



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

Jahrestagung 2026

Spring Conference 2026

Aktuelle Forschung in der Schweiz im Bereich Tierwissenschaften
Current research in Switzerland in the field of animal sciences

Zusammenfassungen der Poster

Summaries of the posters

Mittwoch, 16. April 2026

**Berner Fachhochschule – Hochschule für Agrar-, Forst- und
Lebensmittelwissenschaften (HAFL), 3052 Zollikofen**

Das Verzeichnis der Zusammenfassungen ist nach Nutztierart geordnet.
Die Zusammenfassungen der Poster sind nach ErstautorIn (Posternummer) geordnet.

The list of abstracts is sorted by livestock species.
The poster abstracts are sorted by first author (poster number).

Verzeichnis der Zusammenfassungen

Geflügel / Poultry

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
1	Langfristige, vertragliche Partnerschaften: Das Fundament der Schweizer Wirtschaftsgeflügelhaltung Ineichen S., A. Gloor, D. Zumkehr	5
2	Environmental impact of different strategies to implement the phase-out of male chick culling in Switzerland Lozano-Jaramillo M., C. Bonnefous, V. Maurer	6

Pferd / Horse

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
3	Evaluation de la qualité microbiologique de différents types de fourrage pour chevaux Mossu C., J. Kocher, C. Herholz	7
4	Esparssette in der Pferdefütterung - Akzeptanz & Präferenz von Esparssette Futtermitteln Zweiacker L., S. Holzer, I. Vervuert	8

Rind / Milchvieh: Zucht / Genetik – Cattle / Dairy: Breeding

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
5	Managing the genetic risk of specific traits in cattle mating on real time and on large scale Seefried F., M. Spengeler, A. Rogivue, H. Pausch, C. Drögemüller	9
6	The Swisscow genome hub: A sustainable resource for research and breeding Rogivue A., A. Leonard, F. Seefried, M. Spengeler, H. Pausch, C. Drögemüller	10
7	Zusammenhang zwischen Harnstoffstickstoffgehalt der Milch und der Stickstoffausscheidung im Urin bei vier Schweizer Milchviehrassen Burren A., M. Terranova, M. Kreuzer, T. Kupper, S. Probst	11
8	First Single-step genetic evaluation for claw health traits in Switzerland Widmer S., A. Butty	12
9	Identification of a recessively inherited ALKBH8-related rearing-loss disorder in Brown Swiss cattle Glatthard S., N. K. Kadri, F.R. Seefried, B. Weber, C. Gurtner, S. Meister, L.R. Voitl, A.S. Leonard, H. Pausch, C. Drögemüller, J. Jacinto	13
10	Genetic Indices for Optimizing Beef on Dairy Matings Kunz S., J. Gearing, P. von Rohr	14
11	Advancing Swiss Dairy Cattle Breeding for Reduced Methane Emissions Bapst B., T.F.-O. Neuenschwander, A. Butty	15
12	Identification of genetic variants associated with conformation traits in Swiss dairy cattle Vasiljevic S., F. Seefried, S. Widmer, N.K. Kadri, Q. He, H. Pausch, C. Drögemüller, J. Jacinto	16
13	The potential of GRM5 markers for selecting more explorative grazing personalities in cattle Moreno Garcia C., M.K. Schneider, C.M. Pauler, M. Svensk, H. Zhou, J. Hickford	17

14	Do higher production-oriented dairy breeds show larger losses in poor Alpine pastures? Moreno Garcia C., M.K. Schneider, C.M. Pauler	18
----	--	----

Rind / Milchvieh: Fütterung – Cattle / Dairy: Nutrition

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
15	Impact of colostrum processing on metabolic and endocrine parameters in newborn calves Weber I., M.A.E. von Riedheim, H. Erkinge, O. Calisici, J.J. Gross	19
16	Cholesterol metabolism in early-lactation cows with different body condition scores Heiri T., Hendricks J., Reiche A.-M., Dohme-Meier F., Eichinger J., Gross J.J.	20
17	Einfluss von Mitteln zur permanenten Tränkwasserdesinfektion auf die Fermentationsleistung der Pansenmikroorganismen beim Wiederkäuer Stettler A., S. Probst	21
18	Quels indicateurs pour qualifier l'efficace de production de protéines en élevages bovins lait et viande ? Fazzari M., B. Genin, P. Aeby, E. Ollion, P. Rufer, P. Veysset, B. Reidy	22

Rind / Milchvieh: Haltung / Gesundheit – Cattle / Dairy: Husbandry / Health

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
19	Trockenstehzeiten bei Milchkühen - neue Erkenntnisse aus Laktationsanalysen Burren A., S. Kohler	23
20	Antibiotic use and resistance situation on Swiss dairy farms with contrasting feeding strategies Braun J., E. Bokkers, B. Reidy	24
21	Fertility and health traits of dairy cows on farms with short versus long productive lifespan profiles Bieber A., M. Lozano-Jaramillo, M. Walkenhorst, R. C. Eppenstein	25
22	Assessing the effect of trees on the welfare of dairy cows by limiting insect pressure Bonnetous C., A.L. Hochstrasser, N.O. Verhulst, Z. Amsler, O. Christen, M. Holinger, V. Maurer	26
23	Vorbereitung von Rindern auf dem landwirtschaftlichen Betrieb für die Stressreduktion bei der Schlachtung Burri M., M. Holinger, V. Teslia, J. Dowse, A. Spengler-Neff	27
24	Einfluss genetischer Merkmale, der Sömmerung und Fütterung auf Schlachtkörpereigenschaften von extensiv gemästeten Weiderindern Eppenstein R., S. Martig	28

Schaf / Sheep

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
25	Zuchtwertschätzung CH-TAX bei Schweizer Schafrassen Burren A., A.R. Gilmour, S. Guarneri, C. Aeschlimann	29

Schwein / Pig

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
26	Eine Supplementierung von Schweinemastfutter mit L-Histidin verbessert End-pH-Wert und Wasserbindungsvermögen des Fleisches Scheeder M.R.L., M. Müller	30
27	PigBoneS - Verbesserte Phosphorverwertung und erhöhte Knochenstabilität bei Schweinen Leible M., M. Scheeder, A. Kidane Solomon, M. Oster, H. Reyer, J. Massmann, S. Izak, K. Raum.	31
28	Einfluss verschiedener Sauen- und Geburtsparameter auf die Kolostrumqualität in der freien Abferkelung Egli P.T., J. Adam, C. Rüegg, G. Schüpbach-Regula, J.J. Gross, A. Grahofer	32
29	Zeitreihenanalyse von Schlachthofdaten bei Schweinen Burren A., T. Küng, A. Schütz	33
30	Circadian feeding patterns in Swiss pigs are highly heritable and associated with feed efficiency Gorssen W., C. Winters, N.K. Kadri, N. Khayatzadeh, H. Pausch	34
31	Auswirkungen einer reduzierten Rohproteinfütterung bei Mastschweinen Fiordimondo D., A.-L. Hütten, A. Burren, P. Spring	35

Verschiedene Nutztiere / Various livestock species

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
32	Exploring the genetics of coat color and fleece type in alpacas using the improved VicPac4 reference genome Letko A., M. Mendoza Cerna, G. Lühken, T. Raudsepp, B. W. Davis, C. Drögemüller	36
33	Ongoing livestock genetics research at the Animal GenoPhenomics group Kasper C., N. Neuditschko, M. Frizzarin	37
34	Identifying Genetic Variants for a Mendelian Trait using Long Read Sequencing in Three Domestic Animal Species Voitl L., A. Letko, R. Bruggmann, C. Drögemüller	38

Ausgezeichnete Poster (alphabetische Reihenfolge)

Abstract Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
20	Antibiotic use and resistance situation on Swiss dairy farms with contrasting feeding strategies Braun J., E. Bokkers, B. Reidy	24
28	Einfluss verschiedener Sauen- und Geburtsparameter auf die Kolostrumqualität in der freien Abferkelung Egli P.T., J. Adam, C. Rüegg, G. Schüpbach-Regula, J.J. Gross, A. Grahofer	32
12	Identification of genetic variants associated with conformation traits in Swiss dairy cattle Vasiljevic S., F. Seefried, S. Widmer, N.K. Kadri, Q. He, H. Pausch, C. Drögemüller, J. Jacinto	16

Die ausgezeichneten Abstracts werden als 10-minütige Kurzvorträge zwischen 15:00 und 15:45 präsentiert.

The winning abstracts will be presented as 10-minute short talks between 15:00 and 15:45.

Langfristige, vertragliche Partnerschaften: Das Fundament der Schweizer Wirtschaftsgeflügelhaltung*Ineichen S., A. Gloor, D. Zumkehr*

Stiftung Aviforum, Burgerweg 22, 3052 Zollikofen, Switzerland

Seit Jahrzehnten bilden vertraglich geregelte und langfristige Partnerschaften das Fundament der Schweizer Wirtschaftsgeflügelhaltung – einerseits zwischen Produzenten und Abnehmerorganisationen, andererseits zwischen Produzenten und wichtigen Lieferanten von Produktionsmitteln auf der vorgelagerten Stufe (z. B. Brütereien, Aufzuchtorganisationen, Futtermühlen).

Eine produktionskostenbasierte Festlegung der Produzentenpreise im Rahmen regelmässiger Preisverhandlungen zwischen Produzentenvertretern und Abnehmern bildet eine Grundlage für den wirtschaftlichen Erfolg. Die Produktionskosten basieren auf Modellrechnungen, welche die standardisierten Voraussetzungen einer Vertragsproduktion abbilden. Dabei stellt das realisierte Arbeitseinkommen die wirtschaftliche Zielgrösse dar.

Die Schweizer Wirtschaftsgeflügelhaltung lässt sich weiter anhand folgender Erfolgsparameter beschreiben:

- Markt- und nachfrageorientierte Produktionsplanung der Abnehmer im Rahmen der Vertragsproduktion.
- Laufende und ganzheitliche Beurteilung des Marktes inklusive des Importbedarfs (Produktionsprognosen und Marktumfragen durch das Aviforum und die Branche).
- Partnerschaftliche Zusammenarbeit zwischen Produzenten und Abnehmern.
- Kompetente Beratungsdienste und spezialisierte Veterinärpraxen.
- Starke Interessensvertretung durch Produzentenverbände (GalloSuisse und SGP).
- Höchste Tierschutz- und Tierwohlstandards sowie familiäre Produktionsstrukturen in rund 1.100 professionellen Mast- und 480 Legebetrieben mit über 2.000 Tieren. Basierend darauf hohe Akzeptanz bei den Konsumenten.
- Grosse Eigeninitiative der Branche, laufende und lösungsorientierte Bewältigung von Herausforderungen sowie gutes Einvernehmen mit den Behörden.
- Aviforum ist das Kompetenzzentrum der Schweizer Geflügelbranche. Es bietet Aus- und Weiterbildungsmöglichkeiten für Geflügelhalter an und fördert als nationale Drehscheibe eine hohe Vernetzung innerhalb der Branche.

Environmental impact of different strategies to implement the phase-out of male chick culling in Switzerland

Lozano-Jaramillo M., C. Bonnefous, V. Maurer

FiBL, Department of Livestock Science, Ackerstrasse 113, 5070 Frick, Switzerland

Since 1 January 2026, the culling of day-old male chicks of layer genotypes has been prohibited in Switzerland. In organic farming, sex determination is also banned, requiring all laying hen brothers to be reared. Approved strategies include the use of dual-purpose breeds or layer genotypes meeting minimum daily weight gain requirements. However, data on the environmental implications of these strategies remain limited.

