



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

# **Jahrestagung 2019**

*Aktuelle Forschung in der Schweiz im Bereich Tierwissenschaften*

**Dienstag, 16. April 2019**

**AgroVet Strickhof – Lindau, Eschikon 29 (Forum), Dienstag 16. April 2019**

**8315 Lindau (ZH)**

## **Zusammenfassungen der Poster**

Das Verzeichnis der Zusammenfassungen ist nach Nutztierart geordnet.

Die Zusammenfassungen der Poster sind nach ErstautorIn (Posternummer) geordnet.

# Verzeichnis der Zusammenfassungen

## Honigbiene

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
14	<b>Breeding value estimation in two Swiss populations of the honeybee <i>Apis mellifera</i></b> <i>GUICHARD Matthieu, NEUDITSCHKO Markus, DAINAT Benjamin, BRASCAMP, Evert W.</i>	12

## Pferd

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
12	<b>Erweiterte genomweite Assoziationsstudien von Winkelmessungen in zwei Pferderassen zeigen Assoziationen zur Rückbiegigkeit im Karpalgelenk</b> A.I. Gmel, T. Druml, R. von Niederhäusern, T. Leeb, M. Neuditschko	11
34	<b>Low Prevalence of XO mosaicism in fertile mares</b> Pieńkowska-Schelling A., Kaul A., Schelling C.	22

## Rind

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
2	<b>Detection of specific <i>Treponema</i> species and <i>Dichelobacter nodosus</i> from digital dermatitis (Mortellaro) lesions in Swiss cattle</b> M. Alsaad, I. Locher, J. Jores, P. Grimm, I. Brodard, A. Steiner, P. Kuhnert	6
18	<b>Schweizer Kennzahlen zur Klauengesundheit</b> Sabrina Huber, Adrian Steiner	14
19	<b>Ressourcenprojekt <i>Gesunde Klauen – Fundament für die Zukunft</i></b> Sabrina Huber, Adrian Steiner	15
20	<b>Schweizer Technik der funktionellen Klauenpflege – 5 Schritte für gesunde Klauen</b> Sabrina Huber, Adrian Steiner	15
25	<b>A complex structural variant at the <i>KIT</i> locus in Alpine cattle with a unique white spotting pattern</b> Luzia Küttel, Anna Letko, Irene Häfliger, Sara Joller, Gaby Hirsbrunner, Heidi Signer-Hasler, Gábor Mészáros, Johann Sölkner, Christine Flury, Cord Drögemüller	18
33	<b>Chromosome analyses in a representative sample of Swiss Yaks</b> Pieńkowska-Schelling A., Biner-Wunderlich N., Hässig M., Schelling C.	22

## Rind, Fleisch

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
5	<b>Einfluss von Management, Fütterung und Haltung von Mastkälbern auf den Hämoglobinstatus</b> Brefin, J.	8
23	<b>Update évaluation génétique du poids au sevrage</b> Kunz S., Berweger M., Strasser S.	17
24	<b>Update Zuchtwertschätzung Schlachtmerkmale</b> Kunz S., von Rohr P., Seefried F., Schnyder U., Strasser S.	17

## Rind, Fleisch

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
29	<b>Shredlage ou ensilage de maïs plante entière standard: conservation, digestibilité et valorisation par les taurillons à l'engrais</b> I. Morel, Y. Arrigo, U. Wyss et M. Rothacher	20
32	<b>Schrittzahl als Indikator für die Futterselektivität von Mutterkühen auf Alpweiden</b> C.M. Pauler, J. Bérard, J. Isselstein, T. Braunbeck, M.K. Schneider	21
36	<b>Temperaturmessung bei Kälbern mittels Wärmebildkameras</b> Melissa Raemy, Dr. Danja Wiederkehr, Andreas Scheurer	23

## Rind, Milch

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
3	<b>The Efficient Dairy Genome Project: Current Status and Future Directions</b> Christine Baes, Angela Cánovas, Eileen Wall, Erin E. Connor, Ellen Goddard, Silvia Wegman, Vern Osborne, Jennie Pryce, Gerrit Kistemaker, Paul Stothard, Filippo Miglior, Flavio Schenkel	7
4	<b>Risk factors for sonographically detectable udder edema in overbagged cows at dairy shows</b> Martina Balmer, Maher Alsaad, Adrian Steiner	7
7	<b>Tierselektion für eine genauere Imputation zur Sequenz</b> Adrien M. Butty, Mehdi Sargolzaei, Filippo Miglior, Paul Stothard, Flavio S. Schenkel, Birgit Gredler-Grandl, Christine F. Baes	9
8	<b>Persistenz der Unterschiede in der Methanemission von Milchkühen mit hohem und niedrigem Ausscheidungsniveau</b> T. Denninger, F. Dohme-Meier, A. Schwarm, M. Kreuzer, L. Eggerschwiler, B. Bapst, S. Wegmann and A. Mürger	9
10	<b>CowAndMore</b> Fässler, H., Widmer, M., Hug, S.	10
13	<b>Geburtsüberwachung mittels Wiederkauhalfter</b> S. Grosjean, D. Hoffrichter, G. Sanders, B. Heusmann, M. Hässig	12
15	<b>A Comprehensive Genetic Screen for Recessive Variants impairing Fertility and Rearing Success in the Swiss Original Braunvieh Cattle</b> Irene Monika Häfliger, Franz Seefried, Cord Drögemüller	13
17	<b>Haplotyp auf Chromosom 6 reduziert die Spermienmotilität und Fruchtbarkeit von Brown Swiss Stieren</b> M. Hiltbold, M. Spengeler-Frischknecht, F. Schmitz-Hsu, H. Bollwein, H. Pausch	14
21	<b>Effects of dietary sainfoin on feeding, rumination, and faecal particle composition in dairy cows</b> Alexandra Kapp, Michael Kreuzer, Gerdine Kaptijn and Florian Leiber	16
35	<b>Effect of a beta-carotene supplementation to dry cows on IgG concentration in the blood of calves</b> Melissa Raemy, Dr. Danja Wiederkehr, Andreas Scheurer	23
38	<b>Vergleichende Emissionsmessungen von perforierten und planbefestigten Laufflächen</b> Sabine Schrade, Kerstin Zeyer, Joachim Mohn, Michael Zähler	24

## Rind, Milch

39	<b>A non-coding regulatory variant in the 5'-region of the MITF gene is associated with white-spotted coat in Brown Swiss cattle</b> Franz R. Seefried, I.M. Häfliger, S. Hofstetter, V. Jagannathan, T. Leeb, C. Drögemüller	25
40	Etude d'association pangénomique dans la population Holstein suisse Steven Siegenthaler, Heidi Signer et Hannes Jörg	25

## Schaf

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
6	<b>Lämmeraufzuchtssysteme in der Schweizer Milchschafrhaltung</b> Büchi, M.	8
11	<b>Hat die Selektion im Genom von Schweizer Schafrassen Spuren hinterlassen?</b> Christine Flury, Alexander Burren, Philippe Ammann, Cord Drögemüller und Heidi Signer-Hasler	11
31	<b>Farbvererbung beim Walliser Landschaf</b> Julia Paris, Anna Letko, Christine Flury, Philippe Ammann, Cord Drögemüller	21
43	<b>Hazel leaves as environmentally friendly novel feed for ruminants</b> Melissa Terranova, Shaopu Wang, Lukas Eggerschwiler, Michael Kreuzer, Angela Schwarm	27

## Schwein

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
1	<b>How vitrification and in vitro culture affect pig embryos?: Clues from RNA sequencing data</b> Almiñana, C.1,2, Bauersachs S1, Blesbois E.2, Mermillod P.2 and Guignot F.2	6
22	<b>Breeding sustainable pigs: the genetic basis of nitrogen efficiency</b> Kaspar, Claudia	16
26	<b>Array genotyping and/or whole genome sequencing facilitates detection of structural variants and chromosomal imbalance in pigs</b> Anna Letko, Alexander Grahofer, Irene Monika Häfliger, Vidhya Jagannathan, Alain Ducos, Olivia Richard, Vanessa Peter, Heiko Nathues, Cord Drögemüller	18
28	<b>Ultraschografische Untersuchung der Uterusinvolution bei Zuchtsauen</b> Anja Meile, Heiko Nathues, Alexander Grahofer	19
30	<b>Allelfrequenzanalyse beim Schweizer Edelschwein</b> Thomas Müller, Heidi Signer et Hannes Jörg	20
41	<b>Genomweite Assoziationsstudien beim Edelschwein</b> H. Signer-Hasler, A. Burren, M. Scheeder, P. Stratz, A. Hofer, C. Flury	26
42	<b>Zart und saftig soll es sein, das Schweinefleisch</b> Patrick Stratz, Martina Müller Richli und Martin Scheeder	26

## Verschiedene Nutztiere

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
9	<b>Charta(gemeinschaft) Digitalisierung der Schweizer Land- und Ernährungswirtschaft</b> El Benni, Nadja	10
44	<b>Züchtung kleiner Wiederkäuer auf Effizienz und Resilienz</b> Steffen Werne und Beat Bapst	27
45	<b>Zuckergehalt und Silagequalität - am Morgen oder am Abend mähen?</b> Wyss, U.	28

## Ziegen

Poster Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
16	<b>Selektionssignaturen und neue Erkenntnisse zur Fellfarbe in Schweizer Ziegenrassen</b> Jan Henkel, Rashid Saif, Vidhya Jagannathan, Flurina Bertschinger, Corinne Schmocker, Erika Bangerter, Ursula Herren, Philippe Ammann, Cord Drögemüller, Christine Flury, Tosso Leeb	13
27	<b>Genetisch hornlose Ziegen ohne Zwitterproblematik züchten?</b> Nadia Lucchini, Christine Flury und Cord Drögemüller	19
37	<b>Selection Signature correlating with body Size in Pakistani Goats</b> Rashid Saif, Jan Henkel, Vidhya Jagannathan, Cord Drögemüller, Christine Flury, Tosso Leeb	24

## Ausgezeichnete Poster (alphabetische Reihenfolge)

Abstract Nr.	Poster-Titel Autoren	Seite
13	<b>Geburtsüberwachung mittels Wiederkauhalfter</b> S. Grosjean, D. Hoffrichter, G. Sanders, B. Heusmann, M. Hässig	12
17	<b>Haplotyp auf Chromosom 6 reduziert die Spermienmotilität und Fruchtbarkeit von Brown Swiss Stieren</b> M. Hiltbold, M. Spengeler-Frischknecht, F. Schmitz-Hsu, H. Bollwein, H. Pausch	14
43	<b>Hazel leaves as environmentally friendly novel feed for ruminants</b> Melissa Terranova, Shaopu Wang, Lukas Eggerschwiler, Michael Kreuzer, Angela Schwarm	27

Die ausgezeichneten Abstracts werden als 10-minütige Kurzvorträge zwischen 12:10 und 12:40 im Forum präsentiert

## 1 How vitrification and in vitro culture affect pig embryos? Clues from RNA-sequencing data

Almiñana, C.1,2, Bauersachs S1, Blesbois E.2, Mermillod P.2 and Guignot F.2

<sup>1</sup>University of Zurich, Genetics and Functional Genomics Group, VetSuisse Faculty Zurich, Switzerland. <sup>2</sup>INRA, UMR85 PRC, IFCE, 37380 Nouzilly, France.

Currently, there is a high demand for efficient pig embryo cryopreservation (EC) procedures in the porcine industry as well as for research purposes. Efficient EC would allow the exchange of genetic resources with minimal risk of disease transmission during animal transportation, while reducing costs and impacts on animal welfare. To date, vitrification is the only efficient method for pig EC. Despite a high number of embryos survive *in vitro* (80-90%) after vitrification/warming (VIT) procedures, the *in vivo* embryo survival rates after embryo transfer is variable and with non-repeatable results among laboratories. So far, most studies have focused on technical factors (cryoprotectants; devices), while the VIT effects on the pig embryonic transcriptome and the underlying molecular basis remain unknown. Thus, we aimed at determining the effects of VIT and *in vitro* culture (IVC) during 24h on the pig embryonic transcriptome compared to fresh embryos (control, CON). Porcine *in vivo* embryos were surgically collected from sows at d-6 after ovulation. Embryos at blastocyst stage were selected and assigned to 3 groups: 1) VIT embryos (45); 2) IVC embryos (30) and CON embryos (30). Embryos were analysed for messenger RNA (mRNA) analysis by RNA-sequencing. RNA-sequencing data revealed different mRNA profiles for embryos under different procedures with clear differences among all groups. Comparative analysis of VIT and CON mRNA profiles identified 1901 differentially expressed genes (DEG) (FDR<0.001). Moreover, 1519 DEG were identified between IVC and CON embryos. Interestingly, only 321 DEG were found between VIT and IVC embryos. These results suggest that both VIT and IVC have an important impact on the embryo and that part of these alterations may be shared by both procedures. Our findings contribute to a better understanding of the impact of both procedures on global gene expression of pig embryos. These findings will help to identify genes as biomarkers for prediction of embryo transfer success after VIT and IVC procedures. Supported by EU project IMAGE-677353-2 and COST-STSM-BM1308-36887.

## 2 Detection of specific *Treponema* species and *Dichelobacter nodosus* from digital dermatitis (Mortellaro) lesions in Swiss cattle

M. Alsaad<sup>1,2</sup>, I. Locher<sup>1,2</sup>, J. Jores<sup>2</sup>, P. Grimm<sup>1</sup>, I. Brodard<sup>2</sup>, A. Steiner<sup>1</sup>, P. Kuhnert<sup>2</sup>

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

<sup>2</sup>Institute of Veterinary Bacteriology, Vetsuisse-Faculty Bern, University of Bern

Digital dermatitis (DD) in cattle is a multifactorial infectious foot disease that has become a worldwide emerging animal welfare and economic problem. Three *Treponema* species *T. pedis*, *T. medium* and *T. phagedenis* are associated with DD, however, the prevalence in Switzerland is unknown. The aim of this study was therefore to determine the prevalence of the three *Treponema* species as well as *D. nodosus* in DD lesions and slurry of Swiss cattle using PCR-based techniques. Twenty-two farms with clinical DD and two farms without clinical DD were enrolled in the study. A total of 86 specimens from DD cases were collected using sterile, dry cotton swabs. In addition, to assess the potential of environmental transmission, slurry samples from DD-affected farms (n=21) and one unaffected free-stall farm were collected. The DD-stages (M1 to M4.1) and M5 (healthy skin) were positive for at least one or more of the DD-associated *Treponema* species in 50 of 61 cases (82.0%) and 9 of 25 cases (36.0%), respectively. Most prevalent was *T. phagedenis* (65.1%). *D. nodosus* was detected in 51.8% of clinical DD lesions (M1 to M4.1) and 24.1% in the case of M5 samples, but its presence was not significantly associated with the various DD-stages. Control farms were negative for all DD-associated *Treponema* species while positive for *aprB2* and negative for *aprV2*. With respect to the slurry samples, three out of 21 specimens (14.3%) were positive for at least one or more of the DD-associated *Treponema* species and eleven out of 21 specimens (52.4%) were positive for *aprB2* and negative for *aprV2* of *D. nodosus*. In conclusion, an association was found between the presence of clinical DD and specific *Treponema* species, while for *D. nodosus* no such link with DD lesions could be observed.

