. Erste Ergebnisse aus der Analyse mit Excel sind bekannt. Die Genotypfrequenzen der Kappa-Kasein-Proteintypen über alle braunen Rassen sehen folgendermassen aus: AA=0.077, AB=0.417, AC=0.003, BB=0.502, BC=0.001. Die Genotypfrequenzen der roten und schwarzen Rassen sind AA=0.484, AB=0.345, AE=0.073, BB=0.066, BC=0.001, BE=0.031, EE=0.001. Kappa-Kasein hat einen Einfluss auf die Verkäseungseigenschaften der Milch. Die Proteinvariante B wirkt sich positiv auf die Käseausbeute aus, deshalb ist der Genotyp BB erwünscht. Gut 50% der braunen Tiere weisen diesen Genotypen auf, bei den roten und schwarzen Rassen sind es nur etwa 6.5% der untersuchten Stichprobe. Um die gewünschte Variante B bei den roten und schwarzen Rassen zu erhöhen, sollte bei der Stierenwahl auf den Kappa-Kasein-Typ BB geachtet werden.

Bei der Interpretation der Genotypfrequenzen muss berücksichtigt werden, dass die Stichprobengrösse für die Rassen SI, RH und OB sehr klein sind. Analog zu Kappa-Kasein werden die Genotypfrequenzen für die Erbfehler bestimmt und vorgestellt. In der vorliegenden Arbeit werden erstmals Genotypfrequenzen für umfangreiche Stichproben aus beiden Geschlechtern in Schweizer Milchrinderrassen geschätzt.

### 31 Genetische Diversität bei Schweizer Rinderrassen

Heidi Signer-Hasler<sup>1</sup>, Birgit Gredler<sup>2</sup>, Alexander Burren<sup>1</sup>, Markus Neuditschko<sup>3</sup>, Beat Bapst<sup>2</sup>, Christine Baes<sup>2</sup>, Dorian Garrick<sup>4</sup>, Christian Stricker<sup>5</sup>, Christine Flury<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Berner Fachhochschule, HAFL, Zollikofen, Schweiz; <sup>2</sup>Qualitas AG, Zug, Schweiz; <sup>3</sup>Agroscope, Schweizerisches Nationalgestüt, Avenches, Schweiz; <sup>4</sup>Iowa State University, Ames, IA, United States of America; <sup>5</sup>agn Genetics, Davos, Schweiz

In dieser Studie wurden 50k SNP-Genotypen von über 9000 Stieren der Rassen Braunvieh (BV), Brown Swiss (BS), Original Braunvieh (OB), Holstein (HO), Red Holstein (RH), Swiss Fleckvieh (SF), Simmental (SI), Eringer (ER) und Evolèner (EV) für eine Analyse der genetischen Diversität zwischen und innerhalb Rassen verwendet.

Im Rahmen der Datenaufbereitung wurden gängige Filterkriterien angewendet. Es wurden nur SNPs berücksichtigt, die eine Call Rate von  $\geq 90\%$  und eine Häufigkeit des selteneren Allels  $> 0.01$  hatten. Insgesamt wurden für die durchgeführten Berechnungen 28948 genomweite SNP-Genotypen herangezogen.

Der Fixationsindex  $F_{ST}$  wird zur Abschätzung der genetischen Unterschiede zwischen Populationen herangezogen und kann Werte zwischen 0 und 1 annehmen. Die berechneten paarweisen  $F_{ST}$ -Werte lagen im Bereich von 0.007 (BV/BS) bis 0.156 (HO/BS). Danach sind BV und BS am wenigsten und HO und BS am stärksten differenziert. Die durchschnittlich beobachtete Heterozygotie variierte zwischen 35.3% (BS) und 39.3% (SF). Die durchschnittliche genomische Verwandtschaft war am tiefsten für SF (4.5%) und am höchsten für BS (15.4%). Zudem wurde die feinskalierte Populationsstruktur der einzelnen Rassen analysiert. Die vorliegenden Parameter erlauben eine allgemeine Aussage zur aktuellen genetischen Diversität in den Schweizer Rinderrassen.