This study assesses the environmental implications of different production strategies in which cockerels are reared. This study evaluated the greenhouse gas (GHG) emissions associated with egg and meat production from laying hens and their brothers using a cradle-to-farm gate approach. Life Cycle Assessment models were performed with the FarmLCA across virtual organic farms differing in hen genotype (brown, dual-purpose) and lifespan (69, 80, 90 weeks), associated with different liveweight, mortality, egg production, and feed intake. Results were expressed as GHG emissions per (1) hen, (2) kg of egg mass, and (3) kg of meat of the cockerel, enabling comparisons among systems.

Results indicate that the climate footprint of egg production is strongly influenced by hen productivity and cockerel growth performance. Extending the productive lifespan of hens (80–90 weeks) reduces GHG emissions per kilogram of eggs by distributing environmental burdens over higher egg output. Emissions per kilogram of meat are lower for heavier dual-purpose cockerels, decreasing their relative contribution to total system impacts. Overall, higher egg yield per hen reduces the proportional environmental burden of rearing cockerels.

Cockerels contribute about 5.5–9% of the total environmental impact of egg production. Extending hen lifespan, already a common practice in Switzerland, effectively mitigates the relative impact of cockerel rearing. Improving feed conversion efficiency of laying hens represents the greatest potential for further reducing environmental impacts. Future research should also evaluate economic implications to support environmentally and economically sustainable production systems.

Evaluation de la qualité microbiologique de différents types de fourrage pour chevaux*Mossu C., J. Kocher, C. Herholz*

Bernier Fachhochschule – Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften (HAFL)

Le fourrage est une source majeure de poussières fines et de germes aériens dans les écuries, représentant un risque pour les voies respiratoires des chevaux. Des essais standardisés ont été mis en place pour mesurer les concentrations de poussières (PM2.5 et PM10) ainsi que de germes aériens (germes totaux, moisissures, levures, actinomycètes) libérés par différents types de fourrage (11 foin, 7 foin écologique, 1 regain et 1 haylage). Les mesures ont été réalisées à l'aide d'un capteur SDS011 pour les poussières et d'une nouvelle méthode combinant un collecteur MBASS30 à un cylindre contenant le fourrage pour la collecte des germes. Chaque échantillon a également fait l'objet d'une analyse sensorielle et d'une détermination de la composition botanique et structurelle.

Les teneurs en poussières varient entre 4.38 à 515,26 $\mu\text{g}/\text{m}^3$ (PM2.5) et 14.94 à 1'518,17 $\mu\text{g}/\text{m}^3$ (PM10). Les concentrations de germes aériens varient de 23'288 à 116'622 unités formant des colonies (UFC)/ m^3 pour les germes totaux, de 1'655 à 11'322 UFC/ m^3 pour les moisissures, de 663 à 7'663 UFC/ m^3 pour les levures et de 333 à 6'667 UFC/ m^3 pour les actinomycètes. Une différence significative a été observée pour les germes totaux, avec des concentrations plus faibles dans les foin séchés en grange comparés à ceux séchés au champ. Des corrélations significatives ont été observées pour les poussières, les concentrations de PM2.5 et PM10 étant liées à certaines caractéristiques du fourrage, notamment la teneur en matière sèche, la proportion de feuilles et d'autres plantes, ainsi que la qualité sensorielle (odeur et souillures). Pour les germes aériens, seule l'odeur présente une corrélation avec les concentrations de levures. Aucune corrélation significative n'a été mise en évidence entre poussières et germes, ni entre les résultats des analyses et la présence de troubles respiratoires chez les chevaux.

Cette étude montre qu'un fourrage peu poussiéreux peut néanmoins libérer une quantité importante de germes aériens, et inversement. Un faible niveau de poussières est associé à une meilleure qualité sensorielle, mais pas nécessairement à une meilleure qualité microbiologique.

Espарsette in der Pferdefütterung - Akzeptanz & Präferenz von Espарsette Futtermitteln*Zweiacker L.¹, S. Holzer¹, I. Vervuert²*¹School of Agricultural, Forest and Food Sciences HAFL/Bern University of Applied Sciences, Länggasse 85, 3052 Zollikofen, Switzerland²Institute of Animal Nutrition, Nutrition Diseases and Dietetics / Faculty of Veterinary Medicine, University Leipzig, An den Tierkliniken 9, D-04103 Leipzig, Germany

Die Espарsette wurde bereits in der Vergangenheit als eiweissreiche Futterpflanze eingesetzt, jedoch in der modernen Landwirtschaft zunehmend durch ertragreichere Kulturen verdrängt. Aufgrund häufiger auftretender Trockenperioden sowie steigenden Bedarfs an Futterpflanzen für Pferde mit Stoffwechselerkrankungen und erhöhten Proteinbedarf rückt sie erneut in den Fokus. Ziel dieser Arbeit war es, die Akzeptanz der Espарsette bei Pferden, die bevorzugte Konfektionsform, die sichere Anwendung sowie die Nährstoffzusammensetzung zu untersuchen.

Ein Quellversuch wurde mit 10 Futtermitteln zur Bestimmung der Quellgeschwindigkeiten und der Wasserhaltekapazitäten durchgeführt. Darauf folgte ein Akzeptanzversuch mit 8 gesunden Warmblutpferden im Cross-over-Design. Alle verwendeten Futtermittel für den Akzeptanzversuch sowie für den Präferenzversuch wurden aufgrund der Ergebnisse des Quellversuchs eingeweicht verfüttert. Nach einer fünftägigen Gewöhnungsphase mit eingeweichten Heucobs (HC) wurden die Pferde jeweils fünf Tage lang mit Espарsette-Cobs 1 (EC 1) bzw. Espарsette-Fasern (EF) gefüttert, unterbrochen von einer viertägigen Washout-Phase mit Heucobs. Die Futtermittel wurden den Pferden jeweils für zehn Minuten angeboten. Der darauffolgende Präferenzversuch wurde mit 16 gesunden Pferden, davon acht Warmblütern und acht Freibergern, ohne Gewöhnungsphase durchgeführt. Dabei wurden an fünf aufeinanderfolgenden Tagen Espарsette-Cobs, Espарsette-Fasern und Heucobs gleichzeitig für zehn Minuten angeboten. Zudem wurde eine Nährstoffanalyse der drei eingesetzten Futtermittel durchgeführt.

Die Quellversuche zeigten deutliche Unterschiede zwischen den Produkten. Die höchsten Quellgeschwindigkeiten wurden bei EC 1 und HC mit jeweils 0,59 mm/s gemessen. Die höchste Wasserhaltekapazität wies ein pelletiertes Vergleichsmischfutter mit 3,96 g H₂O/g FS auf, gefolgt von EC 4 (3,8g/g FS) und EC 1 (3,76 g/g FS). Im Akzeptanzversuch zeigte sich bei den Espарsette-Produkten ein signifikant positiver Zusammenhang zwischen Versuchstag und Aufnahmemenge (EC: $r=0.48$, $p=0.0019$, EF: $r=0.357$, $p=0.0238$). Die EC wurden mit durchschnittlich 0,50 kg TS signifikant besser aufgenommen als die EF (0,33 kg TS; $p < 0,001$) und die HC (0,29 kg TS; $p < 0,001$). Im Präferenzversuch wurden die EF am häufigsten als Erstes gewählt (44 Erstwahlen), gefolgt von EC (18 Erstwahlen) und HC (17 Erstwahlen). Die Nährstoffanalysen zeigten geringe Unterschiede zwischen den Espарsette-Produkten und den HC. Die Rohproteingehalte lagen in einem vergleichbaren Bereich (HC: 11,37 %; EF: 11,24 %; EC: 10,46 %). Die EF wiesen die höchsten Rohfaser- (33,41 %), Zucker- (7,89 %) und Lysingehalte (0,59 %) auf.

Zusammenfassend zeigen die Ergebnisse, dass Espарsette-Produkte von Pferden gut akzeptiert werden. Die hohe Präferenz für EF im Präferenzversuch könnte sich durch deren Struktur, eine fehlende Gewöhnung an eingeweichte Futtermittel oder den höheren Zuckergehalt erklären werden. Für die praktische Anwendung empfiehlt sich das Einweichen von stark quellenden oder staubigen Produkten, um Schlundverstopfungen, Magenüberladungen (bei grossen Mengen) und ein Inhalationsrisiko zu vermeiden.

Managing the genetic risk of specific traits in cattle mating on real time and on large scale*Seefried F.¹, M. Spengeler¹, A. Rogivue¹, H. Pausch², C. Drögemüller³*¹Qualitas AG, Chamerstrasse 56, CH-6300 Zug²ETH Zürich, Universitätstrasse 2, 8092 Zürich³Universität Bern, Bremgartenstr. 109a, 3012 Bern

The widespread adoption of genomic selection in cattle has significantly increased the number of known recessive genetic defects that should be managed at the population level. Existing regulatory and documentation frameworks are no longer sufficient to handle the growing number of undesirable causal alleles or linked haplotypes, a trend that is expected to continue. Current eradication-like strategies categorically exclude animals carrying undesired genetic conditions from breeding. As the number of targets grows, these strategies become increasingly infeasible, as they reduce genetic diversity and limit genetic progress. The Swisscow 2.0 project proposes a digital "genetic risk traffic light tool", enabling a proactive, genotype-based mating management. This tool uses an algorithm to assess the risk of producing offspring that are homozygous carriers of recessive conditions for each mating immediately prior to artificial insemination. Such a strategy minimizes the risk of producing homozygous affected calves while making use of genetically valuable carrier animals. This approach allows for a quick response to newly identified defects and is aligned with the growing availability of genotypes, particularly in females.

The proposed concept enables more efficient risk management and safeguards animal welfare. Integration into the existing insemination and mating-planning software and applications used by breeding organizations and AI companies ensures its broad applicability on farms, precisely at the point of the insemination. Swiss cattle breeders now have access to a smart tool to avoid that helps them avoiding risk matings in the short term.

The Swisscow genome hub: A sustainable resource for research and breeding*Rogivue A.¹, A. Leonard², F. Seefried¹, M. Spengeler¹, H. Pausch², C. Drögemüller³*¹Qualitas AG, Chamerstrasse 56, 6300 Zug²ETH Zürich, Universitätstrasse 2, 8092 Zürich³Universität Bern, Bremgartenstr. 109a, 3012 Bern

A key objective of the Swisscow 2.0 project is to establish a database of the genomic variants present in the Swiss cattle population. This will support application-oriented questions. Whole genome sequence (WGS) data from cattle of Swiss dairy and beef breeds, which were sequenced by the animal genomics unit at ETH Zürich and the livestock genetics group at University of Bern, have been gathered at Qualitas AG. By centralizing these datasets, Swisscow 2.0 ensures long-term accessibility and standardized processing of genomic information, as well as its efficient integration into research and practical breeding applications. With support from the animal genomics group at ETH Zurich, a bioinformatic pipeline has been implemented. This begins with a quality assessment of the raw sequencing data using 'fastp', followed by read alignment to the bovine reference genome assembly using 'bwa-mem2'. Variant calling is then performed using 'DeepVariant', and the resulting genomic variant call format (VCF) files are merged using 'Glnexus' to generate a comprehensive variant catalogue for the Swiss cattle population. Currently, the database contains more than 54 million annotated single-nucleotide variants and short (< 50bp) indels and their corresponding genotype frequencies identified from more than 1'500 animals that were sequenced with short reads. We made an effort to include only genome sequences with high coverage and applied stringent filtering criteria to ensure the high quality of the variant and genotype calls. Any newly sequenced animal will be automatically integrated into the data hub. This sustainable resource serves as a reference for future genomic analyses such as imputation and genomic prediction and will continue to strengthen Swiss breeding programs as the dataset grows. This dataset enables the identification of causative variants for monogenic disorders and, as it expands with additional genomes, will also facilitate the discovery of causal variants underlying complex traits.