### **3 The Efficient Dairy Genome Project: Current Status and Future Directions**

*Christine Baes<sup>1,9</sup>, Angela Cánovas<sup>1</sup>, Eileen Wall<sup>2</sup>, Erin E. Connor<sup>3</sup>, Ellen Goddard<sup>4</sup>, Silvia Wegman<sup>5</sup>, Vern Osborne<sup>1</sup>, Jennie Pryce<sup>6</sup>, Gerrit Kistemaker<sup>7</sup>, Paul Stothard<sup>8</sup>, Filippo Miglior<sup>1</sup>, Flavio Schenkel<sup>1</sup>*

*<sup>1</sup>Department of Animal Biosciences, University of Guelph, Guelph Canada; <sup>2</sup>Animal & Veterinary Sciences, Scotland's Rural College, Edinburgh United Kingdom; <sup>3</sup>United States Department of Agriculture, Beltsville, MD, United States; <sup>4</sup>Resource Economics and Environmental Sociology, University of Alberta, Edmonton Canada; <sup>5</sup>Zuchtwertschätzung, Qualitas AG, Zug Switzerland; <sup>6</sup>Biosciences Research Division, Department of Economic Development and La Trobe University, Victoria Australia; <sup>7</sup>Canadian Dairy Network, Guelph Canada, <sup>8</sup>Bioinformatics and Genomics Department of Agricultural, Food and Nutritional Science, University of Alberta, Edmonton Alberta, <sup>9</sup>Institute of Genetics, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bern, Switzerland*

The development and application of novel genomic approaches within the dairy sector to address challenges and opportunities related to sustainable production is the goal of many national breeding organizations. The Efficient Dairy Genome Project is an international research initiative to improve feed efficiency and reduce methane emissions in dairy cattle using genomics. The aim is to deliver a worldwide database for feed efficiency and methane emission. This collation of data will allow for data exchange between partners, which is expected to greatly enlarge the reference population for the genomic analysis of feed efficiency and build a reference population for methane emissions. This project, which builds on partnerships with international collaborators, is currently well underway. Here we present specific objectives of the project, statistics of the current collated data, as well as updates on specific activities within the project, including establishment of a reference population for feed efficiency and methane traits, genomic analyses, whole-genome sequencing, as well as variant discovery and functional studies. Other aspects of the project include investigation into the societal value and acceptance of these new technologies as well as methods to implement genomic evaluations for feed efficiency and methane emissions into routine evaluations.

### **4 Risk factors for sonographically detectable udder edema in overbagged cows at dairy shows**

*Martina Balmer, Maher Alsaad, Adrian Steiner, Nutztierklinik, Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern, Bremgartenstrasse 109a, 3012 Bern; [adrian.steiner@vetsuisse.unibe.ch](mailto:adrian.steiner@vetsuisse.unibe.ch)*

**Introduction:** At dairy cow shows, a cow's udder appearance is very important for her ranking. To make the udder look ideal, it is common practice to extend the milking interval before showing the cow. In such overbagged udders, edema formation is observed and was recently rated into four different grades. In the current study, risk factors for sonographically detectable udder edema in healthy show cows not within 21 days postpartum were evaluated.

**Materials & Methods:** Data was collected in 2017 at four national or international Dairy shows in Switzerland. The examination included, amongst others, a sonographic udder edema scoring at three positions (one of each fore quarter and one of the rear udder) and a structured interview about milking interval, milk yield and others. Finally, data of 311 cows were analyzed for risk factors. Thereafter, two logistic regression models were developed, based on different classifications of sonographic edema scores. The cut-off was either set between scores 0 and 1 (no edema versus edema; model 1) or between scores 1 and 2 (no and slight edema versus moderate and severe edema; model 2).

**Results:** In both models, it was shown that a prolonged milking interval is the most relevant risk factor for this non-physiological edema to appear. In model 1, one of the expositions, compared with another exposition with defined maximal milking intervals, represented a risk factor, as well as dairy breeds compared with dual-purpose breeds. Milking intervals differed significantly between the expositions and between the groups of breeds.

**Conclusions:** Therefore, it was concluded that the milking interval is the main risk factor for sonographically detectable udder edema in healthy dairy show cows. Udder sonography represents a valuable tool for detection of overbagged udders.

## **5 Einfluss von Management, Fütterung und Haltung von Mastkälbern auf den Hämoglobinstatus**

*Jeanne Brefin, HAFL Zollikofen*

Diese Bachelor Thesis befasst sich mit dem Zusammenhang zwischen der Eisenversorgung, dem Hämoglobin (Hb)-Gehalt im Blut und der Fleischfarbe bei Schweizer Mastkälbern der Marke „Swiss-Buure-Kalb aus der Säntisregion“. Das Ziel der Arbeit war es, die Fleischfarbe mit dem Blut-Hb-Wert bei der Schlachtung zu vergleichen und mögliche Einflussfaktoren auf den Blut-Hb-Gehalt, wie Haltung, Fütterung und Management auf den einzelnen Betrieben zu erfassen. Dazu wurden als Erstes Blutproben aller Versuchstiere am Schlachtband genommen und anschliessend der Blut-Hb-Wert analysiert. Aufgrund dieser Daten wurden Betriebe mit Extrem-Werten (positiv und negativ) ausgewählt und besucht. Auf den Betrieben wurde ein Fragebogen ausgefüllt und der Stall vermessen. Der Fragebogen beinhaltete die vier Schwerpunkte: Haltung, Fütterung, Gesundheit und Management. Es zeigte sich, dass die Fleischfarbe einen signifikanten Zusammenhang mit dem Blut-Hb-Gehalt hat, jedoch können Kälber, die an einem Eisenmangel leiden, nicht durch die alleinige Erfassung der Fleischfarbe, ausreichend beurteilt werden. In einem weiteren Schritt wurde der Einfluss von verschiedenen Variablen (Geschlecht, Fettklasse, Fleischigkeit, Schlachtgewicht, Alter und Schlachtdatum) getestet. Keine der genannten Variablen zeigte einen signifikanten Einfluss auf den Blut-Hb-Gehalt. Einzig die Variable Betrieb hatte einen signifikanten Einfluss auf den Blut-Hb-Gehalt. Dies zeigt wie wichtig der einzelbetriebliche Einfluss auf die Eisenversorgung von Mastkälbern ist. In einem weiteren Schritt müssen weitere Betriebe besucht werden um das Zusammenspiel der verschiedenen Faktoren (Fütterung, Haltung, Management) auf einem einzelnen Betrieb zu untersuchen.

## **6 Lämmeraufzuchtssysteme in der Schweizer Milchschaafhaltung - Eine Bestandsaufnahme**

*Martina Büchi, Beratungs- und Gesundheitsdienst für Kleinwiederkäuer*

Diese Bachelorthesis befasst sich mit den in der Schweiz praktizierten Aufzuchtverfahren für Lämmer auf grösseren Milchschaafbetrieben. Dazu wurden die Betriebsleiter von 50 Betrieben mit mindestens 50 Milchschaafauen telefonisch befragt. Aufgrund dieser Daten konnte eine erste grobe Einteilung der Systeme vorgenommen werden. Anschliessend wurden 14 ausgewählte Betriebe mit unterschiedlichen Aufzuchtverfahren besucht und die Betriebsleiter anhand eines Leitfadens bezüglich Erfahrungen und persönlicher Einschätzungen zu diversen Aspekten ihres Lämmeraufzuchtssystems befragt.

Die insgesamt 64 Interviews und Diskussionen zeigten, dass die praktizierten Systeme sehr divers sind. Kaum ein Betrieb vollzieht seine Aufzucht vergleichbar mit einem anderen. Im Allgemeinen werden die Aufzuchtlämmer häufig im Alter von wenigen Tagen von ihrer Mutter abgesetzt und anschliessend künstlich aufgezogen, meist mit warmer Schafmilch aus Tränkeemern mit Saugnuckeln. Daneben gibt es einige Betriebe, die automatische Fütterungssysteme (Tränkeautomaten) einsetzen, oder aber ihre Lämmer muttergebunden aufziehen und bis zum Absetzen von der Milch mit den Auen mitlaufen lassen. Abgesehen von diesen doch einigermassen «standardisierten» Verfahren gab es fast auf jedem Betrieb eine Spezialität oder Eigenheit, sei dies in der Art der eingesetzten Futtermittel, Eigenkonstruktionen in der Tränke- oder Fütterungstechnik oder in der Bestimmung des optimalen Absetzzeitpunktes.



## **7 Tierselektion für eine genauere Imputation zur Sequenz**

Adrien M. Butty<sup>1</sup>, Mehdi Sargolzaei<sup>1,2</sup>, Filippo Miglior<sup>1</sup>, Paul Stothard<sup>3</sup>, Flavio S. Schenkel<sup>1</sup>, Birgit Gredler-Grandl<sup>4,5</sup>, Christine F. Baes<sup>1,6</sup> | <sup>1</sup>University of Guelph, CA; <sup>2</sup>Select Sires Inc., US; <sup>3</sup>University of Alberta, CA; <sup>4</sup>Qualitas AG, CH; <sup>5</sup>Wageningen UR Livestock Research, NL; <sup>6</sup>Universität Bern, CH

Die Verfügbarkeit von Array-Genotypen bei Milchvieh hat während des letzten Jahrzehnts stetig zugenommen und deren Imputation zur Sequenz wurde ausführlich untersucht. Obwohl Varianten mit einer tiefen *Minor Allele Frequency* (MAF) mehr als die Hälfte aller identifizierten Sequenzvarianten ausmachen, werden sie in den meisten Studien ausgeschlossen. Die Imputation solcher Varianten ist häufig ungenau, was deren Verwendung in weiteren Analysen behindert. Darüber hinaus hat die Auswahl der Referenzpopulation auch einen grossen Einfluss auf die Genauigkeit der Imputation. In dieser Studie stellen wir zwei neue Selektionsmethoden vor, die auf Haplotyp-Informationen beruhen, und bewerten sie im Vergleich zu zwei zuvor beschriebenen Methoden. Die Methode *Genetic Diversity Index* optimiert die Anzahl der einzigartigen Haplotyp-Allele, die in der zukünftig ausgewählten Tiergruppe vorhanden sein werden, während die Methode der *Highly Segregating Haplotype* darauf abzielt, möglichst viele Haplotyp-Allele zu erfassen, beginnend mit Allelen mit hoher Häufigkeit in der Population. Wir simulierten zuerst Sequenzdaten einer Milchviehpopulation, welche eine nordamerikanische Holstein-Population nachahmte. Referenzpopulationen wurden unter Verwendung der vier verschiedenen Methoden erzeugt. Schließlich wurde eine Gruppe von Tieren mit simulierten HD Genotypen zur Sequenz imputiert. Die Imputationsgenauigkeit für häufige Varianten lag zwischen 0,85 und 0,99, wohingegen die Imputationsgenauigkeit seltener Varianten zwischen 0,40 und 0,91 lag. Methoden, die auf der Auswahl von Tieren aufgrund ihrer genetischen Diversität basierten, führten zu einer besseren Imputationsgenauigkeit von Varianten mit einem tiefen MAF. Methoden, die auf Tiere abzielten, die häufig auftretende Haplotyp-Allele trugen, führten zu höheren Imputationsgenauigkeiten von Varianten mit höherem MAF. Somit muss die beabsichtigte Verwendung der imputierten Sequenz zum Zeitpunkt der Auswahl der Tiere, aus denen sich die zukünftige Referenzpopulation zusammensetzt, berücksichtigt werden.

## **8 Persistenz der Unterschiede in der Methanemission von Milchkühen mit hohem und niedrigem Ausscheidungs niveau**

T. Denninger, F. Dohme-Meier, A. Schwarm, M. Kreuzer, L. Eggerschwiler, B. Bapst, S. Wegmann and A. Mürger – Posieux/Zürich/Zug

Es gibt Hinweise darauf, dass durch Züchtung eine Reduktion der Methanemission aus der Milchviehhaltung erreicht werden kann. Für eine effiziente Zucht muss eine grosse Anzahl Phänotypen unter Praxisbedingungen erhoben werden können. Als vielversprechende Möglichkeit wird diskutiert, die Methanproduktion über die Mittelinfrarot (MIR)-Spektren der Milch zu schätzen. Zur Messung der Methanemission bei Weidehaltung bietet sich das GreenFeed (GF) System an (C-Lock Inc., Rapid City, SD, USA). Das Ziel der vorliegenden Studie war es, Milchkühe auf der Basis ihrer aus MIR-Spektren geschätzten Methanemission in Gruppen von hohen und niedrigen Methanausscheider einzuteilen und anschliessend zu überprüfen, ob die Einteilung über 5 Monate gültig bleibt. Ausserdem sollte überprüft werden, ob die Zuteilung auf Basis der MIR Spektren mit GF-Messungen bestätigt werden kann. 20 Milchkühe ( $641 \pm 36$  kg Gewicht,  $35.4 \pm 2.8$  kg Milch/Tag) wurden von August bis Oktober auf der Weide und ab November im Laufstall gehalten. Zunächst wurde die Herde mittels MIR Spektren in die Ausscheidungskategorien Hoch ( $n = 10$ ) und Niedrig ( $n = 10$ ) aufgeteilt. Während der fünf Monate wurde die Methanproduktion wöchentlich mit MIR geschätzt und mit GF gemessen. Der Zusammenhang der einmal wöchentlich erhobenen MIR Spektren mit den (über sieben Tage) gemittelten GF Messungen wurde mittels linearer Regression überprüft. Des Weiteren wurde anhand eines verallgemeinerten linearen Modells (GLM) überprüft, ob die Einteilung basierend auf den MIR Schätzungen über fünf Monate fortbestand. Alle statistischen Auswertungen wurden mit R (Version 3.3.1) durchgeführt. Das Bestimmtheitsmass der linearen Regression der MIR- und GF-Einzeltierdaten war 0.12 ( $P < 0.001$ ). Bei der MIR-Schätzung waren die fixen Faktoren Kategorie ( $P < 0.001$ ) und Periode ( $P < 0.001$ ) signifikant, aber nicht deren Interaktion. Auch für die GF Daten konnte gezeigt werden, dass die fixen Effekte Kategorie ( $P < 0.05$ ) und Periode ( $P < 0.001$ ) signifikant waren, jedoch nicht deren Interaktion. Die Einteilung in hohe und niedrige Methanausscheider basierend auf MIR Spektren, hatte über die fünf Monate Bestand, dies konnte auch mit den GF Messungen bestätigt werden. Jedoch ist der Zusammenhang zwischen beiden Methoden hinsichtlich der absoluten Methanausscheidung beim Einzeltier gering. Es scheint möglich zu sein, die Kühe innerhalb einer Herde mittels der MIR-Spektren in hohe und niedrige Ausscheider zu gruppieren. Weitere Untersuchungen unter Praxisbedingungen und über eine gesamte Laktation sind nötig, um die MIR-Schätzung aus den Spektren der Milch als Indikatormerkmal für die Methanemission zu verbessern.