### 32 Genetische Analyse der Schweizer Honigbienenpopulationen mittels Genomsequenzierung

MELANIE PAREJO<sup>1,2,3</sup>, David Wragg<sup>4</sup>, Peter Neumann<sup>2</sup>, Laurent Gauthier<sup>1</sup>, und Markus Neuditschko<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Zentrum für Bienenforschung, Agroscope, Schwarzenburgstrasse 161, Bern. <sup>2</sup>Institut für Bienengesundheit, Universität Bern, Schwarzenburgstrasse 161, Bern. <sup>3</sup>Kompetenzzentrum für Tierzucht und Genetik, Universität Bern, Berner Fachhochschule HAFL und Agroscope, Schweiz.

<sup>4</sup>Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), GenPhySE, 31326 Castanet Tolosan, Frankreich.

Für die Westliche Honigbiene, *Apis mellifera*, ist eine hohe genetische Diversität wichtig für die Völker-vitalität und unabdingbar um auf zukünftige Umweltveränderungen wie Klimawandel und das Aufkommen neuer Krankheiten und Parasiten rasch reagieren zu können. Die Honigbiene ist ein wichtiger Bestäuber für Wild- und Nutzpflanzen, sowie ein semi-domestiziertes Tier für die Honigproduktion. Durch den invasiven Ektoparasit *Varroa destructor* sind wilde Honigbienen in Europa heute praktisch nicht mehr vorhanden und die Völkerverluste der gehaltenen Bienen sind enorm. Obwohl weltweit intensiv geforscht wird, wurde bisher noch keine langfristige Lösung für das Problem gefunden. Daher ist es umso wichtiger, die genetische Vielfalt zu erhalten, Inzucht zu vermeiden, sowie robuste und tolerante Völker zu züchten.

Mit den neuesten Entwicklungen in der Next-Generation-Sequenzierung (NGS) und der Veröffentlichung des Honigbienen- Referenzgenoms, ist es möglich viele Individuen preisgünstig zu sequenzieren. Verbunden mit Phänotypdaten, die im Zuge der konventionellen Zuchtwertschätzung an anonymen Prüfstellen erfasst werden, können genomweite Assoziationsstudien durchgeführt werden. Dies ist ein wichtiger erster Schritt für die Implementierung der genomischen Selektion in das Schweizerische Zuchtprogramm der Honigbienen.

Wir haben 120 Schweizer Honigbienen sequenziert und präsentieren hier ein Tool für die bioinformatische Aufbereitung von NGS Daten.

### **33 Evaluierung von Serum-Methylmalonsäure und Homocystein-Konzentrationen bei Schweinen zwischen der 6. und 26. Lebenswoche**

*N. Grützner<sup>1,2</sup>, T. Opriessnig<sup>3</sup>, SB. Keyser<sup>1</sup>, JS. Suchodolski<sup>1</sup>, H. Nathues<sup>2</sup>, JM. Steiner<sup>1</sup>*

*<sup>1</sup>GI Lab, Texas A&M University, USA; <sup>2</sup>Nutztierklinik, Vetsuisse-Fakultät Bern, Schweiz; <sup>3</sup>Veterinary Diagnostic and Production Animal Medicine, Iowa State University, USA.*

Cobalamin und Folsäure haben eine wichtige Bedeutung im Aminosäurestoffwechsel und der RNA & DNA Synthese. Zwei intrazelluläre Enzyme, die Methionin-Synthase und die Methylmalonyl-CoA Mutase sind Cobalamin- beziehungsweise Cobalamin- und Folsäure-abhängig. Ein Mangel an Cobalamin und/oder Folsäure auf der zellulären Ebene führt zur Anreicherung von Methylmalonsäure (MMS) beziehungsweise Homocystein (HCY) im Serum. Veränderte MMS und HCY-Konzentrationen im Serum können den Aminosäurestoffwechsel und die RNA & DNA Synthese bei Schweinen beeinflussen. Das Ziel dieser Studie war, die Serum-MMS und HCY-Konzentrationen bei Schweinen zwischen der 6 und 26 Lebenswoche zu evaluieren. Serumproben von Schweinen (n=12) in den Lebenswochen (Wo) 6, 7, 8, 9, 10, 14, 18, 22 und 26 wurden für diese Studie verwendet. Serum-MMS und HCY-Konzentrationen wurden mit einer Gas-Chromatographie resp. einer Massenspektrometrie gemessen. Anschliessend wurden Werte von denselben Schweinen zu den einzelnen Zeitpunkten verglichen und Unterschiede mittels Friedman Tests und Dunn's Posttest analysiert. Die Serum-MMS-Konzentrationen und HCY-Konzentrationen zeigten signifikante Unterschiede zwischen den Zeitpunkten ( $p < 0.0001$ ). Die Schweine hatten signifikant höhere Serum-MMS-Konzentrationen in Wo-6, -7, -8, -9 und -10 im Vergleich zu Wo-14, -18, -22 und -26 ( $p < 0.001$ ). Die Schweine hatten signifikant höhere Serum-HCY-Konzentrationen in Wo-6, -7 und -10 im Vergleich zu Wo-8, -9, -14, -18, -22 und -26 ( $p < 0.01$ ). In dieser Studie konnte gezeigt werden, dass Serum-MMS und HCY-Konzentrationen einer altersabhängigen Veränderung bei Schweinen nach dem Absetzen unterliegen. Eine möglicherweise geringere Verfügbarkeit des Cobalamin und der Folsäure auf der zellulären Ebene kann sich negativ auf den Aminosäurestoffwechsel und die RNA & DNA Synthese bei Schweinen nach dem Absetzen auswirken.