Zusammenhang zwischen Harnstoffstickstoffgehalt der Milch und der Stickstoffausscheidung im Urin bei vier Schweizer Milchviehassen

Burren A.¹, M. Terranova², M. Kreuzer³, T. Kupper¹, S. Probst¹

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

²ETH Zürich, AgroVet-Strickhof, Eschikon 27, 8315 Lindau

³ETH Zürich, Institut für Agrarwissenschaften, Eschikon 27, 8315 Lindau

Ziel dieser Studie war es, die Harnstickstoffausscheidung (UN; g/Tag), das wichtigste Substrat für Ammoniakemissionen, mithilfe eines einfach bestimmbareren Indikators zu modellieren. Als potenzieller Proxy wurde der Milchwarnstoffstickstoffgehalt (MUN; mg/dL) untersucht. Dazu wurden Daten aus 21 Fütterungsversuchen mit insgesamt 604 Milchkühen der Rassen Braunvieh (BV), Holstein (HO), Jersey (JE) und Swiss Fleckvieh (SF) ausgewertet. Der Zusammenhang zwischen MUN und UN wurde mithilfe gemischter linearer Modelle analysiert. Das finale Modell berücksichtigte MUN, Körpergewicht, Rasse sowie deren Interaktionen als fixe Effekte, den Fütterungsversuch als Zufallseffekt und die Heteroskedastizität. Das Modell erklärte einen hohen Anteil der Variabilität von UN ($R^2 = 0,812$). Die Regressionskoeffizienten für die Zunahme der UN pro mg/dL MUN betrugen 7.28, 10.41, 9.00 und 11.79 g/Tag für BV, HO, JE bzw. SF. Die geschätzten marginalen Mittelwerte \pm Standardfehler der UN (g/Tag) lagen bei 117 ± 12 , 147 ± 12 , 119 ± 14 und 135 ± 14 für BV, HO, JE und SF. Die Ergebnisse bestätigen, dass sich der MUN-Gehalt der Milch zur Vorhersage der Harnstickstoffausscheidung eignet. Zudem zeigen sie, dass Rasse und Körpergewicht die UN wesentlich beeinflussen. Die Berücksichtigung dieser Faktoren kann die Genauigkeit von Stoffflussmodellen zur Abschätzung von Ammoniakemissionen deutlich verbessern.

First Single-step genetic evaluation for claw health traits in Switzerland*Widmer S., A. Butty*

Qualitas AG, Chamerstrasse 56, CH-6300 Zug

Six years ago in Switzerland, a resource project was launched to improve claw health in Swiss cattle. This was the start point for the development of the first genetic evaluation for claw health traits in Swiss dairy cattle. Data recorded by claw trimmers during routine care was used to develop a single-step genetic evaluation for the most common dairy cattle breeds Holstein, Swiss Fleckvieh, Simmental, Brown Swiss and Original Braunvieh.

The big advantage of these dataset was the recording of all healthy cows during routine care. At the end 104'276 records for the multi breed evaluation of Holstein (including Holstein, Swiss Fleckvieh and Simmental) and 33'464 records for Brown Swiss (Brown Swiss and Original Braunvieh) were available from the years 2019 until 2024. Breeding values for four different traits were predicted: dermatitis digitalis (DD), white-line disease (WL), other infectious claw diseases (INF) and other non-infectious claw diseases (NINF). As for different recorded traits the prevalence in the population was too low, they were combined in the two group traits. The prevalence of DD, WL, INF and NINF was 20.9%, 9.9%, 45.8% and 20.7% in Holstein evaluation and 7.8%, 10.2%, 37.6% and 13.5% in Brown Swiss evaluation.

We used a multi-trait animal model with binary coding of the trait for the single-step evaluation. Fixed effects included parity, trimmer-year, stage of lactation and year-month and as random effects herd-year-season and permanent environment. To account for the multi-breed evaluation, recombination and heterosis were also included as fixed effects.

We calculated heritabilities between 3% and 9% for the four traits in the two populations. Top-bottom comparison showed that the daughter prevalence of the sires with the highest and lowest EBV differed by 14% - 35%. As a final result, an index was built with breed specific index weights for the four traits. This EBV is now available for all Swiss breeders.

The biggest challenges for the development of the genetic evaluation were the limited number of phenotypes and the large number of genotyped animals with a weak genetic relationship with those providing phenotypic data.

Identification of a recessively inherited ALKBH8-related rearing-loss disorder in Brown Swiss cattle

Glatthard S.*¹, N.K. Kadri*⁴, F.R. Seefried², B. Weber¹, C. Gurtner³, S. Meister³, L.R. Voithl¹, A.S. Leonard⁴, H. Pausch⁴, C. Drögemüller¹, J. Jacinto^{1,5}

¹Institute of Genetics, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bern, 3012, Switzerland

²Qualitas AG, Zug, Switzerland

³Institute of Veterinary Pathology, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bern, 3012, Switzerland

⁴Institute of Agricultural Sciences, Animal Genomics, ETH Zürich, Switzerland

⁵Clinic for Ruminants, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bern, 3012, Switzerland

*contributed equally

Brown Swiss (BS) cattle are a major dairy breed in Switzerland, valued for milk quality, feed efficiency, and adaptability to alpine farming systems. Recent approaches combining large-scale life-history records and extensive genomic data have been shown to be effective in identifying hidden recessive single-gene disorders. Advances in long-read DNA sequencing enable precise identification of various types of variants that underlie such conditions. This study aimed to (1) use Homozygous Haplotype Enrichment/Depletion mapping to identify cryptic recessive loci affecting rearing performance in Swiss BS cattle, (2) identify causal variants using long-read whole genome sequencing (WGS), (3) assess their functional impact and prevalence, and (4) characterize the associated clinical and pathological phenotypes.

We identified a haplotype (BH39) in a genomic region on chromosome 15 that is associated with increased juvenile mortality within the first 180 days of life when present in homozygous state. BH39 frequency in BS is ~4.6%. Long-read WGS of two homozygous calves revealed a single, high-impact structural variant linked to the identified haplotype. This was an insertion of a 10.4 kb transposable element into the third exon of the ALKBH8 gene. Five ALKBH8 homozygous female BS animals were clinically examined, including four calves and one heifer. Affected cattle consistently showed recurrent respiratory and gastrointestinal disease, impaired growth, reduced body condition, and rough hair coat. Marked brown discoloration of the incisors was observed in all affected animals. Respiratory abnormalities were frequent, with clinical and ultrasonographic evidence of pneumonia. Hematological analyses revealed a consistent pattern of microcytic, hypochromic erythrocytes with increased red cell distribution width, hyperkalemia, hyperphosphatemia, and hypoproteinemia with hypoglobulinemia in all animals. Intestinal parasitism was detected in all four examined calves. Pathological examination of two calves revealed inflammatory lung lesions ranging from mild to chronic bronchopneumonia, accompanied by inflammatory intestinal changes. The clinicopathological findings indicated a failure to thrive and an immunodeficiency that affected the life expectancy of homozygous carriers.

The findings provide strong evidence that the ALKBH8 loss-of-function variant identified in this study defines a previously undescribed hereditary rearing-loss disorder in BS cattle. This work demonstrates how exploring population-scale genomic data and mining millions of life histories, followed by molecular genetics and veterinary medicine follow-up evaluations, enables the identification of cryptic recessive disorders that shorten cattle's lifespan.

Genetic Indices for Optimizing Beef on Dairy Matings*Kunz S., J. Gearing, P. von Rohr*

Qualitas AG, Chamerstrasse 56, CH-6300 Zug

The term Beef on Dairy refers to using beef sires on dairy cows. For such matings beef sires are selected based on newly developed indices. In April 2026, two new indices will be published in Switzerland: one for calving and one for carcass traits. During the past years, the use of beef semen in dairy herds has continued to grow. Today, more than half of all inseminations in Switzerland use beef semen. Dairy farmers use more sexed semen for producing replacement heifers, and the remaining inseminations are done with beef semen to optimize overall income. For dairy farmers, traits like calving ease and slaughter performance are important. To construct these indices, we evaluated costs and revenues within a production model. This enabled the calculation of economic weights, ensuring that traits with higher economic relevance receive stronger emphasis in the indices. The economic weights for calving indices are 63% for calving ease, 32% for gestation length, and 5% for birth weight. For the carcass indices, the economic weights are 36% for adult carcass weight, 19% for adult carcass conformation, 4% for adult carcass fat, 6% for calf carcass weight, 24% for calf carcass conformation, and 11% for calf carcass fat. The new indices allow for the comparison beef sires across different breeds and support better mating decisions in dairy herds.

Advancing Swiss Dairy Cattle Breeding for Reduced Methane Emissions*Bapst B.¹, T.F.-O. Neuenschwander², A. Butty¹*¹Qualitas AG, Chamerstrasse 56, CH-6300 Zug, Switzerland²Holstein Switzerland, Route de Grangeneuve 37, CH-1725 Posieux, Switzerland

Agriculture contributes 14.3% of Switzerland's total greenhouse gas emissions and accounts for 83.3% of national methane output, largely originating from dairy cattle. Achieving the national climate objectives - namely a 50% reduction in greenhouse gas emissions by 2030 and carbon neutrality by 2050 - requires coordinated mitigation efforts across all levels of production. While nutritional interventions can yield immediate reductions, genetic improvement offers a sustainable long term mitigation pathway. In response, the Association of Swiss Cattle Breeders (ASR) has launched a comprehensive phenotyping initiative aimed at establishing routine genetic evaluations for methane emissions based on Swiss derived phenotypic data.

The initial project, CH4COW, commenced in 2024 and will span four years. Its primary objective is the deployment of methane measuring sniffers (MooLoggers, Tecnosens) across 64 farms throughout Switzerland. Among these, 30 farms house Holstein (HOL) herds, while the remainder keep Brown Swiss cattle. The project is funded by the Swiss Federal Office of Agriculture, several cantonal governments (FR, GR, LU, SG, and ZG), and the ASR.

Project status: All methane measuring sniffers have now been installed on the participating farms, ensuring continuous and standardized data acquisition. Automated data processing pipelines are fully operational, enabling seamless transfer, storage, and organization of incoming data streams. Concurrently, several methodological frameworks for data cleaning, quality control, and the development of robust methane related phenotypes are under active evaluation. These efforts aim to establish reliable phenotype definitions that will ultimately support future single-step genetic evaluations.

A complementary project, the EMBRACE-BS initiative, was launched last year to further expand the methane phenotyped Brown Swiss population. Within this framework, 72 additional farms in Austria, Germany, and Switzerland will be equipped with methane measuring sniffers. To optimize resource efficiency and minimize equipment costs, the sniffers will remain at each farm for approximately five months before being rotated to subsequent locations. This project receives financial support from the Global Methane Hub and the Bezos Earth.