## **9 Charta(gemeinschaft) Digitalisierung der Schweizer Land- und Ernährungswirtschaft**

*Nadja El Benni, Tänikon 1, 8356 Ettenhausen, Agroscope, [nadja.el-](mailto:nadja.el-benni@agroscope.admin.ch)*

*[benni@agroscope.admin.ch](mailto:benni@agroscope.admin.ch), Vorsitz Chartagemeinschaft Digitalisierung [www.agridigital.ch](http://www.agridigital.ch)*

Der Bundesrat hat im April 2016 die Strategie „Digitale Schweiz“ verabschiedet, welche vier Kernziele anstrebt: a) Innovation, Wachstum und Wohlstand in der digitalen Welt, b) Chancengleichheit und Partizipation aller, c) Transparenz und Sicherheit, d) Beitrag zur nachhaltigen Entwicklung.

Die «Charta zur Digitalisierung der Schweizer Land- und Ernährungswirtschaft» konkretisiert und komplementiert die relevanten Aktionsfelder und Ziele dieser Strategie für den Sektor und dient dem Dialog und der Vernetzung der involvierten Anspruchsgruppen. Mit dem Dialog soll ein gemeinsames Bewusstsein geschaffen, die Zusammenarbeit gefördert, Handlungsbedarf aufgezeigt und letztlich die Strategie umgesetzt werden.

Die Charta beinhaltet zwölf Leitlinien zum Umgang mit digitalen Daten und Anwendungen: I) Nutzen im Vordergrund, II) Transparenz, III) Zugang zu Daten, IV) Befähigung, V) Fairer Wettbewerb, VI) Wert der Daten, VII) Datenhoheit, VIII) Infrastruktur zur Datenübertragung, IX) Mehrwerte durch Vernetzung der Daten, X) Sorgfaltspflicht, XI) Forschung, Wissenstransfer und Innovation, XII) Technologische Entwicklung.

Die Trägerschaft der Chartagemeinschaft sind die unterzeichnenden Institutionen, Verbände, Organisationen und Unternehmen unterschiedlicher Rechtsformen, welche ihr Expertise zum Zweck der Charta zur Verfügung stellen. Organisiert ist die Chartagemeinschaft in einem Ausschuss mit Vorsitz Agroscope; Ressorts, welche die Inhalte der Charta-Leitlinien bearbeiten (Ressortleitende bilden den Ausschuss); und einer Geschäftsstelle eingerichtet bei der landwirtschaftlichen Beratungszentrale AGRIDEA. Die Tätigkeiten der Chartagemeinschaft werden auf der Website [www.agridigital.ch](http://www.agridigital.ch) publiziert und die Chartagemeinschaft wird vierteljährlich über einen Newsletter informiert.

## **10 CowsAndMore**

*Hans Fässler Marcel Widmer Selina Hug*

*Eschikon 21, 8315 Lindau*

Der Kuhkomfort ist eine der wichtigsten Grundlagen für eine wirtschaftliche und nachhaltige Tierhaltung. In Deutschland ist nach jahrelanger Entwicklung eine App zur digitalen Schwachstellenanalyse in Milchviehbetrieben auf den Markt gekommen. Dieses Programm ist äusserst vielversprechend, in der Schweiz aber noch nahezu unbekannt. Deswegen wird die App CowsAndMore im Rahmen eines HF-Versuchs getestet.

Ziel des Versuchs

- Ermitteln, wo die Grenzen des Programms liegen.
- Die Aussagekraft der Resultate bewerten.
- Herausfinden und nachvollziehbar darlegen, ob die App CowsAndMore als Beratungshilfsmittel in der Schweiz brauchbar ist.

Schlussfolgerungen

- Für landwirtschaftliche Beratungszentren ist CowsAndMore ein ideales Instrument, um objektiv und systematisch zu beraten.
- Bei einer Beratung mit CowsAndMore ist es nach wie vor sehr wichtig, dass der Berater ein gutes Auge für Details im Bereich des Tierwohls hat.
- Die Software ist erst seit kurzem auf dem Markt und wird laufend weiterentwickelt, was für die Zukunft sehr vielversprechend ist.

## 11 Hat die Selektion im Genom von Schweizer Schafrassen Spuren hinterlassen?

Christine Flury<sup>1</sup>, Alexander Burren<sup>1</sup>, Philippe Ammann<sup>2</sup>, Cord Drögemüller<sup>3</sup> und Heidi Signer-Hasler<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Berner Fachhochschule, Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften (HAFL), Länggasse 85, 3052 Zollikofen; *prospecierara*, Unter Brüglingen 6, 4052 Basel;

<sup>3</sup>Universität Bern, Institut für Genetik, Bremgartenstrasse 109a, 3001 Bern

Mit acht lokalen Rassen ist die Rassenvielfalt bei den Schweizer Schafrassen hoch. Basierend auf drei unterschiedlichen Datensätzen mit Genotypen von 478 bis 939 Tieren und für 33'828 bis 346'774 SNP haben wir die genetische Vielfalt für die Rassen Schwarzbraunes Bergschaf (SBS), Weisses Alpenschaf (WAS), Walliser Schwarznasenschaf (SN), Engadiner Schaf (ES), Bündler Oberländerschaf (BOS), Spiegelschaf (SS), Walliser Landschaf (WL) und Saaser Mutten (SAM) analysiert. Basierend auf der Hauptkomponenten-Analyse (1. bis 3. Komponente) handelt es sich bei den Stichproben der Rassen SN, WL, WAS und SS um klar trennbare Gruppen während die Genotypen der anderen Rassen (BOS, SAM, ES und SBS) zusammen clustern. Die mittlere genomische Inzucht variiert bei mittlerer Markerdichte von 2.15% (ES) bis 10.23% (SN) und bei hoher Markerdichte von 2.38% (ES) bis 15.32% (SN). Die Ergebnisse bestätigen die genetische Einzigartigkeit der beiden Walliser Rassen (SN und WL) und deren vergleichsweise hohe mittlere Inzucht auch auf genomischer Ebene. Bei der Analyse der Selektionssignaturen zeigte sich die deutlichste Signatur in der Rasse SN auf Chromosom 6 in unmittelbarer Nähe des *KIT* Gens. In der gleichen Rasse wurden auch auf Chromosom 17 in der Region des *TBX3* Gens und auf Chromosom 16 in der Nähe eines bekannten QTLs für das Fettsäuremuster im Schaffleisch jeweils deutliche Selektionssignaturen gefunden. Zudem konnten in mehreren Rassen Signaturen in der Nähe von bekannten Genen (*PLAG1*, *LCORL/NCAPG*, *TP53*), welche die Körpergrösse beeinflussen, beschrieben werden. Zusammengefasst erlaubt die Studie ein fundiertes Verständnis der genetischen Unterschiede zwischen den Schweizerischen Schafrassen sowie Einblicke in rassespezifische Folgen der Selektion.

## 12 Erweiterte genomweite Assoziationsstudien von Winkelmessungen in zwei Pferderassen zeigen Assoziationen zur Rückbiegigkeit im Karpalgelenk

A.I. Gmel<sup>1,2</sup>, T. Drum<sup>3</sup>, R. von Niederhäusern<sup>1</sup>, T. Leeb<sup>2</sup>, M. Neuditschko<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Agroscope – Schweizer Nationalgestüt, Avenches, Schweiz

<sup>2</sup>Institut für Genetik, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Schweiz

<sup>3</sup>Institut für Tierzucht und Genetik, Veterinärmedizinische Universität Wien, Österreich

Die Beurteilung des Exterieurs beim Pferd basiert auf althergebrachten Grundsätzen, die davon ausgehen, dass gewisse Proportionen und Gelenkwinkelungen entweder die Leistung positiv beeinflussen oder aber einen negativen Einfluss auf die Gesundheit haben. In dieser Studie wurden nach dem sogenannten Horse Shape Model gemessene Gelenkwinkel in genomweiten Assoziationsstudien (GWAS) eingesetzt. Basierend auf einer vorläufigen früheren Studie mit Fotografien von Hengsten und Zuchtstuten zweier Rassen (157 Freiberger und 213 Lipizzaner) wurde die Stichprobe nun auf 300 Freiberger und 224 Lipizzaner erweitert. Nur die Nacken-, Ellbogengelenks-, Karpal-, Fessel-, Hüft-, Knie- und Sprunggelenkwinkel zeigten eine gute Wiederholbarkeit und wurden in GWAS eingesetzt. Die GWAS basierten auf 270'112 gemeinsamen SNPs und wurden auf Alter, Geschlecht, Rasse und Aufstellung auf den Fotografien korrigiert. Die beste Assoziation wurde für den Karpalgelenkwinkel gefunden und befand sich auf Chromosom 4 in der Nähe des Gens *CALCR*. Karpalgelenkwinkel unter 180° entsprechen dem Merkmal Rückbiegigkeit, erwünscht in der Zucht ist ein gerades Gelenk (180°). Die früher gefundene Assoziation mit dem Nackenwinkel auf Chromosom 28 in der Nähe des *ALX1* Gens war mit der neuen erweiterten Stichprobe weniger signifikant, was an der umgekehrten Verteilung von Lipizzanern und FM liegen kann. Die geringere Signifikanz der Nackenwinkelungsassoziation lässt darauf schliessen, dass ein Foto nicht ausreicht, um den Phänotypen konsequent zu beschreiben, und/oder dass die Assoziation einen stärkeren Effekt auf die Lipizzaner als auf die Freibergerpopulation hat. Weitere Studien mit anderen Rassen sind wünschenswert, um diese beiden Genregionen weiter zu erforschen.

### **13 Geburtsüberwachung mittels Wiederkauhalfter**

*S. Grosjean<sup>1</sup>, D. Hoffrichter<sup>2</sup>, G. Sanders<sup>2</sup>, B. Heusmann<sup>3</sup>, M. Hässig<sup>1</sup>*

*1Abteilung AgroVet-Strickhof, Departement für Nutztiere, Vetsuisse-Fakultät, Universität Zürich, Schweiz, 2SCR Europe, Via Mattei 2, Loc-Gariga 29027 Podenzano (PC), Italien und 3Tierarztpraxis Junkernhose, 27612 Loxstedt, Bexhövede, Deutschland*

Als Dystokie wird ein schwieriger oder verzögerter Geburtsvorgang bezeichnet. Dystokien führen für den Landwirt zu erheblichen Verlusten, welche durch Produktions- und Tierverluste entstehen. Ziel dieser Studie war es zu untersuchen, ob ein Zusammenhang besteht zwischen dem Wiederkauverhalten ante partum und dem späteren Geburtsverlauf. Dafür wurden zwischen Mai 2016 und April 2017 auf einem norddeutschen Betrieb mit 430 Holstein Friesian Kühen alle Tiere mindestens eine Woche vor dem errechneten Geburtstermin mit einem Transponder, SCR HR LD-Transponderhalsbändern® (SCR Engineers Ltd., Netanya Israel), ausgerüstet, welcher die Wiederkauaktivität von insgesamt 510 Geburten aufzeichnete, von denen 28 Geburten ausgewertet werden konnten. Unabhängig vom Geburtsverlauf lässt sich bei allen Tieren in den Tagen vor der Geburt ein Abfall der Wiederkäuaktivität feststellen. Dabei ist der Abfall am letzten Tag vor der Geburt am markantesten. Auch wenn der Abfall der Wiederkauaktivität bei Kühen mit Geburtshilfe an den meisten Stellen deutlicher ist, tritt ein signifikanter Unterschied nur zu bestimmten Zeitpunkten auf. In dieser Studie hat sich die Vermutung bestätigt, dass zwischen dem frühzeitigen Abfall der Wiederkäuaktivität und einer eventuell bevorstehenden Dystokie ein Zusammenhang besteht. Um den in dieser Studie erkannten Verlauf der Wiederkauaktivität ante partum zwischen physiologischen Geburtsverlauf und Dystokie zu diskriminieren und einen entsprechenden Algorithmus zu erstellen, sind weitere und vertiefte Studien nötig.

### **14 Breeding value estimation in two Swiss populations of the honeybee *Apis mellifera***

*GUICHARD Matthieu (1)*

*NEUDITSCHKO Markus (1)*

*DAINAT Benjamin (1)*

*BRASCAMP, Evert W. (2)*

*(1) Agroscope, Swiss Bee Research Centre, Schwarzenburgstrasse 161, 3003 Bern, Switzerland*

*(2) Wageningen University and Research, Department of Animal Sciences, 6708PB Wageningen, The Netherlands*

Genetic evaluation of selection candidate is a key step to determine the mating plan in breeding programs. This approach also allows to calculate heritabilities of characters. In the honeybee, calculation of breeding values is performed in different selection programs but few is known about the genetic parameters of the corresponding populations. Here, we applied a Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) to an animal model to estimate breeding values and heritabilities corresponding to criteria measured by beekeepers in two selection programs in Switzerland. Heritabilities could be calculated for honey production, hygienic behavior, calmness and gentleness of the honeybees. Few variability of genetic origin was detected for criteria related to the infestation level of the parasitic mite *Varroa destructor*. In the Swiss context, with high regional colony densities, differences between colonies for these traits may be mainly due to horizontal between-colony mite transfers occurring due to drift or robbery. Implications for selection goals are discussed.