### **34 Association Studies on Boar Taint in a Swiss Sire Line**

*Strasser S.<sup>1</sup>, Hofer A.<sup>2</sup>, Luther H.<sup>2</sup>, Neuenschwander S.<sup>1</sup>, Baes C.<sup>1</sup>*

*1 Swiss Federal Institute of Technology Zürich, Tannstrasse 1, CH-8006 Zürich, Switzerland*

*2 SUISAG, Allmend 8, CH-6204 Sempach, 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. Approaches like immunocastration, feeding management, sperm-sexing, slaughter before sexual maturity or breeding intact males have been analysed, however, none of these approaches can replace surgical castration in satisfactory way. A promising approach is targeted breeding against boar taint using SNP marker information to find specific regions which influence boar taint.

In this study, 60 differentially selected PREMO® boars were genotyped for 100 markers known to be associated with boar taint traits in a Canadian population. Boars were selected according to their Boar Taint Index (EBI, an index with weighted values of androstenone, skatol and indol). Single marker association studies were conducted using the R software.

A total of 11 markers on 5 chromosomes (SSC6, SSC10, SSC14, SSC15 and SSC16) were found to have significant ( $\alpha = 0.05$ ) association with boar taint phenotypes. The strongest associations were found on SSC14, whereby some SNP were significant for multiple phenotypes.

Our results show that there are indeed specific SNP markers significant effects on boar taint. Further research and larger animal numbers are required to validate these results.

### 35 Genome-wide association analysis of fertility traits in Swiss dairy cattle

Bapst B.<sup>1</sup>, Baes C.<sup>1,2</sup>, Seefried F.<sup>1</sup>, Flury C.<sup>2</sup>, Signer-Hasler H.<sup>2</sup>, Garrick D.<sup>3</sup>, Stricker, C.<sup>4</sup>, Gredler B.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Qualitas AG, Zug Switzerland

<sup>2</sup>Bern University of Applied Sciences, Zollikofen Switzerland

<sup>3</sup>Iowa State University, Ames, IA, United States of America

<sup>4</sup>agn Genetics, Davos, Switzerland

Large-scale, in-depth, genome-wide analyses of various economically important traits are now possible due to the increasing availability of medium (50K; 54,609 SNP) and high-density (HD; 777,962 SNP) genotyping arrays. Genome-wide association studies (GWAS) provide a powerful tool for identifying associations between observable phenotypes and variants in the underlying genome. Here we present GWAS results for 5 fertility traits comprising routinely evaluated in Swiss Brown Swiss cattle. Traits analysed included non-return-rates in heifers (NRR\_H) and cows (NRR\_C), days to first service (DFS), and intervals between first and last insemination in heifers (IFL\_H) and in cows (IFL\_C). Imputation was carried out with FImpute. After filtering out monomorphic SNPs, and those with minor allele frequency  $\geq 0.05$ , a total of 654,847 imputed SNPs on 29 bovine autosomes remained in the data set. Deregressed breeding values of 1502 (IFL\_H) to 3379 (NRR\_C) progeny-tested bulls were used as phenotypes. In consideration of population stratification, GWAS were conducted using the Efficient Mixed-Model Association expedited (EMMAX) algorithm implemented in the SNP & Variation Suite package GoldenHelix. Different corrections (Bonferroni, false discovery rate) were applied. Regions on BTA3, 17, and 25 were associated with NRR\_C, 1 region on BTA29 was associated with DFS, and 1 region on BTA8 was associated with IFL\_C, using genome-wide significance levels. The promising results presented here provide evidence that specific regions of the genome are associated with fertility traits in Brown Swiss cattle.