Identification of genetic variants associated with conformation traits in Swiss dairy cattle*Vasiljevic S.¹, F. Seefried², S. Widmer², N.K. Kadri³, Q. He³, H. Pausch³, C. Drögemüller¹, J. Jacinto^{1, 4}*¹Institute of Genetics, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Switzerland²Qualitas AG, Zug, Switzerland³Institute of Agricultural Sciences, Animal Genomics, ETH Zürich, Switzerland⁴Clinic for Ruminants, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Switzerland

Hoof and leg conformation traits are important in dairy cattle breeding because they are linked to locomotion, welfare, and functional performance. This study aimed to (i) estimate genomic heritability for routinely scored hoof and leg traits in Swiss Holstein (HO) and Brown Swiss (BS) populations, (ii) identify associated quantitative trait loci (QTL) using additive and non-additive genome-wide association models, and (iii) prioritize candidate genes and variants using sequence-imputed data, conditional analysis, and Bayesian fine-mapping, with additional clinical characterization of HO animals homozygous for a prioritized recessive variant.

Genomic heritability estimates were low to moderate, ranging from 0.10 to 0.28 across six traits in HO and from 0.10 to 0.26 across four traits in BS. Using a ~770k marker panel, additive and two non-additive association models detected 45 suggestive QTL ($P \leq 1 \times 10^{-6}$). Follow-up analyses with imputed sequence variants confirmed 25 genome-wide significant regions ($P \leq 5 \times 10^{-8}$). Conditional analyses and Bayesian fine-mapping consolidated these signals into 15 unique QTL defined by independent lead variants. For 10 of the 15 QTL, at least one positional and functional candidate variant was prioritized, resulting in 17 candidate variants overall (15 additive, one dominant, one recessive). A nonsense variant in *HYAL1* (NP_001017941.1:p.(Gln93*)) showed a highly significant recessive association with bone structure in HO ($P = 1.62 \times 10^{-17}$). Clinical examinations of HO homozygotes supported a joint disorder phenotype, with findings consistent with polysynovitis in the hock joints.

This study provides the first detailed analysis of the genetic basis of hoof and leg conformation traits in Swiss dairy cattle. The results suggest a polygenic background and demonstrate the usefulness of non-additive GWAS using proxy phenotypes in identifying large-effect variants causing hidden Mendelian disorders.

The potential of GRM5 markers for selecting more explorative grazing personalities in cattle*Moreno Garcia C.¹, M.K. Schneider², C.M. Pauler¹, M. Svensk¹, H. Zhou³, J. Hickford³*¹Grazing Systems, Agroscope, Reckenholzstrasse 191, 8046 Zurich, Switzerland²Forage Production and Grassland Systems, Agroscope, Reckenholzstrasse 191, 8046 Zurich, Switzerland³Faculty of Agriculture and Life Sciences, Lincoln University, 85084 Ellesmere Junction Road, 7647 Lincoln, New Zealand

Cattle grazing personalities reflect consistent and repeated differences in grazing behaviours among individuals in free-range grazing systems. Research in the hill- and high-country grasslands of New Zealand monitored the grazing behaviour of Hereford cows using GPS-tracking collars and genotyped variation in the glutamate metabotropic receptor 5 gene (GRM5) that putatively affects behaviour. GRM5 genotypes were strongly associated with search pattern and home range metrics and mildly with horizontal distance and elevation range. The research also revealed unbalanced representation of six GRM5 genotypes in four commercial herds (n = 303) and suggested that animal selection could modify the grazing distribution of beef cattle in New Zealand's steep and rugged rangelands. Considering this research, the following pilot study was undertaken with Highland and Original Brown mature suckler beef cows (n = 12 and n = 5, respectively) in Switzerland. Grazing behaviours of cows were derived from GPS-tracking data (7 days) while grazing free on alpine grasslands. Blood samples underwent PCR-single-strand conformation polymorphism analysis to determine cows' GRM5 genotypes. In the Swiss cattle, we found three out of the six known GRM5 genotypes: AC, BC and CC with a proportion 3:3:11, respectively. All cows carried variant C, which had the highest frequency (82 %). An equal 9% frequency represented variants A and B. These results are aligned with reported insights from New Zealand where variant C had the highest frequency (58%) and variant A the lowest (9%), although variant B had a 33% frequency. Grazing behaviour differences displayed by Swiss cows with different GRM5 genotypes did not match those observed in New Zealand cattle. Larger sampling is needed to observe differences in grazing behaviours. This pilot study suggests that two livestock systems from separate continents may have favoured increasing the presence of variant C GRM5 genotypes, which are associated with animals displaying medium-size home ranges. Low numbers of individuals with variant A containing genotypes, which in New Zealand were associated with cows displaying the largest explored areas, were rare in both datasets. Marker-assisted selection may facilitate an increase in the number of individuals with more explorative grazing personalities in Swiss cattle, enabling more sustainable use of alpine grasslands.

Do higher production-oriented dairy breeds show larger losses in poor Alpine pastures?*Moreno Garcia C.¹, M.K. Schneider², C.M. Pauler¹*¹Grazing Systems, Agroscope, Reckenholzstrasse 191, 8046 Zurich, Switzerland²Forage Production and Grassland Systems, Agroscope, Reckenholzstrasse 191, 8046 Zurich, Switzerland

Extensive mountain rangelands cover a third of the agricultural land of Switzerland, offering large amounts of forage with relatively low quality to fulfill the high demands of production-oriented dairy cattle. The PeaMaps project aimed at reconciling the mismatch between low forage quality available in the Swiss Alps and the elevated demands of highly productive dairy breeds. A grazing experiment was conducted during the summer grazing season of 2025 at Alp Weissenstein in the Eastern Swiss Alps (2026 m asl., 46.5816°N, 9.8002°E). Animals of the breeds Hinterwaelde, Original Brown and Swiss Holstein with high, medium and low milk production, respectively, were kept in herds of 5-7 suckler cows to ensure similar stocking density. Three herds of each breed grazed in 18-days rotations on three pasture types corresponding to high-, medium- and low-quality (i.e., six consecutive days at each pasture type). Additionally, we imposed early, mid-term and late rotation grazing in June, July and August, respectively. The preliminary results here presented show the overall milk production of three dairy breeds grazing different pasture types. Furthermore, we assessed the relative change of milk production on different pasture types during early, mid-term and late summer. Mean milk production was 11 kg, 12 kg, and 15 kg per cow and day for Hinterwaelde, Original Brown, and Swiss Holstein breeds, respectively. When considering the overall summer grazing (i.e., regardless rotation), all three breeds showed no apparent difference in mean milk production when grazing medium- and high-quality pastures; Original Brown cows showed no difference for any pasture type. Hinterwaelde cows produced 0.5 kg less milk per day when grazing the low-quality pasture compared with grazing medium and high-quality pasture types. Holstein cows produced ca. 2 kg and 1.5 kg less milk per day in low pasture types compared with high- and medium-quality pastures, respectively. When considering rotation, the relative change of milk production within early grazing rotation (June) and among pasture types was similar response for the three breeds: 5% decreased milk production grazing low-quality pastures compared with medium- and high-quality pastures. In the mid-term rotation similar losses were recorded in Hinterwaelde and Swiss Holstein (6%) with not losses observed in Original Brown cows across pasture types. During late rotation, higher production-oriented Original Brown and Holstein cows had nearly +/- 10% relative production change when grazing high- or low-quality pastures, respectively. In contrast, the least production-oriented Hinterwaelde cows had similar milk production grazing high- and medium-quality pastures and 5% reduction in low-quality pastures. These results suggest that more productive breeds will positively respond (~10%) to better pasture types towards the end of the summer, but no additional milk production is expected when using medium- or high-quality pasture types in early and mid-term grazing. These higher production-oriented breeds may reduce milk production by 5% and 10% when grazing low-quality pastures in early and late summer, respectively, making a ~20% difference in milk production grazing low- vs high-quality pastures late in the summer. Hinterwaelde cows showed overall less variation in milk production with 5% reduction when grazing low pasture types across the summer grazing. Yes, higher production-oriented breeds did show larger losses in low-quality pasture types, but, in late summer, they showed larger gains in the high-quality pastures, while low productive cattle may cope better with low-quality pastures with smaller losses.

Impact of colostrum processing on metabolic and endocrine parameters in newborn calves*Weber I.¹, M.A.E. von Riedheim¹, H. Erkingen¹, O. Calisici², J.J. Gross¹*¹Veterinary Physiology, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bremgartenstrasse 109a, 3012 Bern, Switzerland²Phytobiotics Futterzusatzstoffe GmbH, 65343 Eltville, Germany

Colostrum feeding is essential for calf immunity and nutrition and is a key determinant of neonatal survival and health. To ensure consistent availability of colostrum for all calves, various storage and preservation methods have been implemented in dairy management practices. The objective of this study was to investigate the impact of different processing methods of colostrum on metabolic and endocrine parameters in newborn calves. Eighteen calves (15 Holstein, 3 Holstein x Limousin crossbred) were separated from their dams after birth and randomly assigned to one of three groups. They were feed 2.5 L of either pooled native colostrum (NC), pooled pasteurized colostrum (PC) or freeze-dried colostrum replacer (CR) at 4 h and 12 h postpartum (p.p.). On d 2 and 3 p.p., calves received transition milk (10% of respective colostrum source mixed with bulk tank milk) and from d 4 onwards bulk tank milk twice daily. Blood samples were collected at 4, 12, and 24 h p.p., and thereafter once daily before feeding until d 7 p.p.. Metabolic and endocrine parameters like total protein (TP), IgG, aspartate aminotransferase (ASAT), gamma-glutamyl transferase (GGT), glucose, insulin, cortisol, glucagon, non-esterified fatty acids (NEFA), triglycerides (TG), total cholesterol (TC), were analyzed. Statistical analysis was conducted using a mixed model with group, time, and group x time as fixed factors, and the individual calf as random subject. Total protein and IgG concentrations were higher in PC and CR compared to NC until day 2, as was GGT activity at 12 h. Insulin concentrations remained elevated in PC and CR until day 2, whereas a decline was observed in NC after 12 h. Glucagon concentrations were also higher in PC and CR compared with NC up to day 2. Cortisol concentrations decreased until 24 h in all groups. However, in PC and CR they increased again until day 3. No differences were detected in lipid metabolism related parameters, including NEFA, TG, and TC, or ASAT activity. In conclusion, this study showed that processed colostrum can improve nutrient uptake and enhance glucagon release compared with native colostrum.

Cholesterol metabolism in early-lactation cows with different body condition scores*Heiri T.¹, Hendricks J.², Reiche A.-M.², Dohme-Meier F.², Eichinger J.¹, Gross J.J.¹*¹Veterinary Physiology, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bern, Switzerland²Ruminant Nutrition and Emissions, Agroscope, CH-1725 Posieux, Switzerland

Dairy cows with a high body condition score (BCS) at calving are predisposed for postpartum (pp) metabolic disorders such as ketosis and fatty liver disease. While alterations in energy and fatty acid metabolism during early lactation are well documented (1), less is known about changes in cholesterol and lipoprotein metabolism. We hypothesized that cows exposed to a high-energy feeding regimen antepartum (ap) already exhibit alterations in cholesterol metabolism during the first week pp, prior to manifestation of clinical disease.