**15 A Comprehensive Genetic Screen for Recessive Variants impairing Fertility and Rearing Success in the Swiss Original Braunvieh Cattle**

Irene Monika Häfliger<sup>1</sup> Franz Seefried<sup>2</sup>, Cord Drögemüller<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institute of Genetics, University Bern, Switzerland

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

In a population analysis using the routine SNP data of about 2500 Original Braunvieh animals provided by the breeding association, were analyzed regarding haplotypes including possible recessive lethal variants. The general assumption is that recessive lethal alleles do not appear in homozygous state within a SNP data base that only includes healthy breeding animals. Thus, we searched for haplotypes in the genome showing a significant depletion from the Hardy-Weinberg equilibrium and successfully identified numerous regions. The longest and most significant haplotype for each regions was chosen in order to do an association analysis. Therefore, we included an additional fixed effect for the carrier state of the haplotype and estimated their effect on fertility, birth traits, growth and meat quality traits. A total of 17 regions were identified where an impact on the above defined traits is most likely. In April 2018 we repeated the analysis using the new reference sequence ARS-UCD1.2 published. We were able to confirm 8 of the regions and found another 4 regions of interest. Based on the carrier status of genotyped animals 19 Original Braunvieh animals were selected for whole genome sequencing (WGS). The WGS data will be mined in the regions of interest for missing homozygous protein changing small nucleotide variants (SNV). In addition larger structural variants (e.g. insertions, deletions) and copy number variants (CNV) will be investigated.

**16 Selektionssignaturen und neue Erkenntnisse zur Fellfarbe in Schweizer Ziegenrassen**

Jan Henkel<sup>1</sup>, Rashid Saif<sup>1, 2</sup>, Vidhya Jagannathan<sup>1</sup>, Flurina Bertschinger<sup>3</sup>, Corinne Schmocker<sup>1</sup>, Erika Bangerter<sup>4</sup>, Ursula Herren<sup>4</sup>, Philippe Ammann<sup>5</sup>, Cord Drögemüller<sup>1</sup>, Christine Flury<sup>3</sup>, Tosso Leeb<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut für Genetik, Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern, 3001 Bern

<sup>2</sup> Institut für Biotechnology, Gulab Devi Educational Complex, Lahore, Pakistan

<sup>3</sup> Hochschule für Agrar- Forst- und Lebensmittelwissenschaften, Berner Fachhochschule, 3052 Zollikofen

<sup>4</sup> Schweizerischer Ziegenzuchtverband, 3052 Zollikofen

<sup>5</sup> Pro Specie Rara, 4052 Basel

Domestizierung und gerichtete Selektion durch den Menschen führte zu verschiedenen Ziegenrassen mit speziellen Phänotypen. Dieser Prozess ging mit der Fixierung der für diese Phänotypen kausalen Genvarianten einher. Dies resultierte in Genomabschnitten mit reduzierter Variabilität, den sogenannten Selektionssignaturen. Wir untersuchten Selektionssignaturen in 20 modernen Ziegenrassen und ihrem wilden Vorfahren, der Bezoarziege. Dafür vereinigten wir DNA von je 12 Tieren pro Rasse und sequenzierten diese Pools mit einer 30-fachen Genomabdeckung. Die erhaltenen Sequenzen wurden mit dem Ziegenreferenzgenom (ARS1) verglichen und genetische Varianten identifiziert. Für jeden Pool wurden Heterozygotiewerte ( $H_p$ ) innerhalb von 150 kb Abschnitten berechnet. Die erhaltenen Werte wurden negativ Z transformiert ( $-ZH_p$ ) und grafisch abgebildet. Dabei wurden durchschnittlich 111 Selektionssignaturen pro Ziegenrasse mit  $-ZH_p > 4$  gezählt. Acht Schweizer Ziegenrassen mit weissen Abzeichen oder anderen symmetrischen Farbmustern zeigten eine Selektionssignatur im Bereich des *ASIP* Gens. Das *ASIP* Gen codiert für das agouti signaling protein und hat eine bekannte Rolle in der Pigmenttyp-Steuerung. Unsere Analyse der *ASIP* Selektionssignaturen förderte neben dem Wildtyp-Allel insgesamt vier verschiedene *copy number variants* (CNVs) ans Licht. Eine dieser CNVs ist die bereits publizierte Amplifikation des gesamten *ASIP* Gens bei Saanen- und Appenzellerziegen ( $A^{Wt}$ ). Die anderen drei Varianten wurden bisher noch nicht beschrieben und erklären die Färbung von Bündner Strahlenziegen und Toggenburgerziegen ( $A^{sm}$ ), Gämfarbigen Gebirgsziegen und St. Galler Stiefelgeissen ( $A^b$ ) sowie den Pfauenziegen ( $A^{pc}$ ).

## 17 Haplotyp auf Chromosom 6 reduziert die Spermienmotilität und Fruchtbarkeit von Brown Swiss Stieren

M. Hiltpold<sup>1</sup>, M. Spengeler-Frischknecht<sup>2</sup>, F. Schmitz-Hsu<sup>3</sup>, H. Bollwein<sup>4</sup>, H. Pausch<sup>1</sup>

<sup>1</sup>ETH Zürich, Institut für Agrarwissenschaften, 8315 Lindau; <sup>2</sup>Qualitas AG, 6300 Zug;

<sup>3</sup>Swissgenetics, 3052 Zollikofen; <sup>4</sup>Universität Zürich, Klinik für Reproduktionsmedizin, 8057 Zürich

Um ein Mindeststandard in der Befruchtungsfähigkeit von Besamungsdosen sicherzustellen, werden alle Ejakulate für die künstliche Besamung (KB) einer strikten Qualitätskontrolle unterzogen. Da in der Regel alle KB-Stiere an mehr als 50'000 Positionen im Genom genotypisiert sind, können in genom-weiten Assoziationsstudien Genotypen und Phänotypen verknüpft werden, um merkmals-assoziierte Regionen aufzuspüren. Eine haplotypen-basierte genomweite Assoziationsstudie ergab eine signifikante Assoziation ( $p$ -Wert =  $4.38 \cdot 10^{-26}$ ) auf Chromosom 6 mit der durchschnittlichen Spermienmotilität je Stier basierend auf visuellen Motilitätserhebungen in 38'386 frischen Ejakulaten von 935 nachzuchtgeprüften Brown Swiss Stieren von Swissgenetics. Der Haplotyp wirkt rezessiv. Stiere, die diesen Haplotyp homozygot tragen, zeigen eine signifikant reduzierte Motilität (Durchschnitt 83.1 % von 49 Stieren) gegenüber heterozygoten (86.3 %, 332 Stiere) und denjenigen ohne diesen Haplotyp (86.4 %, 555 Stiere). Obwohl die Spermienmotilität sowohl frisch als auch tiefgekühlt-aufgetaut der homozygoten Haplotypenträgern noch weit über den minimalen Anforderungen für den Besamungseinsatz liegt, ist deren non-Return Rate (NRR) deutlich reduziert, was auf verminderte Fruchtbarkeit schliessen lässt. In 2670 Braunvieh Stieren, die an deutschen und österreichischen Besamungsstationen abgesamt wurden, ist der Haplotyp ebenfalls mit reduziertem Befruchtungsvermögen assoziiert ( $p$ -Wert =  $2.66 \cdot 10^{-32}$ ). Unsere Ergebnisse liefern erstmals einen QTL, der die Spermienmotilität und Fruchtbarkeit von Brown Swiss Stieren massgeblich beeinflusst.

## 18 Schweizer Kennzahlen zur Klauengesundheit

Sabrina Huber, Adrian Steiner, Nutztierklinik, Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern, Bremgartenstrasse 109a, 3012 Bern; [sabrina.huber@vetsuisse.unibe.ch](mailto:sabrina.huber@vetsuisse.unibe.ch)

**Einleitung:** In der Bestandesmedizin, gerade aus den Bereichen der Fruchtbarkeit und Eutergesundheit, wird seit längerem mit etablierten Kennzahlen gearbeitet. Beispiele dafür sind Werte wie Erstkalbealter, Brunsterkennungsrate oder Zellzahlen. Diese helfen den betreuenden Tierärzten, Gesundheitsprobleme auf Herdenebene frühzeitig zu erkennen, zu definieren und Massnahmen zu deren Verbesserung auszuarbeiten. Für die Klauengesundheit fehlen solche Werte bisher, was die objektive Erkennung von Problembetrieben deutlich erschwert. Bedenkt man den ständigen negativen Einfluss von Klauengesundheitsproblemen auf die Fruchtbarkeit, die Leistung sowie das gesamte Tierwohl wird deutlich, wie wertvoll solche Kennzahlen in Zukunft sein werden.

**Methodik:** Anhand einer Literaturrecherche, wurden mehrere primäre und sekundäre Kennzahlen ausgearbeitet (1°: Herdenproblem Ja/Nein, 2°: Einteilung des Problems). Diese wurden in einer Expertenrunde, bestehend aus praktizierenden Bestandestierärzten, Mitarbeitenden des RGD und Universitätsprofessoren, auf ihre mögliche praktische Umsetzung und Relevanz hin diskutiert. Entstanden sind zwei primäre und neun sekundäre Fragestellungen, die helfen einen Betrieb auf seine Klauengesundheit hin zu beurteilen. Im Folgenden sind die primären Kennzahlen aufgelistet:

- Anteil Abgänge aufgrund von Gliedmassenproblemen
- Anteil lahmer Tiere zu einem bestimmten Zeitpunkt auf einem Betrieb.

Die sekundären Kennzahlen:

- Anteil Klötze/Verbände pro Herdenschnitt
- Prävalenzen von folgenden Erkrankungen: Ballenfäule, Dermatitis digitalis, doppelte Sohle, Klauengeschwüre, Limax, Weisse Linie Defekte und Anzeichen von Klauenrehe

Die dazugehörigen Grenzwerte (Überschreitung des Wertes = Problem) werden momentan erarbeitet.

## **19 Ressourcenprojekt *Gesunde Klauen – Fundament für die Zukunft***

Sabrina Huber, Adrian Steiner, Nutztierklinik, Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern, Bremgartenstrasse 109a, 3012 Bern; [adrian.steiner@vetsuisse.unibe.ch](mailto:adrian.steiner@vetsuisse.unibe.ch)

Aktuelle Probleme: Klauengesundheitsdaten werden bei der funktionellen Klauenpflege und bei Klauenbehandlungen nur äusserst selten erhoben, sind nicht digital abrufbar und stehen daher weder zur Zuchtwertschätzung noch zur Früherkennung von Seuchen zur Verfügung. Lahmheiten und vor allem Dermatitis digitalis (DD; Klauenerdebeerkrankheit) sind in der Schweiz weit verbreitet und stellen ein grosses Tiergesundheits- und das grösste aktuelle Tierwohlproblem beim Rindvieh dar. Kennzahlen zur summarischen Erfassung der Klauengesundheit in den Betrieben sind nicht definiert. Standardisierte Konzepte zum Vorgehen bei Vorliegen von Klauengesundheitsproblemen auf Herdenebene sind nicht vorhanden.

Aktuelle Vorgaben: Spezifische Software zur Erfassung der Klauengesundheitsdaten während der funktionellen Klauenpflege ist auf dem Markt erhältlich. Ein einheitliches Vorgehen bei der Klauenpflege wurde Ende 2018 von der Schweizer Klauenpflegervereinigung (SKV) zusammen mit den Vetsuisse-Fakultäten BE und ZH erarbeitet und gilt als Standard in der Schweiz: *Die Schweizer Methode der funktionellen Klauenpflege*. Ein weltweit anerkannter Diagnoseschlüssel für die Beschreibung von Klauenerkrankungen ist vorhanden: *ICAR Atlas der Klauengesundheit*.

Zielsetzungen: Einführung der routinemässigen digitalen Erfassung von Klauengesundheitsdaten während der Klauenpflege; Erarbeitung von Kennzahlen und Klauengesundheitskonzepten; Fortbildung von Klauenpflegern, Landwirten, Tierärzten, Fütterungsberatern und Stallbauexperten im Bereich Klauengesundheit; spezifische Beratung und Überwachung von Betrieben mit Klauengesundheitsproblemen; Verbesserung der Klauengesundheit beim Rindvieh in der Schweiz.

Vorgehen und Zeitplan: Ressourcenprojekt; Dauer: 1.1.2019 – 31.12.2024

Trägerschaft und Sponsoren: SKV, ASR, SVW, GST, SMP, Fondation Sur-La-Croix, Swissgenetics, UFA, SBV, VSF (Stand 04.02.2019)

Wissenschaftlicher Partner: Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern

## **20 Schweizer Technik der funktionellen Klauenpflege – 5 Schritte für gesunde Klauen**

Sabrina Huber, Adrian Steiner, Nutztierklinik, Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern, Bremgartenstrasse 109a, 3012 Bern; [sabrina.huber@vetsuisse.unibe.ch](mailto:sabrina.huber@vetsuisse.unibe.ch)

Ausgangslage: Die Methode der funktionellen Klauenpflege wurde 1977 durch E. Touissant Raven erstmals beschrieben. In den letzten 42 Jahren haben sich die Ansprüche an die Klauen deutlich verändert. Die Haltungsumstellung von Anbinde- auf Laufställe, die intensivierete Fütterung und die Zucht auf hohe Leistung beeinflussen die Gesundheit der Klauen direkt wie auch indirekt. Das fachgerechte Schneiden der Klauen ist nach wie vor das wirkungsvollste Mittel die Klauengesundheit beim Milchvieh zu kontrollieren und zu beeinflussen.

Entstehung: Die Instruktoren der Schweizer Klauenpflegervereinigung (SKV) haben in Zusammenarbeit mit den Klauenexperten der beiden Vetsuisse Fakultäten Bern und Zürich, A. Steiner und K. Nuss, sowie dem Rindergesundheitsdienst Bern (RGD) die einzelnen Schritte der funktionellen Klauenpflege im Hinblick auf aktuelle Probleme und Erkrankungen der Klauen die bisher genutzte Methode nach Toussaint Raven beurteilt, ergänzt und angepasst. Gerade multifaktoriell bedingte, infektiöse Erkrankungen wie die Dermatitis digitalis sind schwierig zu bekämpfen. Durch eine gezielte Anpassung der Klauenpflege wie bspw. die Schonung des Ballenbereiches zur Erhöhung des Ballensatzes, kann die Abheilung von Läsionen beschleunigt und unter Umständen eine Wieder- oder Neuinfektion verhindert werden.