*The authors gratefully acknowledge financial support from the Swiss Cattle Breeders Association (ASR) and the Swiss Commission for Technology and Innovation (CTI). Genotype provision: Intergenomics consortium, LowInputBreeds, Quantomics, Braunvieh Austria, LfL Bayern, Brown Swiss Cattle Breeder Association*

### 36 Cytogenetic analyses in nine mares with fertility problems

C Schelling<sup>1</sup>, S Neuhauser<sup>2</sup>, J Handler<sup>2</sup>, A Pieńkowska-Schelling<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Clinic of Reproductive Medicine, University of Zurich, Winterthurerstrasse 260, 8057 Zurich, Switzerland; <sup>2</sup>Equine Reproduction Centre Bad Saarow, Free University of Berlin, Silberberg 1, 15526 Bad Saarow

While fertility of breeding stallions is rather well acknowledged by semen evaluation, broodmares are not underlying mandatory regulations concerning fertility examination. As a result, a substantial number of mares carrying chromosomal aberrations are designated for breeding. Such mares will have a high risk to produce gametes unable to carry out successful pregnancies. We started a program in order to karyotype mares with fertility problems and 9 cases of mares which were referred to us by private veterinarians or by clinics for reproductive medicine in Switzerland and Germany are presented. Chromosome analyses were performed by banding and chromosome painting techniques. PCR was used to establish the *SRY* status. Only three cases showed normal karyotypes (64,XX) for which no numerical or big structural (> 5-10 Mb) abnormality were observed. Another mare had a normal karyotype but was a case of 64,XY (*SRY* negative) sex reversal. For two independent cases a deletion in the long arm of the X chromosome involving the heterochromatic block was observed (64,XX/64XXdel(Xq2.1). Interestingly, for one of these cases the same deletion was found in two other closely related animals. The three remaining mares had a 65,XXX karyotype, a mosaic karyotype 63,X/63X,der(Y) and a mosaic karyotype 64,XX/63,X/65,XXi,der(X)q. The present results of preselected mares emphasizes the importance of early chromosome analysis for all female horses as soon as an animal has been chosen for breeding.

### 37 Marker chromosomes and their possible role in bovine fertility

A Pieńkowska-Schelling, C Schelling

Clinic of Reproductive Medicine, University of Zurich, Winterthurerstrasse 260, 8057 Zurich, Switzerland

Chromosomal aberrations may lead to cancer, malformations, abnormal behaviour or fertility problems. Beside numerical and structural aberrations which are commonly known, so called marker chromosomes have been found to be present in certain cells, beside the normal chromosome complement. So far, they were described mainly in karyotypes of human, but they also were found in domestic and wild animal species. Marker chromosomes are very small chromosomal pieces and they cannot be characterized or identified by conventional banding techniques. They may arise *de novo* or they may be inherited. It has been demonstrated in humans, that they can affect fertility.

We present a case of a Brown Swiss bull which was to be slaughtered at the veterinary clinic in Zurich. This bull was not fertile, but there was no detailed anamnesis. From a heparinized blood sample the chromosomes were prepared and analyzed. His mosaic karyotype was 60,XY/60,XY+mar. The cell line with the marker chromosome was seen with a frequency of 20%. The challenge of marker chromosomes is to identify its origin and to determine the amount of euchromatin (gene content) and heterochromatin. Marker chromosomes may cause unbalanced gene doses or they may prevent correct segregation of chromosomes during cell divisions. This could explain their negative influence on phenotypes.