Twenty-four multiparous Holstein cows were assigned 42 days ap to either a high-energy feeding regimen (high-energy diet from day -42 until calving (6.9MJ NEL), followed by a moderate-energy diet pp (6.6MJ NEL) or an energy restricted diet ap (low-energy feeding regimen until calving (5.3MJ NEL), followed by appropriate energy supplementation pp (6.8MJ NEL)), respectively, resulting in two groups of cows with higher BCS (high condition ≥ 3 (HC)) or lower BCS (low condition ≤ 3 (LC)). Feed intake, BCS, body weight and milk yield were recorded throughout the study period. Milk samples were taken daily and analyzed for fat, protein and lactose content to calculate energy corrected milk yield (ECM). Blood samples were collected daily during the first week pp and analyzed for glucose, β -hydroxybutyrate (BHB), NEFA, triglycerides (TG), glutamate dehydrogenase (GLDH), γ -glutamyltransferase (GGT), total cholesterol and lipoprotein fractions (very-low-density lipoprotein (VLDL), low-density lipoprotein (LDL), and high-density lipoprotein (HDL)). Longitudinal data were analyzed using a linear mixed model with fixed effects of group, time, and their interaction and the animal as a random factor.

Over the first week of lactation, HC cows exhibited a higher ECM than LC cows ($P < 0.05$). Serum BHB, NEFA, and TG were higher in HC compared to LC cows and BHB and NEFA increased over time (all $P < 0.01$). While total cholesterol showed no differences between groups, it first fluctuated and then increased over time ($P < 0.01$). VLDL was higher ($P < 0.01$) and HDL tended to be higher ($P < 0.1$) in HC compared to LC cows. Markers of hepatic activity (GLDH and GGT) did not differ between groups.

The elevated BHB and NEFA concentrations observed in HC cows indicate an increased hepatic metabolic load already during the first week pp, resulting in a measurable disruption of TG and lipoprotein metabolism. These findings highlight the need for further investigation of cholesterol metabolism in this critical period.

1) Roche, J.R. et al. (2013). *Assessing and Managing Body Condition Score for the Prevention of Metabolic Disease in Dairy Cows*. *Vet. Clin. North Am. Food Anim. Pract.* 29, 323–336. <https://doi.org/10.1016/j.cvfa.2013.03.003>

Einfluss von Mitteln zur permanenten Tränkwasserdesinfektion auf die Fermentationsleistung der Pansenmikroorganismen beim Wiederkäuer*Stettler A., S. Probst*

Bernere Fachhochschule – Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften (HAFL)

Eine hohe Tränkwasserqualität und -aufnahme ist wichtig für die Nutztiergesundheit. Eine verbreitete Methode, die Tränkwasserqualität zu verbessern, ist der Einsatz von Mitteln für die permanente Tränkwasserdesinfektion. Dafür werden zum Beispiel Chlordioxid oder Peressigsäure eingesetzt. Bisher wurde diese Methode in erster Linie in Schweine- und Geflügelställen angewendet, wird vermehrt aber auch bei Rindern diskutiert. Da nicht bekannt ist, wie sich der Einsatz von Desinfektionsmitteln im Tränkwasser auf die Pansenfermentation auswirkt, wurde in der vorliegenden Arbeit ein Versuch mit dem Hohenheimer Futterwerttest durchgeführt, bei dem die in-vitro-Verdaulichkeit der organischen Substanz (IVOMD) ermittelt wurde. Der Einfluss fünf verschiedener Konzentrationen der Desinfektionsmittel Chlordioxid und Peressigsäure auf die IVOMD von Heu und Weizen wurde untersucht. Der Einsatz von Chlordioxid zeigte keine grossen Veränderungen auf die IVOMD von Heu und Weizen. Bei der empfohlenen Konzentration von 0.5 mg/l lag die IVOMD in % der Negativkontrolle bei 97.1 % für Heu und bei 102.7 % für Weizen. Der Einsatz von Peressigsäure hingegen führte zu einer starken Reduktion der Fermentation durch die Pansenmikroorganismen. Bei der empfohlenen Konzentration von 15-25 mg/l lag die IVOMD relativ zur Negativkontrolle noch bei 38.2 % respektive 38.4 % für Heu und bei 50.4 % respektive 22.4 % für Weizen. Das Desinfektionsmittel Chlordioxid schien durch eine Komponente im Versuch seine Wirkung zu verlieren. Was genau die Ursache dafür war, konnte nicht beantwortet werden. Dieser Versuch zeigt, dass Desinfektionsmittel für die permanente Tränkwasserdesinfektion in der Rinderhaltung mit Vorsicht eingesetzt werden sollten. Insbesondere Mittel basierend auf Peressigsäure könnten die Fermentation der Pansenmikroorganismen beeinträchtigen. Ob die Ergebnisse dieses in-vitro-Versuchs auf die Praxis übertragbar sind, müssen weitere Arbeiten zeigen.

Quels indicateurs pour qualifier l'efficacité de production de protéines en élevages bovins lait et viande ?*Fazzari M., B. Genin, P. Aeby, E. Ollion, P. Rufer, P. Veysset, B. Reidy*

Bernser Fachhochschule – Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften (HAFL)

Dans un contexte de croissance démographique et de ressources planétaires limitées, l'élevage bovin occupe une place clé dans l'alimentation humaine. Il est cependant confronté au défi majeur de produire tout en limitant la concurrence entre l'alimentation des animaux et celle des populations humaines. Les ruminants sont souvent critiqués comme des producteurs de protéines inefficients, alors qu'ils sont capables de valoriser des surfaces herbagères inadaptées aux cultures.

Les objectifs du projet Interreg Proscor sont ; (1) développer des indicateurs permettant de positionner des exploitations en termes d'efficacité de production de protéines et d'utilisation des surfaces ; (2) faire travailler des groupes d'éleveurs sur les indicateurs pour les préciser et nourrir la réflexion autour de cette thématique ; (3) diffuser un outil simple permettant d'estimer l'efficacité d'une exploitation et d'identifier des pistes d'amélioration.

Deux groupes d'éleveurs bovins lait (9 exploitations françaises et 8 suisses) et deux groupes d'éleveurs bovins viande (5 exploitations françaises et 7 suisses) ont été constitués, et leurs données pour l'année 2023 ont été collectées. Sur la base d'une revue de la littérature et de discussions avec les éleveurs, cinq indicateurs ont été sélectionnés, dont l'efficacité protéique nette (EPN ; Wilkinson, 2011) et le land use ratio (LUR ; van Zanten et al., 2016). Afin d'évaluer la production de protéines, trois indicateurs supplémentaires ont été développés : l'autonomie protéique (AP), qui reflète la proportion de protéines autoproduites dans la ration alimentaire ; le rendement protéique global (RPG), défini comme la quantité totale de protéines produites sur l'exploitation par hectare ; et le rendement protéique net de l'atelier (RPA), exprimant la quantité de protéines animales produites à partir des surfaces de l'exploitation, en excluant les aliments importés.

Les indicateurs sélectionnés permettent de différencier les exploitations et de mettre en évidence leurs qualités et leur marge de progrès. Ainsi, nous avons mis en évidence que l'alimentation des bovins est peu en compétition avec celle des humains lorsque les animaux ingèrent essentiellement de l'herbe et quelques coproduits, comme le tourteau de colza ou les drêches de céréales. Ces résultats montrent, qu'avec une bonne gestion des surfaces fourragères, il est possible d'être à la fois efficace et productif. Les éleveurs ont pu s'approprier cette approche multicritère pour proposer des leviers d'amélioration sur leurs systèmes, à travers des changements dans l'alimentation des animaux ou encore dans la gestion des surfaces fourragères.

Trockenstehzeiten bei Milchkühen - neue Erkenntnisse aus Laktationsanalysen*Burren A., S. Kohler*

Bernere Fachhochschule – Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften (HAFL)

In der Schweiz gilt eine Trockenstehzeit von 6-8 Wochen bei allen Milchrassen als Standard. Analysen von Laktationsdaten verschiedener Zuchtverbände zeigen jedoch, dass diese Empfehlung differenziert betrachtet werden muss. Die Trockenstehzeit dient der Regeneration des Euters, der Ausheilung von Euterentzündungen sowie der Stabilisierung von Körperkondition und Gesundheit. Während Durchmelken aufgrund negativer Effekte auf die Folgelaktation nicht empfohlen wird, weisen aktuelle Untersuchungen darauf hin, dass lange Trockenstehzeiten die Fruchtbarkeit in der Folgelaktation beeinträchtigen können. Mit zunehmender Galtzeit sinkt der Erstbesamungserfolg und der Anteil mehrfach zu besamender Kühe steigt. Internationale Studien bestätigen diese Ergebnisse und zeigen positive Effekte verkürzter Trockenstehzeiten auf Gesundheit, Stoffwechsel und Fruchtbarkeit. Dabei ist klar zwischen erst- und mehrlaktierenden Kühen zu unterscheiden. Bei Erstlaktierenden führen Trockenstehzeiten unter 30 Tagen zu Leistungseinbussen, während bei Mehrlaktierenden ab der zweiten Laktation eine Verkürzung auf 30-35 Tage ohne negative Folgen möglich ist. Zusätzlich können spätere Trockenstellzeitpunkte das Mastitisrisiko senken und die Energiebilanz verbessern. Insgesamt können verkürzte Trockenstehzeiten bei leistungsstarken Kühen ab der 2. Laktation die Tiergesundheit, Fruchtbarkeit und Wirtschaftlichkeit verbessern, erfordern jedoch stets eine individuelle Betrachtung und frühzeitige Planung.

Antibiotic use and resistance situation on Swiss dairy farms with contrasting feeding strategies*Braun J., E. Bokkers, B. Reidy*

School of Agricultural, Forest and Food Science, Länggasse 85, 3052 Zollikofen, Switzerland

Intensification in dairy production has led to a shift from pasture-based (PB) to confinement-based (CB) systems. Confinement-based systems provide a year round total mixed ration, supplemented with concentrates according to each cow's individual milk yield, whereas pasture based (PB) systems aim to maximize feed intake from grazed pasture. Dairy cows are often treated or prophylactically supported with antibiotics during sensitive phases of the lactation (e.g. early lactation, dry-off). In recent years, the dairy sector has come under increasing pressure to reduce antibiotic use due to the rise of antibiotic resistance development. In this study, the antibiotic use and antibiotic resistance status of 14 CB and 15 PB dairy herds in Switzerland were analysed. All herds were housed in BTS-certified barns and had at least access to pasture according to RAUS. The dairy production systems (CB vs. PB) corresponded to their respective feeding strategies (total mixed ration vs. grazing) and breeding strategies (high milk yield vs. pasture adaptation). The higher production intensity in the CB system (140 vs. 20 g dry matter concentrated feed/kg Energy Corrected Milk (ECM); $p < 0.001$) allowed milk yields per cow of 9,900 vs. 5,800 kg ECM/cow ($p < 0.001$) compared to the PB system. Initial analyses of the IS ABV dataset from 2021 to 2023 showed an higher use of antibiotics for dry-off (23% vs. 6% of teats per year; $p < 0.001$) in CB system compared to PB system. To assess the herd-level antibiotic resistance status, *Escherichia coli* was isolated from fecal samples and bacterial growth was evaluated on nutrient media with and without antibiotic supplementations. Antibiotic resistance status above 5% was detected for ampicillin in both CB and PB systems and for gentamicin within the CB system. The antibiotics tetracycline (4.65% vs. 0.91% of *E. coli* isolates; $p = 0.05$), gentamicin (19.4% vs. 0.03% of *E. coli* isolates; $p = 0.05$) and the combination of ampicillin and gentamicin (1.0% vs. 0.58% of *E. coli* isolates; $p = 0.03$) showed a higher antibiotic resistance in CB herds compared to PB herds. These antibiotics are commonly used for the treatment of mastitis, postpartum complications, pneumonia and for dry-off therapy. The remaining nine tested antibiotics or antibiotic combinations did not show significant differences between the two production systems. More detailed results on the specific resistance situation and its potential causes will be available after all data has been evaluated and the project has been completed..