Vorgehen:

Schritt 1: Start mit der grösseren der beiden Klauen, vordere Wandlänge auf 85 mm kürzen (in Abhängigkeit von Rasse und Alter), Ausdünnen der Sohle (Dicke  $\geq 5$  mm)

Schritt 2: Höhe der kleineren Klaue an die grössere anpassen

Schritt 3: beidseitig die Hohlkehlung anbringen, (2/3 der Sohlenbreite, Richtung Sohlenspitze 1/3 der Sohlenlänge belassen und dann ballenwärts bis zum Ballen)

Schritt 4: Kanten brechen grundsätzlich max. 1mm abtragen, im Spitzenbereich 1/3 der Aussenwandlänge, max. bis zur weissen Linie, Afterklauen kürzen

Schritt 5: Kontrolle Zwischenklauenspalt, Ballenfäule entfernen, Defekte entlasten.

## **21 Effects of dietary sainfoin on feeding, rumination, and faecal particle composition in dairy cows**

*Alexandra Kapp<sup>1</sup>, Michael Kreuzer<sup>2</sup>, Gerdine Kaptijn<sup>1</sup> and Florian Leiber<sup>1</sup>*

<sup>1</sup>*Research Institute of Organic Agriculture (FiBL), Ackerstrasse 113, 5070 Frick, Switzerland*

<sup>2</sup>*ETH Zurich, Institute of Agricultural Sciences, Zurich, Switzerland*

An experiment was conducted to test whether dietary sainfoin (*Onobrychis viciifolia*), a plant containing condensed tannins, affects feeding and rumination behaviour of dairy cows fed different roughage-only diets. Out of a herd of sixty lactating Swiss Fleckvieh cows, twenty-nine were chosen for a 6-week experiment. Cows were fed pasture, fresh cut grass and hay. During week 1 (baseline) and weeks 2-4, they had access to pasture for 4 hours during day, and received approximately 6 kg DM/day fresh grass and 4 kg DM/day hay in barn. In week 5 and 6, daily pasture allowance was 2 h; hay offer was doubled. In week 2-6, each cow individually received respectively 1 kg of pelleted feed in the morning and in the evening. Ten cows received ryegrass pellets in week 2, 3 and 5, and sainfoin pellets in week 4 and 6 (sainfoin short term; SST). Nine cows were fed sainfoin (Sainfoin long term; SLT) and another ten ryegrass pellets (Control; C) during the whole term. Rumination and feeding behaviour was measured with RumiWatch<sup>®</sup> sensor halters during week 1, 4, and 6. Individual faeces samples (4 per cow/week in week 1, 4 and 6) were analysed for particle fractions (wet sieving at 4.0, 2.0, 1.0, and 0.3 mm). Data was evaluated with a general linear model using group and week as fixed factors; baseline data served as covariate. Compared to week 4, all cows showed an increased duration of feeding (15.5%) and a decreased ruminating activity (14.2%) in week 6 ( $p < 0.001$ ). Feeding sainfoin pellets (SLT and SST) led to decreased feeding time (2.0-4.6%) and increased rumination time (4.4-6.5%) compared to C ( $p < 0.05$ ) in both weeks. Total particle proportion in faecal DM was lower in SST and SLT by 11.7% compared to C ( $p < 0.05$ ). Also the proportion of the 1.0 - 0.3 mm fraction was lower in faeces of SST and SLC ( $p < 0.05$ ). Milk yields, fat and protein contents were not affected. Results indicate effects of sainfoin supplements on eating behaviour and digestion even when roughage composition varies. This approach could be further used to develop targeted feeding aimed at improving digestion and feed efficiency in low-input dairy systems.

## **22 Breeding sustainable pigs: the genetic basis of nitrogen efficiency**

*Claudia Kasper, Swine Production Unit, Animal Production Systems and Animal Health, Agroscope Posieux, La Tioleyre 4, 1725 Posieux*

Meat production contributes to environmental pollution through the emission of nitrogen compounds. In addition, pig fattening in Switzerland requires imports of soybean, since the protein requirement of feed cannot be met by domestic plant-protein sources alone. As the global human population is expected to rise, proteins for animal feed will become scarcer. It is therefore desirable to improve protein efficiency, i.e. to achieve a similar protein uptake in the carcass with a lower intake of dietary crude protein, through selective breeding. Within a herd, animals differ phenotypically in their protein efficiency. I investigated the potential to breed protein-efficient pigs to reduce the use of soy products in the long term by exploring the genetic potential of protein efficiency. Here, I show that using preliminary data of 300 pigs, the heritability of protein efficiency is around 30% in the empty body and 16% in the carcass, clearly indicating a potential for selection on this trait. Positive phenotypic correlations with phosphorus efficiency suggest that breeding for nitrogen efficiency could also increase this trait; however, a slight delay in the growth of protein-efficient pigs might be expected. Further studies are needed to improve the quality of estimates and to obtain information on the underlying genes of protein-efficient pigs.



### **23 Update évaluation génétique du poids au sevrage**

*Kunz S. \*, Berweger M., Strasser S. \*\**

*\*Qualitas AG, Chamerstrasse 56, 6300 Zug*

*\*\*Mutterkuh Schweiz, Stapferstrasse 2, 5201 Brugg*

Sur les exploitations herdbook de Vache Mère Suisse, un expert procède à la pesée des veaux entre 90 et 320 jours lors du FLEK (contrôle de la croissance des races à viande). Ces pesées sont utilisées pour l'évaluation génétique du poids au sevrage direct, c'est-à-dire le potentiel de croissance, et du poids au sevrage maternel, c'est-à-dire le potentiel laitier des filles. Ces valeurs d'élevage sont essentielles pour les éleveurs de races à viande, afin de sélectionner leurs remontes notamment sur les aspects maternels.

Seulement 20% des exploitations répertoriées chez Vache Mère Suisse sont des exploitations herdbook. Le solde représente les exploitations de production pour les labels tels que Natura-Veal et Natura-Beef. Dans ces exploitations de production, le poids au sevrage n'est pas relevé. Toutefois, pour ces deux labels susmentionnés, les veaux sont élevés sous la mère comme pour les exploitations herdbook, puis à soit 5 mois ou soit 10 mois selon le label, ils sont sevrés et abattus.

La question à traiter est la suivante:

pouvons nous utiliser les poids morts des veaux Natura-Veal et/ou Natura-Beef comme caractères auxiliaires, afin d'améliorer l'évaluation génétique du poids au sevrage?

### **24 Update Zuchtwertschätzung Schlachtmerkmale**

*Kunz S. \*, von Rohr P. \*, Seefried F. \*, Schnyder U. \*, Strasser S. \*\**

*\*Qualitas AG, Chamerstrasse 56, 6300 Zug*

*\*\*Mutterkuh Schweiz, Stapferstrasse 2, 5201 Brugg*

Aufgrund der Bezahlungssysteme in den Schlachthöfen sollten Schlachtkörper bezüglich Fleischigkeit, Fettabdeckung und Schlachtgewicht bestimmte Anforderungen erfüllen. Sonst drohen Preisabzüge.

Ausgewertet wurden bisher die Merkmale Nettozuwachs und Fleischigkeit, jeweils für Bankkälber und Banktiere. Die Fettabdeckung war bisher als fixer Effekt im Modell enthalten. Im überarbeiteten Modell werden die Fettabdeckung, die Fleischigkeit und das Schlachtgewicht multivariat ausgewertet, wobei nach wie vor zwischen Bankkälbern und Banktieren unterschieden wird. Damit können die genetischen Zusammenhänge zwischen diesen Merkmalen besser berücksichtigt werden. Mit dem Wechsel von Nettozuwachs zu Schlachtgewicht wird eine Angleichung an internationale Standards vorgenommen. Die Erblichkeiten für Fettabdeckung, Fleischigkeit und Schlachtgewicht liegen im mittleren bis hohen Bereich und die Korrelationen zwischen der Fettabdeckung und den anderen Merkmalen eher tief.

Das neue Modell ermöglicht eine züchterische Bearbeitung des Merkmals Fettabdeckung, dessen Erblichkeit sowohl bei den Bankkälbern bei 31% und bei den Banktieren bei 36% liegt. Ausserdem werden wegen der gemeinsamen Auswertung im Mehrmerkmalsmodell die Merkmale Schlachtgewicht und Fleischigkeit als Hilfsmerkmale für das Merkmal Fettabdeckung genutzt. Dasselbe gilt in der umgekehrten Richtung und dient einer möglichst umfassenden bzw. maximalen Nutzung der erhobenen phänotypischen Daten. Die Herkunft der Daten für die Zuchtwertschätzung Schlachtmerkmale ist verbandsübergreifend.

**25 A complex structural variant at the *KIT* locus in Alpine cattle with a unique white spotting pattern**

Luzia Küttel<sup>1</sup>, Anna Letko<sup>1</sup>, Irene Häfliger<sup>1</sup>, Sara Joller<sup>1</sup>, Gaby Hirsbrunner<sup>2</sup>, Heidi Signer-Hasler<sup>3</sup>, Gábor Mészáros<sup>4</sup>, Johann Sölkner<sup>4</sup>, Christine Flury<sup>3</sup>, Cord Drögemüller<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institute of Genetics, Vetsuisse Faculty, University of Bern, 3001 Bern, Switzerland

<sup>2</sup> Clinic for Ruminants, Vetsuisse Faculty, University of Bern, 3001, Bern, Switzerland

<sup>3</sup> School of Agricultural, Forest and Food Sciences HAFL, Bern University of Applied Sciences, 3052 Zollikofen, Switzerland

<sup>4</sup> Division of Livestock Sciences, University of Natural Resources and Life Sciences, 1180, Vienna, Austria

The beauty of Austrian Pinzgauer cattle is based on the polarization of pigmented head and sides, and depigmented back, tail and lower side. This line-backed spotting pattern, sometimes referred to as finching is supposed to be inherited incompletely dominant in several more or less unrelated breeds including the Tux-Zillertaler, another local breed of Austria. A GWAS using 777k SNV genotypes of 27 white-spotted and 16 solid-colored Tux-Zillertaler cattle enabled us to identify an associated genome region on chromosome 6. Subsequent haplotype analysis localized a 122 kb-sized critical interval upstream *KIT*, a well-known depigmentation gene. All white-spotted Tux-Zillertaler shared a haplotype present in at least one copy, whereas all but one of 141 Pinzgauer cattle with available 777k SNV data were homozygous for the corresponding haplotype. The whole genome of a single Pinzgauer was sequenced which revealed a private complex structural variant mainly characterized by the fusion of a duplicated 310 kb-sized BTA4 segment into the BTA6 region. A diagnostic PCR was developed for straightforward genotyping of carriers for this structural variant that allowed ensuring that the most likely causative variant was present in all white-spotted Pinzgauer and Tux-Zillertaler cattle. Interestingly, we detected the variant allele also in all so far tested Slovenian Cika, British Gloucester and Spanish Berrenda en Negro cattle showing a similar spotting pattern. In addition, the variant occurs in some white-spotted animals of the Swiss Valais breeds Evolène and Eringer, which nicely confirms the reported historical relationship of these

**26 Array genotyping and/or whole genome sequencing facilitates detection of structural variants and chromosomal imbalance in pigs**

Anna Letko<sup>1</sup>, Alexander Grahofer<sup>2</sup>, Irene Monika Häfliger<sup>1</sup>, Vidhya Jagannathan<sup>1</sup>, Alain Ducos<sup>3</sup>, Olivia Richard<sup>4</sup>, Vanessa Peter<sup>5</sup>, Heiko Nathues<sup>2</sup>, Cord Drögemüller<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institute of Genetics, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bremgartenstr. 109a, 3012 Bern, Switzerland

<sup>2</sup>Clinic for Swine, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bremgartenstr. 109a, 3012 Bern, Switzerland

<sup>3</sup>GenPhyse, INRA, INPT, ENVT, Université de Toulouse, 31320, Castanet-Tolosan, France

<sup>4</sup>Institute of Animal Pathology, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Länggassstr. 122, 3012 Bern, Switzerland

<sup>5</sup>Division of Clinical Radiology, Department of Clinical Veterinary Medicine, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Länggassstr. 128, 3012 Bern, Switzerland

Palatoschisis or cleft palate is a known anomaly in pigs resulting in their death. However, little is known about its aetiology. A detailed description of the phenotype was derived from necropsy and by computed tomography revealing that all 20 cases also exhibited hypodontia and renal cysts. Genetic origin was assumed due to dominant inheritance, as all cases were confirmed offspring of a single boar. Single nucleotide polymorphism genotyping and whole genome sequencing data were used to detect a chromosomal imbalance in the affected offspring and to fine map the breakpoints in the genome. Finally, we proved that the boar, which sired the malformed piglets, carried a balanced translocation between Mb-sized segments of chromosome 8 and 14. This had not been previously observed during karyotyping. All affected offspring were carriers of a partial trisomy of chromosome 14 including the *FGFR2* gene, which is associated with various dominant inherited craniofacial dysostosis syndromes in man, and partial monosomy of chromosome 8 containing *MSX1* known to be associated with tooth agenesis and orofacial clefts in other species. Genome-wide genotyping and/or sequencing facilitates early identification of the responsible boar and possible causative mutations. By implementing systematic surveillance, it is possible to identify genetic defects at an early stage and avoid further distribution of congenital disorders.

## **27 Genetisch hornlose Ziegen ohne Zwitterproblematik züchten?**

*Nadia Lucchini<sup>1</sup>, Christine Flury<sup>1</sup> und Cord Drögemüller<sup>2</sup>*

*<sup>1</sup>Berner Fachhochschule, Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften (HAFL), Länggasse 85, 3052 Zollikofen, <sup>2</sup>Universität Bern, Institut für Genetik, Bremgartenstrasse 109a, 3001 Bern*

Die Zucht auf Hornlosigkeit kann eine interessante Alternative zur aktuell viel diskutierten Enthornung von Ziegen darstellen. Bei Ziegen zeigt sich das Merkmal der angeborenen Hornlosigkeit in Verbindung mit Störungen in der Geschlechtsentwicklung. Der als polled-intersex-syndrome (dt. Hornlosigkeit-Zwittrigkeit-Syndrom, PIS) bezeichnete Zusammenhang ist dadurch gekennzeichnet, dass homozygot hornlose, genetisch weibliche (XX) Tiere auf Grund von Intersexualität unfruchtbar sind. Im Frühjahr 2018 von uns durchgeführte Interviews mit verschiedenen Ziegentüchtern ergaben, dass hornlose Tiere von vielen Züchtern erwünscht sind. Dabei spielt es für viele Ziegentüchter kaum eine Rolle, ob die Tiere natürlich hornlos sind oder enthornt wurden.