### 38 Re-sequencing of the F4ab / F4ac receptor candidate region in pig

Bratus A.<sup>1,2</sup>, Rampoldi A.<sup>1</sup>, Hu D<sup>1</sup>, Russo G.<sup>2</sup>, Neuenschwander S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>ETH Zurich, Institute of Agricultural Science, Tannenstrasse 1, 8092 Zürich, Switzerland;

<sup>2</sup>ETH Zurich/University of Zurich, Functional Genomics Center Zurich, Winterthurerstrasse 190, 8057 Zurich, Switzerland

Although the number of genetic markers allows the successful selection of pigs resistant to ETEC (enterotoxigenic E.coli) F4 ab/ac, the cellular receptor responsible for bacteria adhesion in susceptible animals is still unknown. The linkage analyses as well as sequencing approaches showed evidences that *MUC13* is a strong candidate encoding intestinal receptor for ETEC E F4ab/ac. We aim to re-sequence genomic region covering *MUC13* in BACs carrying both susceptible (SBAB-1031H10) and resistant (CH242-101B19) variant of its sequence as well as *MUC13* transcripts isolated from enterocytes of both resistant and susceptible animals. It is noteworthy to mention that the latest pig genome reference (Ref 10.2) contains lack of complete assembly of Chr13 including *MUC13* locus.

Long read (15 kb) single molecule, real-time DNA sequencing on PacBio RSII allows us to identify the entire sequences of *MUC13* in both BACs. We confirmed that the regions around exon 2 differ between resistant and susceptible variants. However our results showed some contradiction with previously published data: tandem repeat region is only 1'748 bp long in comparison to 3-5 kb. In addition we did not detect the repetitive region in resistant BAC.

RNA-seq and RT-PCR approaches revealed sequence differences within exon 2 between susceptible and resistant pigs and showed the variable splice sides within exon 2.

In the future we plan to perform iso-form sequencing in order to identify full-length transcripts of *MUC13*.

### **39 Ethnoveterinärmedizinische Forschung in Europa und der Schweiz**

*Michael Walkenhorst, Forschungsinstitut für biologischen Landbau, FiBL, 5070 Frick, CH*

*Christian R. Vogl, Universität für Bodenkultur, BOKU, 1180 Wien, AT*

*Maria Mayer, Universität Teramo, 64100 Teramo, IT*

*Beat Meier, Zürcher Hochschule f. angewandte Wissenschaften, ZHAW, 8820 Wädenswil, CH*

*Matthias Hamburger, Universität Basel, 4056 Basel, CH*

Die EU-Verordnung zur biologischen Landwirtschaft fordert explizit den vorzüglichen Einsatz der Phytotherapie zur Therapie von Nutztierkrankungen. In der Schweiz sind jedoch derzeit gerade noch 2 Tierarzneimittel für Nutztiere zugelassen, deren Wirkstoffe ausschliesslich pflanzlicher Herkunft sind. Aktuelle wissenschaftliche Informationen zum Einsatz von Arzneipflanzen bei Nutztieren sind rar. Die Ethnoveterinärmedizinische Forschung bietet die Möglichkeit das bäuerliche Erfahrungswissen zur Anwendung von Arzneipflanzen zu dokumentieren. Mehr als 550 Pflanzenarten zur Behandlung von Nutztieren wurden bisher für Europa beschrieben, wobei diese Informationen überwiegend aus den südeuropäischen Regionen (IT/ES) stammen. Angaben aus Mittel- und Nordeuropa fehlen überwiegend. Seit 2011 widmet sich ein Forschungsprojekt des FiBL in Zusammenarbeit mit der Universität Basel, der Universität Teramo, der ZHAW in Wädenswil und der BOKU in Wien der flächendeckenden Erfassung dieses Wissens in der Schweiz. Mittlerweile liegen Ergebnisse aus 19 Kantonen vor. Rund 180 Interviews mit über 240 Bäuerinnen und Bauern konnten geführt und mehr als 1600 Rezepturen dokumentiert werden. Davon waren 385 Hausmittel ohne Pflanzenbestandteile, 123 Mischungen von 2-12 Pflanzenarten und 1128 Rezepturen enthielten eine einzelne Pflanzenart als pflanzlichen Bestandteil. Für diese letztgenannten „Monopräparate“ wurden 1469 Anwendungen beschrieben. Echte Kamille, Ringelblume, Beinwell, Kaffee, stumpfblättriger Ampfer und Brennessel gehörten zu den meistgenannten eingesetzten Pflanzenarten. Angewendet wurden sie hauptsächlich bei Erkrankungen des Magen-Darm-Traktes und der Haut. Aktuelle Ergebnisse aus der pharmakologischen, in vitro, in vivo und der klinisch humanmedizinischen Forschung unterstreichen die Sinnhaftigkeit des traditionellen Einsatzes dieser pflanzlichen Rezepturen und die Notwendigkeit diesbezüglicher klinischer Studien beim Nutztier.