Fertility and health traits of dairy cows on farms with short versus long productive lifespan profiles*Bieber A., M. Lozano-Jaramillo, M. Walkenhorst, R. C. Eppenstein*

Research Institute of Organic Agriculture, Ackerstrasse 113, 5070 Frick, Switzerland

We compared fertility traits, health indicators and health management routines of Swiss dairy farms characterized by short versus long productive lifespans (SPL versus LPL). We analysed herdbook data from 142 Swiss dairy farms (n=142), farm questionnaire data (n=67), veterinary treatment data (n=64 farms) and data obtained during farm visits (n=30). LPL farms had a better fertility performance, i.e. lower number of inseminations per heifer, shorter average number of days open and shorter calving intervals. Number of antibiotic veterinary treatments due to fertility and other problems (i.e. others than fertility, udder or locomotion problems) were by tendency lower on LPL farms, while other veterinary medical treatments did not differ by productive lifespans. Although average somatic cell score and proportions of test day records with elevated somatic cell counts were significantly higher on LPL farms, udder health indicators remained within a healthy range and increases were not accompanied by higher treatment incidences for clinical mastitis. Moreover, the deterioration of udder health parameters was smaller than what could have been expected due to the age difference between contrasting lifespans. Locomotion scores and lameness incidence did not differ by productive lifespan profile. Cow health management routines did not significantly differ between farms of contrasting lifespan profiles, apart from a slightly higher proportion of LPL farms practicing abrupt drying off. We conclude that a longer productive lifespan is not at the expense of health, even if the SCC level increased with age. A focus on fertility, udder and claw health is crucial when aiming at a long productive lifespan.

Assessing the effect of trees on the welfare of dairy cows by limiting insect pressure*Bonnefous C.¹, A.L. Hochstrasser², N.O. Verhulst², Z. Amsler¹, O. Christen¹, M. Holinger¹, V. Maurer¹*¹Research Institute of Organic Agriculture FiBL, Department of Livestock Sciences, Frick, Switzerland²National Centre for Vector Entomology, Institute of Parasitology, University of Zürich, Zürich, Switzerland

Author(s): Insect pressure on grazing animals is increasing with global warming. However, using chemical products such as insecticides to protect grazing animals from this nuisance is not permitted on organic farms. Some trees (e.g. walnuts) have a natural repellent effect on insects and animals could benefit from these trees in agroforestry systems. In our trial, we assessed insect pressure on 6 herds of cows on pasture with/without trees. We evaluated insect pressure per herd with one H-traps in the meadow and sticky traps in various tree types, observed defensive behaviours of cows for 5 minutes every week over 3 months and counted flies on the animals.

Our results highlight that defensive behaviours of cows decrease in time for an individual on specific pasture for each farm. Therefore, cows get habituated by the insects around them and the defensive behaviours they express alone does not fully qualify the welfare of cows.

To grasp which factors influence the total of insect noted on a cow, we modelled the number of insects at observation (reported from photography) depending on (1) the date, (2) the location on the pasture (close, under or no trees but also with or without sun), (3) the colour of the cow and (4) the temperature in the air (collected ourselves for the temperature under trees and national database otherwise) and at the lacrimal point of the cow (5). Only sun exposure and the date are significantly influencing the number of insects. The expected counts of insects on a cow are about 1.5× higher under shade or sun than when the weather is cloudy. Additionally, the number of insects follows a quadratic formula with a negative value of the x² coefficient.

To further assess the influence of insects in the grazing pasture, we modelled the number of insects (sum or only the biting ones) collected either with sticky traps under a tree or with the H-traps in the meadow. First, we highlight that the number of biting insect under trees were close to inexistant while we collected a great number of biting insects, especially horseflies due to the black colour of the ball element of the H-traps. Our result shows a clear significant variation depending on the tree order (no significant variation when considering genus and family) with lower insect counts under Pinales compared to Sapindales. To discriminate influencing factors, we performed a mixed linear model and observed that while the number of insects (biting or non-biting), the pastures located in the Jura kanton showed significantly more insects (biting and non-biting) than in the Schwytz kanton. The results in the kanton Aargau showed no significant variance compared both to the kanton Jura and Schwytz. The month of data collection and the average temperature of the week the trap was displayed in the pasture did not influence the number of Horseflies collected.

To conclude, in a follow up experiment, e-DNA and behavioural camera could contribute to fill the gap as this dataset even though large does not cover continuously the cows behaviour or the insects that landing on a cow.

Vorbereitung von Rindern auf dem landwirtschaftlichen Betrieb für die Stressreduktion bei der Schlachtung

Burri M., M. Holinger, V. Teslia, J. Dowse, A. Spengler-Neff

Research Institute of Organic Agriculture, Ackerstrasse 113, 5070 Frick, Switzerland

Im Schlachthof sind Rinder mit einer völlig neuen Situation konfrontiert: einer fremden Umgebung mit ungewohnten Geräuschen und Gerüchen, unbekannten Personen und Tieren sowie neuen Abläufen, etwa dem Treiben durch enge Einzeltreibgänge. Auch das kurzzeitige Fixieren, beispielsweise in der Betäubungsbox, kann Stress auslösen.

Jungtiere aus der Mutterkuhhaltung führen ein weitgehend naturnahes Leben mit nur geringem Kontakt zu Menschen. Daher wirken die Bedingungen auf dem Schlachthof für sie besonders ungewohnt und stressauslösend.

In diesem Projekt wurde untersucht, ob sich dieser Stress reduzieren lässt, wenn die Tiere zuvor lernen, einen Panelgang zu durchlaufen und sich kurz auf einer Waage oder in einem Behandlungsstand fixieren zu lassen, also genau jene Situationen, wie sie auch in grossen Schlachtbetrieben vorkommen.

Diese Vorbereitung wurde auf fünf Mutterkuhbetrieben mit den jeweils zur Schlachtung vorgesehenen Jungtieren dreimal durchgeführt. Alle Betriebsleitungen hatten zuvor an einem Kurs zum Low Stress Stockmanship teilgenommen. Diese Methode beruht auf einem ruhigen und kontrollierten Umgang mit den Tieren, bei dem das natürliche Sozialverhalten der Rinder gezielt genutzt wird, um Stress während des Treibens und Handlings zu minimieren.

Im Alter von etwa zehn Monaten wurden die Tiere in einem grossen Schlachtbetrieb geschlachtet. Dabei wurden ihr Verhalten, die Art des Treibens, die Nutzung von Elektrotreibern sowie Blutproben zur Bestimmung von Laktat und Cortisol untersucht. Als Kontrolltiere dienten Jungrinder desselben Transportes, sofern deren Besitzer*innen keine vergleichbare Übung mit Panelgängen oder Wiegen durchgeführt hatten. Insgesamt wurden 38 trainierte Tiere und 37 Kontrolltiere in die Untersuchung einbezogen. Ein Unterschied zeigte sich beim Cortisolgehalt im Blut, insbesondere bei männlichen Tieren: Die trainierten Tiere hatten niedrigere Werte als die Kontrolltiere. Diese Ergebnisse zeigen, dass sich der Stress von Rindern am Schlachthof durch Training auf dem Herkunftsbetrieb verringern lässt. Die beteiligten Landwirt*innen beurteilten die Arbeit mit den Tieren sowie die dafür eingerichteten Installationen als durchweg positiv und empfehlenswert, auch für andere Abläufe wie das Wägen oder Behandeln der Tiere.

Einfluss genetischer Merkmale, der Sömmerung und Fütterung auf Schlachtkörpereigenschaften von extensiv gemästeten Weiderindern*Eppenstein R., S. Martig*

Forschungsinstitut für biologischen Landbau, Ackerstrasse 115, 5070 Frick, Schweiz

Die extensive Rindermast bietet mehrere Vorteile: Sie erhält die Biodiversität und die traditionellen Weidelandschaften, und nutzt natürliche Ressourcen, die für den Menschen sonst nicht verwertbar wären. Dadurch verringert sie die Konkurrenz zwischen Futter- und Nahrungsmittelproduktion, erzeugt hochwertige, proteinreiche Lebensmittel und erhöht die Ernährungssicherheit. Die Nutzung der Graslandressourcen wird besonders effizient, wenn Milch- und Fleischproduktion gekoppelt werden und die für die Mast verwendeten Kälber von Milchkühen stammen.

In der Schweiz existieren mehrere Bio-Weidelabels für Rindfleisch, die darauf abzielen, Kälber aus dem Milchsektor extensiv zu mästen. Aufgrund der variablen genetischen Merkmale der Kälber sowie der unterschiedlichen Mastbedingungen ist die Leistung von weidegehaltenen Rindern jedoch heterogen, was das Wachstum dieses Systems behindert. Für den Erfolg der Wertschöpfungskette ist es wichtig, dass die Tiere die geforderte Schlachtkörperkonformation und Fettabdeckung erreichen. Die Identifizierung von Kreuzungen, die besser an extensive Fütterungsbedingungen angepasst sind, könnte zu homogeneren Schlachtkörpern führen. Bisher fehlten jedoch große Datensätze, die sowohl Informationen über die Mastleistung, Tiermerkmale als auch Fütterungsdaten enthalten, um solche angepassten Genetiken und Kreuzungen zu identifizieren.

Wir nutzten einen neuen Datensatz von 60.000 weidegehaltenen Masttieren und kreuzten diese Daten mit verfügbaren Informationen aus nationalen Tierregistern zu Betriebs- und Mastbedingungen (Zone, alpine Sommerweide, Höhenlage). Im folgenden Beitrag präsentieren wir erste Ergebnisse zum Einfluss von Tiereneigenschaften in Wechselwirkung mit Mastbedingungen auf die Mastleistung, insbesondere Schlachtkörperkonformation, Fettabdeckung und tägliches Wachstum.

Die Ergebnisse zeigen, dass die Zuchtwerte der Väter von Kreuzungskälbern die Schlachtkörperkonformation zuverlässig vorhersagen, selbst unter extensiven Mastbedingungen. Die Zuchtwerte für die Fettabdeckung zeigen eine lockere Beziehung zu den erreichten Fettabdeckungswerten der gemästeten Kreuzungen, während die Zuchtwerte für das Wachstum keine Beziehung zu den realisierten Wachstumsraten aufweisen. Die alpine Weidewirtschaft, höhere Betriebslagen und die Lage in Bergzonen tendierten dazu, die Schlachtkörperkonformation und die Fettabdeckung zu verringern.