Bis anhin fehlte ein zuverlässiger Gentest zur Hornlos- bzw. PIS-Genotypisierung und gleichzeitigen Geschlechtsbestimmung von Ziegen. Das Ziel war es, mit einer verfeinerten Charakterisierung der mit PIS assoziierten DNA-Variante, einen direkten Gentest zu entwickeln. Dabei zeigte sich, unter Einsatz modernster DNA-Sequenzierungsmethodik, dass die verantwortliche Mutation wesentlich komplexer ist, als bislang angenommen. Wir konnten zeigen, dass anstelle der beschriebenen Lücke ein rund 500 Tausend DNA-Bausteine umfassendes Genomstück anstelle des fehlenden Abschnittes vorliegt. Dies ermöglichte 2018 die erstmalige Entwicklung eines direkten Gentests («PIS-Gentest») zum eindeutigen Nachweis von sogenannten «Hornlos-Zwittern.». Somit kann ein frühzeitiger Ausschluss dieser grösstenteils unfruchtbaren weiblichen Ziegen aus der Zucht erfolgen, was eine sicherere Zuchtplanung mit genetisch hornlosen Ziegen ermöglicht.

## **28 Ultraschografische Untersuchung zur Uterusinvolution bei Sauen nach der Geburt**

*Anja Meile<sup>1</sup>, Heiko Nathues<sup>1</sup>, Alexander Grahofer<sup>1,2</sup>*

*1: Schweineklinik Bern, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Bremgartenstr. 109a, 3012 Bern*

*2: Tierphysiologie, Institut für Agrarwissenschaften, ETH Zürich, Universitätstr. 2, 8092 Zürich*

Im Puerperium ist eine physiologische und vollständige Uterusinvolution entscheidend für die Fruchtbarkeitsleistung der Zuchtsau im nächsten Wurf. Bisher wurde die Uterusinvolution bei Zuchtsauen hauptsächlich mittels makroskopischer und histologischer Untersuchung an Zuchtsauen nach der Schlachtung beschreiben, sodass eine Überprüfung von Assoziationen pathologischer Befunde mit nachfolgender Fruchtbarkeitsleistung nicht möglich war. Das Ziel dieser Studie war eine kontinuierliche Beschreibung der individuellen Uterusinvolution von Tag 2 bis Tag 14 nach der Geburt sowie am Tag vor dem Absetzen mittels Ultraschall bei Zuchtsauen in freier Abferkelung durchzuführen. Dafür wurde bei drei Abferkelgruppen à 12 Zuchtsauen (n=46), mittels transkutaner Ultraschalluntersuchung der Uterusdurchmesser an drei Stellen ausgemessen. An jedem Untersuchungstag konnte der Uterus bei durchschnittlich 90% der Zuchtsauen dargestellt und vermessen werden, wobei eine signifikante Abnahme der Darstellbarkeit auf 71.7 % am Tag 28 festgestellt wurde. Der Median des Uterusdurchmessers nahm vom 32.4 mm (Min: 18.6 mm, Max: 52.3 mm) am Tag 2 ab auf 9.0 mm (Min: 7.6 mm, Max: 12.7 mm) am Tag vor dem Absetzen. Während der Tage 2 bis 10 kam es zu einer signifikanten Abnahme des Uterusdurchmessers mit Ausnahme von Tag 5 zu Tag 6 und Tag 8 zu Tag 9. Des Weiteren wurde ein signifikanter Unterschied der Durchmesser an Tag 14 (Median: 9.9 mm; Min: 8.0 mm, Max: 13,4 mm) verglichen mit Tag 28 (Median: 9.0 mm; Min: 7.6 mm, Max: 12.7 mm) festgestellt. Die ultraschografische Untersuchung ist nach den vorliegenden Ergebnissen ein geeignetes Verfahren um die Uterusinvolution bei der Sau zu beschreiben. Entgegen der Literatur scheint sich die Uterusgrösse nicht nur bis Tag 14 sondern bis zum Tag vor dem Absetzen zu verändern. Weitere Untersuchungen der Auswirkung des Geburtsablaufs auf die Uterusinvolution sowie auf die nächste Wurfleistung der Sau sind in Arbeit.

**29 Shredlage ou ensilage de maïs plante entière standard: conservation, digestibilité et valorisation par les taurillons à l'engrais**

*J. Morel, Y. Arrigo, U. Wyss et M. Rothacher, Agroscope, Tioleyre 4, CP 64, CH-1725 Posieux*

Une nouvelle technique de récolte de l'ensilage de maïs plante entière appelée Shredlage (SHR) a été développée récemment aux Etats-Unis. Par rapport à la méthode standard (STD), la plante est hachée plus grossièrement et ciselée dans le sens de la longueur alors que les grains sont broyés grâce à des rouleaux éclateurs. L'objectif est d'améliorer la digestibilité du fourrage obtenu et sa valorisation par les ruminants. Trois essais comparant le maïs SHR à du maïs STD récolté sur la même parcelle et ensilé en balles ou en silo-tour (seulement STD) ont été réalisés à Agroscope dans le but d'évaluer la fibrosité du fourrage, les paramètres de conservation, la digestibilité et la valorisation du fourrage par des taurillons à l'engrais.

Mesurée au séparateur de particules la fibrosité du maïs SHR, notamment la part de fibres supérieures à 19 mm, n'a pas été aussi élevée que ce qui était annoncé par le fabricant (21% vs >25%).

Lors de l'essai de conservation, il est apparu que les paramètres de fermentation étaient similaires mais que le SHR contenait beaucoup plus de levures que le STD. Leur présence accrue explique l'échauffement plus rapide du fourrage contaminé constaté lors d'un test de post-fermentation.

La digestibilité apparente de la matière organique mesurée *in vivo* sur moutons ne s'est pas révélée significativement différente entre les ensilages SHR et STD, entraînant une valeur nutritive similaire.

Enfin lors de l'essai d'engraisement de taurillons, où le maïs représentait 72% de la ration (dans la matière sèche [MS]), l'ingestion journalière moyenne de MS du groupe SHR par rapport à STD entre 188 et 528 kg poids vif était tendanciellement inférieure (6.97 vs 7.30 kg/j ; P=0.054) tout comme le gain moyen quotidien sur la même période (1500 vs 1578 g/j; P=0.067). C'est surtout en début et en toute fin d'engraisement que la ration SHR a été moins bien ingérée, hypothétiquement en raison d'une ingestibilité réduite liée à la structure grossière chez les jeunes animaux et à un encombrement élevé en fin d'engraisement. La qualité de carcasse n'était pas significativement différente entre les deux variantes. Au final, les avantages potentiels de cette nouvelle technique n'ont pas engendré d'effet positif impactant positivement les paramètres économiquement importants.

**30 Allelfrequenzanalyse beim Schweizer Edelschwein**

*Thomas Müller Berufsbildungszentrum Natur und Ernährung Klosterbüel 28 6170 Schüpfheim, Heidi Signer et Hannes Jörg HAFL Länggasse 85 3052 Zollikofen*

Beim Schweizer Edelschwein wurden die Veränderungen der Allelfrequenzen von SNPs in den Genomregionen im Zusammenhang mit den vier Merkmalen Escherichia coli F18 (ECF18), Escherichia coli F4 (ECF4), Porcine Stresssyndrom (PSS) und Anzahl lebend geborene Ferkel (LGF) untersucht. Der Datensatz umfasste 4880 Tiere, welche mit einem 60k-Chip typisiert wurden. Die Edelschweine wurden in die Unterkategorien Mutterlinie (ES ML) und Vaterlinie (ES VL) unterteilt. Der Anteil des ECF18-resistenten Allels ist bei der ES ML auf 99.8% und bei ES VL bei 93.3%. Parallel zur Veränderung der Frequenz des ECF18-Rezeptorallels war eine ähnlich grosse Verschiebung auf dem Chromosom 6 zwischen der 59. und 66. Mb zu beobachten. Jedoch besaßen die SNPs in dieser Region nur eine geringe Linkage Disequilibrium (LD) mit dem ECF18-Marker. Weshalb es in dieser Genregion ebenfalls zu einer Veränderung kam, konnte nicht geklärt werden.

Die Vererbung der ECF4-Resistenz ist noch nicht vollständig geklärt. Der verwendete ECF4-Marker für den ECF4ac-Rezeptor weist eine Frequenz für das resistente Allel von knapp 60% auf und es konnten noch keine grösseren Verschiebungen der Allelfrequenzen festgestellt werden.

Im untersuchten Datensatz konnte kein Tier gefunden werden, welches ein für PSS-anfälliges Allel besaß. Somit kann davon ausgegangen werden, dass die Schweizer Edelschwein - Population frei vom PSS ist.

Bei den untersuchten LGF-signifikanten Markern konnten bei der ES ML nur kleinere Verschiebungen der Frequenzen festgestellt werden. Hingegen konnte bei der ES VL eine markante Veränderung bei einem SNP auf Chromosom 10 beobachtet werden. Beim Vergleich zwischen Tieren mit tiefen und solchen mit hohen LGF-Zuchtwerten konnte eine deutliche Differenz bei zwei stark gekoppelten SNPs auf dem Chromosom 5 festgestellt werden. Der Vergleich zwischen diesen Gruppen offenbarte ebenfalls einen markanten Unterschied der Allelfrequenzen der SNPs im Östrogenrezeptorgen 1 (ESR1).

### 31 Farbvererbung beim Walliser Landschaf

Julia Paris<sup>1</sup>, Anna Letko<sup>1</sup>, Christine Flury<sup>2</sup>, Philippe Ammann<sup>3</sup>, Cord Drögemüller<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institut für Genetik, Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern, 3001 Bern

<sup>2</sup>Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften HAFL, 3052 Zollikofen

<sup>3</sup>ProSpecieRara, 4052 Basel

Die Walliser Landschaft (Roux du Valais) sind überwiegend rotbraun gefärbt, vereinzelt treten schwarz pigmentierte Tiere auf, die auch als Lötschenschaf bezeichnet werden. In dieser Studie wurde anhand der Genotypisierungsdaten von über 600 Tausend SNP-Markern von 51 rotbraunen und 38 schwarzen Walliser Landschaft eine genomweite Assoziationsstudie zur Fellfarbe durchgeführt. Diese ergab eine signifikante Assoziation zu einer Genomregion auf dem Schafchromosom 2, in der das *tyrosinase-related-protein-1* (*TYRP1*) Gen lokalisiert ist. In verschiedenen Spezies wurde zuvor gezeigt, dass *TYRP1* Varianten für verschiedene rotbraune Fellfärbungen verantwortlich sind, z.B. die dominant vererbte *TYRP1* Variante bei den Kupferhalsziegen. Daraufhin wurde eine vergleichende Sanger-Sequenzierung aller acht proteinkodierenden Exons des ovinen *TYRP1* Gens bei 174 Walliser Landschaften (78 schwarze und 96 rotbraune) durchgeführt. Dabei wurden drei proteinverändernde Genvarianten identifiziert: eine 2 bp-Deletion im Exon 2, die zu einer Leserasterverschiebung führt (p.(Glu29ValfsTer5)), eine Punktmutation im Exon 4 (p.Cys290Phe) und eine Punktmutation im Exon 5, die zu einem vorzeitigen Stoppcodon führt (p.Arg356\*). Die selten vorkommende Variante im Exon 4 wurde zuvor bereits als ursächlich für den Unterschied zwischen dunkel- und hellbraunen Soay-Schafen beschrieben. Zusammen mit den beiden neu entdeckten häufiger vorkommenden *TYRP1* Varianten erklären diese drei rezessiv vererbten Mutationen die rotbraune Farbe beim Walliser Landschaft. Sehr viele schwarz gefärbte Schafe sind heterozygote Träger für eine der *TYRP1* Varianten und nur vereinzelt kommen reinerbig schwarze Schafe vor. Die Studie zeigte, dass die Farbe schwarz eindeutig ein Teil der rassespezifischen Vielfalt der Walliser Landschaft darstellt.

### 32 Schrittzahl als Indikator für die Futterselektivität von Mutterkühen auf Alpweiden

C.M. Pauler<sup>1,3,4</sup>, J. Bérard<sup>2</sup>, J. Isselstein<sup>3</sup>, T. Braunbeck<sup>4</sup>, M.K. Schneider<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Agroscope, CH-8046 Zürich, <sup>2</sup>AgroVet-Strickhof, CH-8315 Lindau, <sup>3</sup>Georg-August-Universität, D-37075 Göttingen, <sup>4</sup>Ruprecht-Karls-Universität, D-69120 Heidelberg

Weidetiere fressen selektiv. Einerseits bewegen sie sich zu Orten mit gutem Futterangebot, andererseits wählen sie dort ihre Futterpflanzen gezielt aus. Die mit elektronischen Geräten relativ einfach zu bestimmende Schrittzahl könnte deshalb als Mass für die Futterselektivität und das Futterangebot dienen.

In einem Beweidungsexperiment auf der Alp Weissenstein in Bergün GR wurde die Schrittzahl von 18 Mutterkühen dreier unterschiedlicher Rassen mittels IceTag-Pedometer aufgezeichnet. Die Tiere beweideten verschiedene Alpweidetypen während jeweils drei Tagen. Für jedes Tier wurden die verzehrten Futterpflanzen während 90 min protokolliert. Basierend auf Futterwertzahlen für jede Pflanzenart wurde der durchschnittliche Wert des aufgenommenen Futters berechnet. Zur Validierung der Pedometer wurden durch visuelle Beobachtung die Schritte von 9 Tieren (je 3 pro Rasse) während 90 min gezählt.

Der Futterwert der Diät von Tieren, die viele Schritte zurücklegten, war höher als von Tieren mit geringer Schrittzahl. Allerdings schwankte die Präzision der Pedometer deutlich. Bei einzelnen Individuen stimmten aufgezeichnete und visuell beobachtete Schrittzahl exakt überein, bei anderen gab es Abweichungen bis 30%. Bei Braunvieh und Hochlandrindern waren diese Abweichungen deutlich höher als bei Angus-Holstein-Kreuzungstieren.