Zuchtwertschätzung CH-TAX bei Schweizer Schafrassen*Burren A.¹, A.R. Gilmour², S. Guarneri³, C. Aeschlimann³*¹Berner Fachhochschule BFH, Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften HAFL, Länggasse 85, 3052 Zollikofen²Holman Way 11, Orange, NSW 2800, Australien³Schweizerischer Schafzuchtverband, Industriestrasse 9, 3362 Niederönz

Im Jahr 2025 wurde die Zuchtwertschätzung für die CH-TAX Merkmale Schlachtgewicht, Fleischigkeit und Fettabdeckung bei den Schafrassen Weißes Alpenschaf (WAS; n = 26'792), Braunköpfiges Fleischschaf (BFS; n = 12'586), Schwarzes Bergschaf (SBS; n = 11'049), Walliser Schwarznasenschaf (SN; n = 3'934), Charollais (CHS; n = 743), Engadiner Schaf (ES; n = 1'151), Nolana (NOS; n = 819), Spiegelschaf (SPI; n = 3'734), Suffolk (SU; n = 1'760) und Texel (TEX; n = 1'552) eingeführt. Für die Auswertung wurden gemischte lineare Modelle mit den fixen Effekten Geschlecht, Schlachtbetrieb, Klassierer, Saison × Jahr, Alter (linear und quadratisch) und den zufälligen Effekten Herde und Tier verwendet.

Die geschätzten Heritabilitäten für das Schlachtgewicht betragen 0.37, 0.38, 0.44, 0.12, 0.13, 0.45, 0.22, 0.53, 0.49 und 0.43 für WAS, BFS, SBS, SN, CHS, ES, NOS, SPI, SU und TEX. Für die Fleischigkeit und die Fettabdeckung resultierten bei diesen Rassen Heritabilitäten von 0.36/0.32, 0.32/0.33, 0.32/0.37, 0.04/0.10, 0.06/0.28, 0.36/0.33, 0.15/0.15, 0.46/0.41, 0.48/0.32 und 0.35/0.48.

Der Grund für die deutlich kleineren Heritabilitäten bei den Rassen CHS, NOS und SN dürfte die geringe Anzahl Phänotypen sein.

Die Ergebnisse sind plausibel und zeigen, dass Schlachtkörpermerkmale bei Schweizer Schafpopulationen züchterisch bearbeitet werden können.

Eine Supplementierung von Schweinemastfutter mit L-Histidin verbessert End-pH-Wert und Wasserbindungsvermögen des Fleisches*Scheeder M.R.L., M. Müller*

SUISAG, Allmend 10, CH-6204 Sempach

Das Dipeptid Carnosin (β -Alanin-L-Histidin) wirkt in der Muskulatur von Säuge-tieren u.a. als pH-Puffer. Beim Schwein ist die Verfügbarkeit von L-Histidin ein begrenzender Faktor der Carnosin-Synthese. Mit einem Fütterungsversuch sollte überprüft werden, ob eine Supplementierung des Futters in der Endmast Einfluss auf End-pH-Werte und damit auch das Wasserbindungsvermögen des Fleisches ausübt. Dazu wurden je 55 Schweine aus Dreirassenkreuzungen balanciert nach Vaterrasse, Geschlecht und Gewicht in zwei Gruppen eingeteilt. Die Kontrollgruppe erhielt ein übliches Ausmastfutter mit 2.8 g Histidin/Kg. In der Versuchsgruppe erhielten die Tiere ab einem mittleren Gewicht von 70 kg das gleiche Ausmastfutter, aber mit 4.9 g/Kg Histidin. Die Tiere der beiden Gruppen zeigten keine Unterschiede in Mastleistung (tägl. Zunahme, Futteraufnahme und -verwertung) oder Körperzusammensetzung (MFA, Rückenspeckdicke). Der m. long. dorsi der Versuchstiere zeigte aber signifikant höhere End-pH-Werte und ein deutlich besseres WBV (Tropfsaft- und Kochverlust).

PigBoneS - Verbesserte Phosphorverwertung und erhöhte Knochenstabilität bei Schweinen

Leible M.¹, M. Scheeder¹, A. Kidane Solomo², M. Oster², H. Reyer², J. Massmann³, S. Izak³, K. Raum^{3,4}

¹Suisag, Allmend 10, 6204 Sempach

²Forschungsinstitut für Nutztierbiologie (FBN), 18196 Dummerstorf, Deutschland

³POROUS GmbH, 14476 Potsdam, Deutschland

⁴Charité – Universitätsmedizin Berlin, Bildgebung, Simulation & Stimulation, 12203 Berlin, Deutschland

Ziel des Projekts ist die Entwicklung einer Diagnosemethode zur Selektion und Züchtung von Nutzscheinen, die eine verbesserte Verwertung von Phosphor aus der Nahrung und eine erhöhte Knochenintegrität aufweisen. Mit Fokus auf Tiergesundheit und Tierschutz wird die Entwicklung nicht-invasiver quantitativer Ultraschallmethoden (QUS) zur Quantifizierung der Knochendichte und -stabilität vorangetrieben. Neben der QUS-Technologie werden etablierte Marker für die Knochensynthese und den Phosphorumsatz im Blut sowie Leistungsdaten und Genotypen in einer repräsentativen Kohorte von 1500 Schweinen, Schweizer Edelschweine aller Geschlechter aus der MLP-Leistungsprüfung, erfasst. Die anschließende Berechnung der Heritabilitäten und die Identifizierung assoziierter genetischer Marker bilden die Grundlage für eine Berücksichtigung von Phosphor-Verwertung und Knochengesundheit im Schweizer Schweinezuchtprogramm.

Einfluss verschiedener Sauen- und Geburtsparameter auf die Kolostrumqualität in der freien Abferkelung*Egli P.T.^{1,2}, J. Adam¹, C. Rüegg¹, G. Schüpbach-Regula³, J.J. Gross⁴, A. Grahofer¹*¹Schweineklinik, Departement für klinische Veterinärmedizin, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Bern, Schweiz²Graduate School for Cellular and Biomedical Sciences, Universität Bern, Bern, Schweiz³Veterinary Public Health Institute (VPHI), Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Bern, Schweiz⁴Veterinär-Physiologie, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Bern, Schweiz

Kolostrum ist für neugeborene Ferkel von zentraler Bedeutung, wobei sowohl die Menge als auch die Qualität das Überleben und die Leistungsfähigkeit massgeblich bestimmen. Eine Aufnahme von mindestens 200 g Kolostrum pro Ferkel wird empfohlen, da unzureichende Mengen als zentraler Risikofaktor für erhöhte Mortalität und vermindertes Wachstum gelten. Ziel dieser Studie war es, den Einfluss von verschiedener Sauen- und Geburtsparameter auf die Immunglobulinkonzentration (IgG) im Kolostrum zu untersuchen.

Insgesamt wurden 151 Kreuzungssauen (SL × ES) in die Studie eingeschlossen. Erfasst wurden sauenspezifische Daten (Parität, Körpergewicht, Body-Condition-Score, Rückenspeckdicke, Geburtseinleitung, Trächtigkeitsdauer) sowie Geburtsparameter (total geborene Ferkel, Geburtsdauer, Geburtshilfe, Wurf- und Plazentagewicht). Die Umgebungstemperatur und die relative Luftfeuchtigkeit wurden innerhalb von 24 Stunden vor der Geburt aufgezeichnet. Kolostrumproben wurden nach der Geburt des ersten Ferkels entnommen und die IgG-Konzentration mittels ELISA sowie parallel mittels digitaler Brix-Refraktometer bestimmt.

Zur statistischen Auswertung wurde eine lineare Regression mit log-transformierten IgG-Werten angewendet. Die Auswahl der Prädiktorvariablen erfolgte auf Grundlage biologischer Plausibilität und deskriptiver Analysen. Das finale Modell umfasste die total geborenen Ferkel, die Parität, die Geburtseinleitung, die relative Luftfeuchtigkeit sowie die Interaktion zwischen Parität und Geburtseinleitung. Die Brix-Werte korrelierten stark mit den mittels ELISA bestimmten IgG-Konzentrationen ($r = 0,66$; $p < 0,001$). Das finale Modell ($R^2 = 0,43$; $p < 0,001$) zeigte signifikante Effekte der Parität ($p < 0,001$), der Geburtseinleitung ($p = 0,001$), der Luftfeuchtigkeit ($p = 0,004$) sowie der Interaktion zwischen Parität und Geburtseinleitung ($p = 0,034$). Mit zunehmender Parität waren höhere IgG-Konzentrationen assoziiert, während eine Geburtseinleitung zu niedrigeren IgG-Werten führte, insbesondere bei Jungsauen. Dieser Effekt nahm bei älteren Sauen ab. Zudem wurde ein positiver Zusammenhang zwischen der relativen Luftfeuchtigkeit und der IgG-Konzentration beobachtet, dessen biologische Relevanz jedoch unklar bleibt.

Zusammenfassend zeigen die Ergebnisse, dass Parität, Geburtseinleitung und Umweltfaktoren einen signifikanten Einfluss auf die IgG-Konzentration im Kolostrum haben. Der negative Effekt der Geburtseinleitung unterstreicht die Bedeutung eines sorgfältigen Geburtsmanagements. Die Bestimmung der Kolostrumqualität mittels Brix-Refraktometer erscheint als praktikables Instrument bei Sauen.

Zeitreihenanalyse von Schlachthofdaten bei Schweinen*Burren A.¹, T. Küng¹, A. Schütz²*¹Berner Fachhochschule BFH, Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften HAFL, Länggasse 85, 3052 Zollikofen²Suisseporcs, Allmend 10, 6204 Sempach

Ziel dieser Studie war es, die wöchentliche Anzahl geschlachteter Schweine in Schweizer Schlachtbetrieben vorherzusagen. Dazu wurde ein Ensemble aus sechs Modellen entwickelt, das überwiegend auf linearen additiven gemischten Modellen basiert. Die Modellstruktur umfasste einen Achsenabschnitt, zeitliche Effekte zur Abbildung von Trends, saisonale Effekte für Kalenderwochen, einen festen Effekt für Feiertage sowie verzögerte Prädiktorvariablen. Die Modelle unterschieden sich hinsichtlich der Abbildung zeitlicher Abhängigkeiten (autoregressive Komponente oder geglättete Zeitfunktion), der Modellierung saisonaler Effekte sowie der Einbeziehung verzögerter Einflussgrößen wie verkaufter Ebersamen, Anzahl angebotener Ferkel und im Tierverkehrssystem registrierter Tiere. In zwei Modellvarianten wurde auf den Prädiktor Ebersamen verzichtet, da dessen zeitlicher Vorlauf zu gross war. Für die endgültige Wochenprognose wurden die Ergebnisse aller sechs Modelle kombiniert. Mehrwöchige Vorhersagen erfolgten iterativ, wobei jeweils die Prognose der Vorwoche als Eingangswert diente. Zur Validierung wurde der Datensatz der letzten zwölf Wochen als Testmenge verwendet, während die Modelle ohne diese Daten trainiert wurden. Insgesamt bilden alle Modelle die tatsächliche Entwicklung gut ab. Weitere Analysen, mehr Datenvolumen, bessere Datenqualität und Zeit für das Trainieren des Modells könnten künftig noch zu einer Verbesserung der Vorhersagen führen.

Circadian feeding patterns in Swiss pigs are highly heritable and associated with feed efficiency*Gorssen W.¹, C. Winters², N.K. Kadri¹, N. Khayatadeh³, H. Pausch¹*¹Animal Genomics, ETH Zürich, 8092 Zürich²Animal Physiology, ETH Zürich, 8092 Zürich³SUISAG, Allmend 10, Sempach, 6204, Switzerland

Circadian eating patterns are the recurrence of eating behaviour along a 24-hour cycle and are thought to be controlled by the suprachiasmatic nucleus in the hypothalamus, stimulated by environmental factors such as light cycles. Feeding patterns have been difficult to monitor in livestock, but the introduction of automated feeding stations now enables to study circadian eating patterns in depth. These data indicate that feed intake in pigs follows pronounced daily patterns, typically characterized by high intake in the morning and afternoon and minimal intake at nights. Here, we estimate the heritability of feeding patterns in pigs and its relationship with feed efficiency in pigs.