Mutterkühe, die mehr Schritte zurücklegten, konnten ihre Futterpflanzen auf der Weide strenger selektieren und eine besser Futterqualität aufnehmen, als Tiere, die nur Pflanzen fressen, die sich in ihrer unmittelbaren Nähe befinden. Die Schrittzahl kann somit als Indikator für die Selektivität herangezogen werden. Die Abweichung zwischen aufgezeichneten und beobachteten Schritten stellt allerdings die Zuverlässigkeit der Methode in Frage und legt systematische Unterschiede in der Abweichung zwischen Rinderrassen nahe.

### **33 Chromosome analyses in a representative sample of Swiss Yaks**

<sup>1,4</sup>Pienkowska-Schelling A., <sup>2</sup>Biner-Wunderlich N., <sup>3</sup>Hässig M., <sup>4</sup>Schelling C.; <sup>1</sup>Institute of Genetics, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bremgartenstrasse 109a, 3000 Bern; <sup>2</sup>Hofmattstrasse 3, 3920 Zermatt; <sup>3</sup>AgroVet-Strickhof, Vetsuisse Faculty, University of Zurich, Eschikon 27, 8315 Lindau; <sup>4</sup>Clinic for Reproductive Medicine and Center of Clinical Studies, Vetsuisse Faculty, University of Zurich, Eschikon 27, 8315 Lindau

Yaks have become established in Switzerland. Approximately 50 breeders are keeping more than 600 animals in different regions of the country, some in very high alpine areas. Yaks are kept for different purposes such as meat production, pack animals, grazing high altitude meadows.

The chromosome number  $2n$  of male and female yaks is  $60,XY$  and  $60,XX$ , respectively. They may be crossed with cattle ( $2n=60$ ), however, F1 males have been shown to be not fertile.

As fertility is also a topic of the yak breeders and therefore we analyzed the chromosomes of over 90 yaks representing the extant population in Switzerland. After DAPI-Banding of chromosomes we could not observe any gross structural aberrations in any of the animals analyzed. But one ox was identified with the classical Klinefelter karyotype ( $61,XXY$ ).

The frequency of a numerical chromosome aberration is comparable to the one expected in humans.

### **34 Low Prevalence of X0 mosaicism in fertile mares**

<sup>1,3</sup>Pieńkowska-Schelling A., <sup>2</sup>Kaul A., <sup>3</sup>Schelling C.

<sup>1</sup>Institute of Genetics, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bremgartenstrasse 109a, 3000 Bern, Switzerland; <sup>2</sup>Veterinary Practice Letschin, Küstriner Strasse 2a, 15324 Letschin, Germany; <sup>3</sup>Clinic for Reproductive Medicine and Center of Clinical Studies, Vetsuisse Faculty, University of Zurich, Eschikon 27, 8315 Lindau, Switzerland

A good reproductive performance is an important requirement to genetically improve animal populations. Fertility is an extremely complex trait and numerous factors are known to have an influence. Amongst them, chromosomal abnormalities are notable causes of subfertility or infertility in horses and other domesticated species. Unfortunately, the awareness among breeders and veterinarians for cytogenetic analyses allowing for an optimized diagnosis and prognosis on fertility in problem mares is still poor. Especially low level mosaicism is an ongoing problem for cytogeneticists interpreting chromosome preparations and is particularly common with the X chromosomes of humans and domestic animals. Mares showing abnormal estrus behavior and/or underdeveloped genital tracts are often diagnosed to be  $63,X/64,XX$  mosaics with varying amounts of affected cells. Such horses were usually considered to be subfertile at the most and it was recommended not to breed such mares. However, we have seen such mosaics with normal and reduced fertility and this poses a problem for a reliable prognosis on the fertility of such mosaic mares.

Here we present the results of a pilot study with 30 mares which had given birth to at least one healthy foal. Low-level  $63,X/64,XX$  mosaicism was found for 8 mares (27%) with X0 frequencies of 1 to 3 %. It can be concluded that it is worthwhile to expand this study in order to evaluate the possibilities to predict the fertility of X0 mares based on the frequencies of X0 cells in their lymphocytes or buccal cells.

**35 Effect of a beta-carotene supplementation to dry cows on IgG concentration in the blood of calves**

*M. Raemy, A. Burren and S. Probst*

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

The reduction in the use of antibiotics through alternatives is a current topic for farmers. A beta-carotene supply to dry cows might contribute to a better calves' health due to a higher antibodies concentration in the calves blood. This hypothesis was verified through a feeding trial with 60 dry cows on 4 different farms in Switzerland. On each farm the dry cows were divided into two groups, one control group without beta-carotene and one test group that was supplied with 600 mg beta-carotene per cow per day during at least the last 14 days of gestation. Calves were fed with colostrum of their mother within 6 hours after birth. Between 24 and 72 hours after birth IgG concentration of the calves' blood was measured using a semi-quantitative quick test (Fassisi Bovine IgG, Fassisi, Goettingen, Germany). Blood IgG concentration was analyzed using a generalized linear mixed model with binominal distribution. The probability to attain an IgG concentration in the blood higher than 10 mg/l was 65% in the control group and 93% in the test group, respectively ( $p=0.012$ ). A concentration higher than 10 mg/l is described in the literature as necessary to ensure an effective immunity transfer and good health of the calves during their first weeks. We conclude that a supply of beta-carotene to dry cows might be a possibility to support calves health during their first weeks of life and therefore reduce the use of antibiotics. Further research is required to identify the optimal amount of beta-carotene supplementation to dry cows.

**36 Temperaturmessung bei Kälbern mittels Wärmebildkameras**

*Melissa Raemy, Dr. Danja Wiederkehr, Andreas Scheurer, HAFL, Zollikofen*

Kälber erkranken zu Mastbeginn häufig an Atemwegserkrankungen, welche zu hohen wirtschaftlichen Einbussen der Betriebe und zu einer starken Gesundheitsbeeinträchtigung der betroffenen Tiere führen. Behandlungen mit Antibiotika sind meist unumgänglich. Der Gesundheitszustand kann anhand der Körpertemperatur ermittelt werden. Die Untersuchung mittels Fieberthermometer ist jedoch eine arbeitsintensive und nicht immer zuverlässige Methode. Ein automatisches System wie zum Beispiel die Wärmebildkamera wäre geeigneter. Daher war das Ziel dieser Bachelorarbeit, die Eignung von Wärmebildkameras für die Körpertemperaturmessung bei Kälbern aufzuzeigen.

Bei variablen Aussentemperaturen wurden im Warmstall 210 Kälber und im Aussenklimastall 33 Kälber mittels zweier Infrarotkameras (Tim 450 und VarioCAM) untersucht. Der Fokus lag auf der maximalen Kopfoberflächentemperatur. Mit einem digitalen Fieberthermometer wurde die Rektaltemperatur als Referenzwert gemessen. Die Lufttemperatur wurde mit einem Flüssigkeitsthermometer erhoben.

Die Ergebnisse variierten zwischen den einzelnen Erhebungen. Grundsätzlich sind aber Rektal- und Oberflächentemperatur nicht signifikant linear zusammenhängend. Mit steigender Rektaltemperatur nimmt zwar die Oberflächentemperatur zu. Die Abweichung der Oberflächentemperatur zur Rektaltemperatur und die Streuung der Oberflächentemperatur sind jedoch nicht kontinuierlich.

Im Warmstall beeinflusst die Lufttemperatur beide Werte. Je höher die Lufttemperatur desto höher die Rektal- und Oberflächentemperatur. Im Aussenklimastall ist eine zusätzliche Beeinflussung durch die Luftfeuchtigkeit zu sehen.

Diese Arbeit zeigt, dass sich unter den gegebenen Umständen weder die Tim 450 noch die VarioCAM-Kamera zur Körpertemperaturmessung bei Kälbern eignen. Auch konnte gezeigt werden, dass Umweltfaktoren wie die Lufttemperatur und Luftfeuchtigkeit bei der Temperaturmessung berücksichtigt werden müssen.

### 37 Selection Signature Correlating with Body Size in Pakistani Goats

Rashid Saif<sup>1, 2</sup>, Jan Henkel<sup>1</sup>, Vidhya Jagannathan<sup>1</sup>, Cord Drögemüller<sup>1</sup>, Christine Flury<sup>3</sup>, Tosso Leeb<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Institute of Genetics, Vetsuisse Faculty, University of Bern, 3001 Bern, Switzerland <sup>2</sup>Institute of Biotechnology, Gulab Devi Educational Complex, Lahore, Pakistan <sup>3</sup>School of Agricultural, Forest and Food Sciences HAFL, Bern University of Applied Sciences, 3052 Zollikofen, Switzerland

Goat domestication and human selection of valued traits have formed diverse breeds with characteristic phenotypes. This process correlated with the fixation of causative genetic variants controlling breed-specific traits within regions of reduced genetic diversity, so called “selection signature” or selective sweeps. We performed comprehensive screening for selection signatures in 20 genetically diverse modern goat breeds and Bezoar goats, the wild ancestor of domesticated goats. We pooled DNA from 12 animals of each breed and sequenced the obtained breed pools of ~30x coverage. The sequence reads were mapped to the goat reference genome (ARS1) and single nucleotide variants were called. For each pool, heterozygosity scores within a sliding window of 150 kb were calculated and negative Z-transformed Hp scores (-ZHp) were plotted. This approach revealed on average 111 selection signatures per breed with  $-ZHp > 4$ . A common selection signature was identified in five tall Pakistani goat breeds (Barbari, Beetal, Dera Din Panah, Kamori and Nachi). This signature harbors the *LCORL* gene, a size related gene. The selection signature comprised 445 variants, which were considered as potential causative variants for tall body size. Annotation of their potential effects using the SnpEff software package revealed three missense variants c.2513A>G (p.His838Arg), c.1685A>G (p.Asn562Ser) and c.1298A>G (p.Tyr433Cys) in exon 7. They were genotyped along with three intronic variants as negative controls for validation in the five tall breeds and two breeds of smaller stature (Teddy and African Dwarf Goat). Plink association analysis revealed that the missense variants had MAFs of 0.0 and 0.038 ( $p=0.028$ ), 0.008 and 0.195 ( $p=4.7e-6$ ), 0.046 and 0.607 ( $p=1.3e-17$ ) in cases and controls respectively. In conclusion, this study helped us to identify a body height locus under selection in five tall Pakistani goat breeds.

### 38 Vergleichende Emissionsmessungen von perforierten und planbefestigten Laufflächen

Sabine Schrade<sup>1</sup>, Kerstin Zeyer<sup>2</sup>, Joachim Mohn<sup>2</sup>, Michael Zähler<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Agroscope, Forschungsgruppe Wiederkäuer, Tänikon 1, 8356 Ettenhausen

<sup>2</sup>Empa, Forschungsgruppe Emissionen und Isotope, Überlandstrasse 129, 8600 Dübendorf

In einem Systemvergleich untersuchten Agroscope und Empa Emissionen (NH<sub>3</sub>, CH<sub>4</sub>) von perforierten und planbefestigten Laufflächen ohne Gefälle in drei Jahreszeiten. Die Messungen wurden zeitgleich in zwei Stallabteilen mit je 20 Milchkühen im Emissionsversuchsstall in Tänikon durchgeführt. Zur Bestimmung der Emissionen bei freier Lüftung wurde die Tracer-Ratio-Methode mit zwei Tracergasen SF<sub>6</sub> und SF<sub>5</sub>CF<sub>3</sub> eingesetzt (Mohn et al. 2018). Im Stallabteil mit den perforierten Laufgängen erfolgte die Entmistung mit einem Roboter. Der Unterbau der Laufgänge war mit Güllekanälen ausgeführt. Im planbefestigten Stallabteil wurden die Laufgänge zwölf Mal täglich mit stationären Schiebern entmistet.

Ersten Emissionsberechnungen zufolge lagen die Tagesmittelwerte der NH<sub>3</sub>-Emissionen bei perforierten Laufflächen im Sommer und im Winter an einigen Tagen im Bereich von planbefestigten Laufflächen an anderen Tagen jedoch deutlich höher (bis 34 %). Im Herbst waren die NH<sub>3</sub>-Emissionen bei perforierten Laufflächen gegenüber planbefestigten Laufflächen etwas niedriger. Damit bestätigen die vorliegenden Messungen unter Schweizer Haltungsbedingungen Ergebnisse von Untersuchungen aus Deutschland (Schiefler, 2013) und den Niederlanden (Braam et al. 1997), die keinen signifikanten Unterschied in den NH<sub>3</sub>-Emissionen zwischen perforierten und planbefestigten Laufflächen zeigten. Die Tagesmittelwerte der CH<sub>4</sub>-Emissionen waren insbesondere in den warmen Jahreszeiten bei perforierten Laufflächen gegenüber planbefestigten Laufflächen deutlich erhöht (bis 45 %). Demnach können perforierte Laufflächen nicht als NH<sub>3</sub>-Minderungsmaßnahme bezeichnet werden und sind mit Blick auf CH<sub>4</sub>-Emissionen nicht empfehlenswert.



**39 A non-coding regulatory variant in the 5'-region of the *MITF* gene is associated with white-spotted coat in Brown Swiss cattle**

Franz R. Seefried<sup>1</sup>, I.M. Häfliger<sup>2</sup>, S. Hofstetter<sup>2</sup>, V. Jagannathan<sup>2</sup>, T. Leeb<sup>2</sup>, C. Drögemüller<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Qualitas AG, 6300 Zug, Switzerland

<sup>2</sup> Institute of Genetics, University Bern, Switzerland

Recently, the Swiss breeding association reported an increasing number of white-spotted cattle in the Brown Swiss breed, which is normally solid brown coloured. A total of 60 Brown Swiss cattle with variably sized white abdominal spots, facial markings and depigmented claws were collected for this study. A genome-wide association study using 40k SNP genotypes of 20 cases and 1619 controls enabled us to identify an associated genome region on chromosome 22 containing the *MITF* gene, encoding the melanogenesis associated transcription factor. Variants at the *MITF* locus have been reported before to be associated with white or white-spotted phenotypes in other species such as horses, dogs and mice. Whole-genome sequencing of a single white-spotted cow and subsequent genotyping of 172 Brown Swiss cattle revealed two significantly associated completely linked single nucleotide variants (rs722765315 and rs719139527). Both variants are located in the 5'-regulatory region of the bovine *MITF* gene, and comparative sequence analysis showed that the variant rs722765315, located 139 kb upstream of the transcription start site of the bovine melanocyte-specific *MITF* transcript, is situated in a multi-species conserved sequence element which is supposed to be regulatory important. Therefore, we hypothesize that rs722765315 represents the most likely causative variant for the white-spotting phenotype observed in Brown Swiss cattle. Presence of the mutant allele in a heterozygous or homozygous state supports a dominant mode of inheritance with incomplete penetrance and results in a variable extent of coat colour depigmentation.