Feeding station data were obtained from the SUISAG performance testing station for pigs from the Swiss Landrace (SLR; n=2,491), Swiss Large White dam line (SLWD; n=9,054) and Swiss Large White sire line (SLWS; n=2,602), covering the feeding period between 75 to 155 days of age. Pedigree data were available for all pigs and a subset of the phenotyped cohort had microarray-derived genotypes (SLR: n=1,401; SLWD: n=2,176; SLWS: n=393), which were imputed to the sequence-level.

Feeding station records were aggregated to hourly feed intake, giving 24 observations per day and pig. Circadian patterns were quantified using wavelet analysis after de-trending and amplitude correction. The strength of a circadian rhythm per pig and per day was assessed by comparing observed wavelet results with 200 white-noise simulations. Days with a mean p-value < 0.05 were classified as circadian, and the proportion of days with a circadian rhythm over the 80-day period reflects the strength of pigs' circadian eating patterns. Genetic parameters were estimated separately for each breed using single-step GBLUP implemented in gibbsf90+ software accounting for pen (random), sex and farm of origin (fixed) and the arrival weight and number of daily records (covariate). Genome-wide association studies (GWAS) were performed using GCTA-software, accounting for the same effects as described above and the first four principal components calculated from the genomic relationship matrix.

The proportion of days with a circadian pattern showed substantial phenotypic variability across the pigs, with a mean proportion of 0.46 (SD=0.30). Sex effects were highly significant ($p < 0.0001$), with sows exhibiting the highest proportion of circadian days across all breeds followed by boars and barrows. The proportion of circadian days was negatively correlated with average daily feed intake ($r = -0.19$), but not with daily gain ($r = 0.02$), resulting in a negative correlation with feed conversion ratio ($r = -0.22$), meaning that a stronger circadian feed intake improves feed efficiency. Heritability estimates for the proportion of circadian days were high across breeds (43.0-51.6%). GWAS identified a QTL for the proportion of days with a circadian pattern on SSC4 for both SLR ($p = 2.7 \times 10^{-9}$) and SLWD ($p = 1.5 \times 10^{-12}$), near two functional candidate genes. Fine mapping is currently ongoing.

Circadian eating behaviour showed substantial heritable variation and was favourably associated with feed efficiency, primarily through reduced feed intake without compromising growth. The identification of a shared, highly significant QTL on chromosome 4 in two independent breeds further supports a genetic basis for circadian feeding behaviour and highlights promising candidate regions for future functional analyses.

Auswirkungen einer reduzierten Rohproteinfütterung bei Mastschweinen*Fiordimondo D., A.-L. Hütten, A. Burren, P. Spring*

Bernere Fachhochschule – Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften (HAFL)

Die Reduktion von Nährstoffverlusten ist ein zentrales Ziel der Schweizer Agrarpolitik, um Umweltbelastungen zu verringern. Im Rahmen dieser Studie wurden die Auswirkungen einer Absenkung des Rohproteingehalts (RP) bei gleichbleibender Versorgung mit Aminosäuren in der Schweinemast auf Leistung, Schlachtkörpermerkmale und Proteineffizienz untersucht.

Der Fütterungsversuch wurde mit 64 Mastschweinen (Premo-Vaterlinie) in einem randomisierten Blockdesign mit zwei Behandlungen (Kontrolle, C; RP-reduziert, RPr) und vier Wiederholungen durchgeführt, wobei jede Bucht vier weibliche Tiere und vier Kastraten enthielt. Die Schweine wogen zu Versuchsbeginn durchschnittlich 24.8 kg und wurden bei einem durchschnittlichen Lebendgewicht von 115.4 kg geschlachtet. Die Tiere wurden auf Teilspaltenboden gehalten und ad libitum gefüttert. Die Energie- (MJ VES/kg), Rohprotein- (g/kg) und verdaulichen Lysingehalte (g/kg) der Rationen betragen: Vormast C 13.8, 169.0, 8.8; Vormast RPr 13.8, 146.0, 8.8; Ausmast C 13.8, 133.0, 6.6; Ausmast RPr 13.8, 120.0, 6.6. Alle anderen Aminosäuren wurden ausgeglichen. Der Wechsel zur Endmastfütterung erfolgte bei 67.5 kg Lebendgewicht. Standard-Leistungsparameter wurden erfasst. Die Stickstoffeffizienz (N-Effizienz) wurde anhand des Schweizer Standardfaktors von 26 g N pro kg Zuwachs berechnet.

Die durchschnittliche Tageszunahmen (C: 1.01 ± 0.02 kg vs. RPr: 1.02 ± 0.02 kg; $P = 0.851$), die Futtermittelverwertung (C: 2.26 ± 0.02 vs. RPr: 2.29 ± 0.02 ; $P = 0.242$) sowie der Magerfleischanteil wurden durch die Rohproteinversorgung nicht beeinflusst. Weibliche Tiere zeigten im Vergleich zu Kastraten einen signifikant höheren Magerfleischanteil (gesamt: +2.4 %; Bauchspeck: +3.4 %). Der N-Ansatz wurde durch die Fütterung nicht beeinflusst. Aufgrund des signifikant niedrigeren N-Inputs in der RPr-Gruppe (C: 4.84 ± 0.07 kg N/Tier vs. RP: 4.37 ± 0.07 kg N/Tier; $P < 0.01$) verbesserte sich die Stickstoffeffizienz von 48.7 ± 0.36 % auf 54.0 ± 0.36 % bei reduzierter Rohproteinversorgung ($P < 0.01$).

Die Reduktion des Rohproteingehalts verbessert die Stickstoffeffizienz, ohne Wachstum oder Schlachtkörperqualität signifikant zu beeinträchtigen. Weitere Untersuchungen unter unterschiedlichen Haltungs- und Managementbedingungen sind notwendig, um diese Ergebnisse zu bestätigen und Auswirkungen auf Ammoniakemissionen sowie die Gesamtnachhaltigkeit zu bewerten.

Exploring the genetics of coat color and fleece type in alpacas using the improved VicPac4 reference genome

Letko A.¹, M. Mendoza Cerna², G. Lühken³, T. Raudsepp², B. W. Davis², C. Drögemüller¹

¹Institute of Genetics, University of Bern, Bern, Switzerland

²College of Veterinary Medicine and Biomedical Sciences, Texas A&M University, College Station, TX, USA

³Institute for Animal Breeding and Genetics, Justus Liebig University Giessen, Giessen, Germany

Alpacas (*Vicugna pacos*) display a diverse range of colors and two types of fleece (Suri and Huacaya), making them a valuable model for studying the genetic basis of pigmentation and fiber traits. The inheritance and underlying molecular basis of these traits remain incompletely understood, as previous studies largely relied on a scaffold-level genome assembly (VicPac3) or only medium-density SNP array data, thereby limiting the resolution of genetic analyses. Consequently, advances in whole-genome sequencing (WGS) and the recently improved chromosome-level reference genome assembly (VicPac4) provide new opportunities to explore the genetic architecture underlying these traits. In this study, we revisit high-coverage (~24×) short-read WGS data from 34 and 77k SNP array genotyping data from 163 European alpacas to identify genomic regions associated with fleece type and different base colors. More than a third of South American camelids in Switzerland, Germany, and Austria have been reported to have a solid white or grey base color, with ~7% of the depigmented (white) animals showing the blue-eyed white (BEW) phenotype. BEW has been linked to variably expressed congenital deafness and is thus considered an undesirable trait of animal welfare concern. Through GWAS and candidate gene approach, we identified critical genomic regions and promising functional candidate variants, such as ASIP-associated white coat color or KIT-associated BEW and grey phenotype. Furthermore, the association of a keratin locus on chromosome 16 with differences in fleece type was confirmed, while the putative causality of a recently identified TRPV3 variant in Suris was rejected. Our findings contribute to a deeper understanding of the genetic mechanisms that shape phenotypic diversity in alpacas by refining previous findings and offering new genomic insights into the basis of a pigmentation-related disorder in fiber-producing South American camelids, while promoting animal welfare and reducing the risk of congenital deafness.

Ongoing livestock genetics research at the Animal GenoPhenomics group*Kasper C., N. Neuditschko, M. Frizzarin*

Animal GenoPhenomics, Agroscope, Tioleyre 4, 1725 Posieux, Switzerland

Our research group takes an interdisciplinary approach to advancing sustainable livestock production through genetic and phenotypic innovation. Current projects cover dairy and beef cattle, pigs, horses and honey bees. In the field of beef cattle, the recently launched iReact project (in collaboration with INRAE) focuses on adaptive physiology in low-carbon meat production to minimise feed-food competition. Our team is leading the identification of candidate genes for fat-to-lean ratio, adaptive traits and resilience using low-pass sequencing. The EffNMilk project, which focuses on dairy cattle, completed its data collection in 2025. Over 2,300 cows were sampled for milk, faeces, blood and feed. Genetic analyses of nitrogen use efficiency and methane traits will continue in the upcoming GENESIS-Cattle project of the new Agroscope work programme, alongside follow-up and spin-off projects. The PigNFun project applies multi-omics to explore the gene functions that underlie nitrogen use efficiency to advance basic and applied research on this trait. The VarSow collaboration (involving Spain, Poland, Germany, Canada and Suisag) focuses on the genetics of within-litter birth-weight uniformity, and the initial results concerning heritability and the maternal effect will be presented.

Identifying Genetic Variants for a Mendelian Trait using Long Read Sequencing in Three Domestic Animal Species*Voitl L.^{1,2}, A. Letko¹, R. Bruggmann², C. Drögemüller¹*¹Institute of Genetics, University of Bern²Interfaculty Bioinformatics Unit and Swiss Institute of Bioinformatics, University of Bern, Switzerland.

Wattles are inherited as a Mendelian dominant trait in domestic animal species. They are cartilaginous, bilateral neck growths found in goats, pigs and sheep. Despite not having any known detrimental or beneficial health effects, they are of great interest from an evolutionary perspective. They are most likely remnants of ancestral traits that are no longer functional and provide additional insights into limb bud formation and limb development disorders. Their structural characteristics and location suggest a brachiogenic origin, and very similar congenital structures, cervical chondrocutaneous branchial remnants, have been described sporadically in humans. We hypothesise that autosomal dominant inherited alleles associated with wattles exist in genes involved in limb development and that wattles are caused by independent gain-of-function variants. Using medium density (SNP array) to sequence level SNV (short read WGS) genotyping data, we initially identified critical regions by GWAS, and haplotype phasing located in chromosome 1 for pigs, chromosome 18 for sheep and chromosome 10 for goats. The aim of the project included characterising these variants using long read sequencing of selected genomes. The dataset includes samples of 10 different goat breeds, 3 sheep breeds and 2 pig breeds, with a total of 30 animals. Each breed includes one sample with wattles and one without, and all samples have been selected to be homozygous. We generated 4.45 M hifi long read data using PacBio. This was followed by mapping to the reference assembly of the respective species with an average read depth of 27 per sample. Subsequently, SV and SNV calling was carried out using Sniffles2, Sawfish, Clair3 and DeepVariant.