**40 Etude d'association pangénomique dans la population Holstein suisse**

Steven Siegenthaler Chambre neuchâteloise d'agriculture et de viticulture Rte de l'Aurore 4 2053 Cernier, Heidi Signer et Hannes Jörg HAFL Länggasse 85 3052 Zollikofen

L'objectif de ce travail est de mener une étude d'association pangénomique (GWAS) sur la population Holstein suisse. Celle-ci a pour but de détecter et localiser les single nucleotide polymorphism (SNPs) en association significative avec les caractères étudiés et éventuellement de détecter des quantitative trait loci (QTL).

La GWAS a été réalisée en plusieurs parties. Dans un premier temps, 1953 taureaux Holstein (HO) et Red Holstein (RH) ont été utilisés et l'étude d'association a été menée pour les 56 caractères disponibles. Puis, au vu des premiers résultats, la GWAS a été réitérée sur la base de 2876 taureaux pour les caractères de production et pour chacun des groupes suivants : HO, RH, Goldwyn (et ses fils et petits-fils), Shottle et Talent (idem).

Dans la première partie, la quantité de lait, de matière grasse et de protéine ont montré une association avec un grand nombre de SNPs répartis sur beaucoup de chromosomes. Aucune différence n'a été constatée entre HO et RH.

Au niveau des teneurs, la présence de QTLs a pu être détectée. Un pic marqué sur chromosome 14 (BTA 14) signale la présence du gène confirmé DGAT1 ayant un effet marqué sur la teneur en matière grasse. Ce pic s'est retrouvé dans tous les groupes étudiés. Concernant la teneur en protéine, des associations ont pu être mises en évidence, les principales se trouvant sur les BTA 6 et 14, mais aussi sur les BTA 3, 17 et 20, confirmant les résultats d'autres études. Cependant, l'association sur le BTA 6 n'apparaît que chez les HO. Des associations concernant l'angle du jarret ont été décelées sur les BTA 22 et 8. D'autre part, quatre caractères liés à la gestation et au vêlage montraient une association majeure sur le chromosome 18, ce qui est confirmé par des études précédentes.

Ces résultats montrent que le succès de sélection pouvant être atteint est plus grand pour les teneurs du lait que pour les quantités de lait et de composantes du lait. En effet, grâce à la présence de QTLs, la sélection des meilleurs allèles peut se faire rapidement car il y en a peu à sélectionner et leur effet est grand.

#### 41 Genomweite Assoziationsstudien beim Edelschwein

H. Signer-Hasler<sup>1</sup>, A. Burren<sup>1</sup>, M. Scheeder<sup>1,2</sup>, P. Stratz<sup>2</sup>, A. Hofer<sup>2</sup>, C. Flury<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Berner Fachhochschule, Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften (HAFL), Länggasse 85, 3052 Zollikofen, <sup>2</sup>SUISAG, Allmend 8, 6204 Sempach

Die Schweizer Edelschweinpopulation wurde im Jahr 2002 aufgespalten in die Edelschwein Mutterlinie (ESM) und die Edelschwein Vaterlinie (ESV). Die Zuchtziele der beiden Populationen unterscheiden sich. So stehen beim ESM die Reproduktionseigenschaften und beim ESV Mastleistung, Schlachtkörperzusammensetzung und Fleischqualität im Vordergrund. Seit ihrer Aufspaltung haben sich die Populationen in unterschiedliche Richtungen entwickelt. Diese Entwicklung konnte basierend auf 60k SNP-Genotypen von 4158 ESM und 2470 ESV Tieren bestätigt werden: bei den beiden Populationen handelt es sich heute um klar getrennte Gruppen. Die mittlere genomische Inzucht für die Tiere mit Geburtsjahr 2018 liegt bei 0.15 (ESM, 214 Tiere) und 0.17 (ESV, 1086 Tiere). Für die zwei Rassen wurden in der Folge getrennte genomweite Assoziationsstudien (GWAS) für die de-regressierten Zuchtwerte der 33 Merkmale des Zuchtprogramms (16 der Produktion, 13 des Exterieurs und 4 der Reproduktion) durchgeführt. Ziel einer GWAS ist es, Hauptgenorte zu identifizieren, die massgeblich an der Ausprägung der untersuchten Merkmale beteiligt sind. Für das Merkmal Schlachtkörperlänge haben wir Hauptgenorte auf den Chromosomen 7 (ESV und ESM) und 17 (ESM) gefunden. Für die Merkmale Anzahl Zitzen links und Anzahl Zitzen rechts haben wir für beide Rassen in der gleichen Region wie für das Merkmal Schlachtkörperlänge ebenfalls einen Hauptgenort auf Chromosom 7 gefunden. Zusätzlich haben wir für die Merkmale Mast- und Lebendtageszunahme Hauptgenorte auf den Chromosomen 1 (ESM) und 7 (ESV) gefunden. Die Ergebnisse der verschiedenen Merkmale stehen und fallen mit der Verfügbarkeit von Tieren mit zuverlässigen Zuchtwerten und Genotypen. Es sind weitere Untersuchungen und zusätzliche Daten nötig, um die genetische Architektur dieser und weiterer Merkmale noch besser beschreiben zu können.

#### 42 Zart und saftig soll es sein, das Schweinefleisch

Patrick Stratz, Martina Müller Richli und Martin Scheeder, SUISAG, Allmend 8, 6204 Sempach

Zartheit und Saftverlust bei der Zubereitung (Kochverlust, KV) sind für die Konsumenten wichtige Qualitätsmerkmale von Fleisch. Bei den Prüfschweinen an der Mast- und Schlachtleistungsprüfanstalt MLP in Sempach wird zwar routinemässig der Wasserverlust nach 48 h im rohen Fleisch (Tropfverlust, DL) erhoben. Da aber kein Zusammenhang zwischen DL und KV besteht, wurde untersucht, ob der KV und auch die Zartheit züchterisch direkt bearbeitet werden können.

Zur Ermittlung des KV wurden die Fleischproben nach der Tropfsaftanalyse standardisiert gegart (Wasserbad bei 72 °C., 45 min), zurückgewogen und anschliessend tiefgefroren. Zur Bestimmung der Zartheit wurde nach dem Auftauen die Warner-Bratzler-Scherkraft (SKr) mit einem Textur Analyser bestimmt. Insgesamt wurden an Fleischproben von 1400 bzw. 3000 MLP-Tieren die SKr bzw. der KV analysiert. Die Varianzkomponentenschätzung (ASReml4.1) ergab für die SKr eine vorteilhafte genetische Korrelationen mit den Masttagszunahmen (MTZ) während der KV mit MTZ, Futtermittelverwertung (FV) und –verzehr (FVZ) sowie Magerfleischanteil (MFA) ungünstig korreliert (Tab.1). Mit den geschätzten Erblichkeiten ( $h^2$ ) bei SKr und KV sowie der vergleichsweise grossen phänotypischen Varianz ( $V_p^2$ ) sind gute Voraussetzungen für eine erfolgreiche Selektion gegeben. Folglich werden SKr und KV voraussichtlich im Sommer 2019 in die Zuchtwertschätzung für die Edelschwein-Vaterlinie aufgenommen, um trotz der teilweise antagonistischen Beziehungen eine züchterische Verbesserung in diesen beiden neuen Qualitätsmerkmalen zu erzielen.

**Tabelle 1:** Deskriptive Statistik und genetische Parameter zu Scherkraft (SKr) und Kochverlust (KV)

	Min	Mean	Max	$V_p^2$	$h^2$	genetische Korrelationen zu:				
						DL [%]	MTZ [g/Tag]	FV [kg/kg]	FVZ [kg/Tag]	MFA [%]
SKr [N]	19.6	39.3	79.1	42.3	0.35	-0.24	-0.25	0.14	-0.1	0.11
KV [%]	21.2	28.9	34.8	4.88	0.51	0.14	0.25	-0.45	-0.46	0.24

#### **43 Hazel leaves as novel and environmentally friendly feed for ruminants**

*Melissa Terranova<sup>1</sup>, Shaopu Wang<sup>2</sup>, Lukas Eggerschwiler<sup>3</sup>, Michael Kreuzer<sup>1</sup>, Angela*

*Schwarm<sup>4</sup>*

<sup>1</sup>ETH Zurich, Institute of Agricultural Sciences, Switzerland; <sup>2</sup>APC Microbiome institute, University College Cork, Ireland; <sup>3</sup>Agroscope Posieux, Switzerland; <sup>4</sup>Norwegian University of Life Sciences, Department of Animal and Aquacultural Sciences, Norway

Plant secondary compounds (PSC) play an important role in developing feeding strategies to reduce methane emissions from ruminants. In this context, alternative feeds that do not compete with the cultivation of human food are gaining increasing importance in milk and meat production. In the present project we quantified at first in two *in vitro* experiments which forages from temperate climate shrubs may be effective in mitigating methane emissions from rumen fermentation. Then the palatability to cows was assessed for the most promising six forage plants. Hazel (*Corylus avellana*) leaves, being most promising in these preliminary investigations, were then fed as pellets in mixture with lucerne in dosages of up to 50% of the diet to sheep and dairy cows. Although these inclusion levels of hazel leaves led to a total phenol content of up to 8.6%, the palatability of all types of pellet was still high in both animal species. With this approach, methane emissions were reduced by up to 33% and 27% per unit of intake in sheep and dairy cows, respectively. The urinary nitrogen excretion decreased by up to 70% in sheep and by up to 75% in cows, which substantially reduced the ammonia emission potential of their manure. The underlying five experiments investigated in-depth the feeding value and the mitigation potential in methane and nitrogen emissions of hazel leaves and revealed the high potential for their integration into existing agricultural systems. In conclusion, hazel shrub leaves and maybe forages from other woody plants, whose cultivation promotes biodiversity in agriculture, have a great potential for a more sustainable and environmental friendly animal-source food production when introduced as diet component for ruminants.

#### **44 Züchtung kleiner Wiederkäuer auf Effizienz und Resilienz**

*Steffen Werne<sup>1</sup> und Beat Bapst<sup>2</sup>*

<sup>1</sup>FiBL, Ackerstrasse 113, 5070 Frick; <sup>2</sup>Qualitas AG, Chamerstrasse 56, 6300 Zug

Unter dem Projekttitel „SMAll RuminanTs breeding for Efficiency and Resilience (SMARTER)“ hat sich innerhalb eines Horizon 2020 Projektes ein internationales Konsortium von 26 Partnern organisiert. Übergeordnetes Ziel des Projektes ist die phänotypische und genotypische Charakterisierung von resilienz- und effizienzbezogenen Merkmalen sowie die Etablierung neuer Zucht- und Managementstrategien. Der Schweizer Teil innerhalb von SMARTER wird von den Partnern FiBL und Qualitas AG geleistet. Im Vordergrund steht das Merkmal „Parasitenresistenz“ (Magen-Darm-Strongylyden, MDS) bei Schaf und Ziege. Allerdings werden auch leistungsbezogene Merkmale (Milchmenge und –inhaltsstoffe), im Sinne von Hilfsmerkmalen, berücksichtigt.

Teil 1: In einer vorangegangenen Arbeit wurden ca. 1300 Schweizer Gemsfarbige Gebirgs- sowie Saanenziegen hinsichtlich ihrer Empfänglichkeit gegenüber MDS phänotypisiert und darauf aufbauend wurde eine Varianzkomponentenschätzung mit nachfolgender Zuchtwertschätzung gemacht. Innerhalb von SMARTER soll nun die Genotypisierung dieser Ziegen sowie einen GWAS-Prozess mit dem entsprechenden Merkmal durchgeführt werden.

Teil 2: Weiteres Ziel ist die Phänotypisierung von mindestens 1200 Schweizer Milchschaften der Rasse Lacaune hinsichtlich deren Resistenz gegenüber MDS. Als Hauptmerkmal dient die Anzahl „MDS-Eier je Gramm Kot“. Darüber hinaus werden weitere Merkmale wie der FAMACHA-Score und Haematokrit-Wert erfasst. Es erfolgt eine Schätzung der Varianz- und Kovarianzkomponenten. Da unklar ist, ob anhand der Datenstruktur Umwelt- und genetische Effekte ausreichend getrennt werden können, ist das Ziel eine Machbarkeitsstudie hinsichtlich einer möglichen Zuchtwertschätzung des Merkmals Parasitenresistenz.

Dieses Projekt wird über das Europäische Horizon 2020 Programm unter der Grant Agreement No 772787 finanziert.

#### 45 Zuckergehalt und Silagequalität - am Morgen oder am Abend mähen

U. Wyss

*Agroscope, Forschungsgruppe Wiederkäuer, 1725 Posieux,*

**Einleitung** In einem Versuch wurde untersucht, wie sich der Zeitpunkt des Mähens auf die Silagequalität und die aerobe Stabilität von Silage auswirkt.

**Material und Methoden** Von zwei Kunstwiesen (1. Schnitt, A gräserreich-raigrasbetont und B ausgewogen-raigrasbetont) wurde ein Teil am Abend (19 Uhr) und der restliche Teil am nächsten Morgen (9 Uhr) gemäht. Das Futter wurde auf 40 % Trockensubstanz (TS) angewelkt, gehäckselt und in Laborsilos einsiliert. Nach einer Lagerdauer von 93 Tagen wurden die Silos geöffnet. Im Ausgangsmaterial, beim Einsilieren und in den Silagen wurden die Rohnährstoffe bestimmt. In den Silagen wurden zusätzlich die pH-Werte, Gärsäuren und die aerobe Stabilität bestimmt.

**Ergebnisse und Diskussion** Die TS-Gehalte des Futters, welches am Abend gemäht wurde, waren leicht höher als beim Futter, welches am nächsten Morgen gemäht wurde. Beim Futter A nahm der WSC-Gehalt während der Nacht ab. Dies war beim Futter B nicht der Fall.

Beim Einsilieren wies das Futter der Kunstwiese A einen höheren TS- und WSC-Gehalt als bei der Kunstwiese B auf, was auf die unterschiedliche botanische Zusammensetzung zurückzuführen ist.

Tiefere pH-Werte und fast doppelt so hohe Milchsäure- und Essigsäuregehalte wurden beim Futter B im Vergleich zum Futter A festgestellt. Zudem war die Milchsäuregärung bei beiden Futterarten beim Futter, welches erst am Morgen gemäht wurde, weniger intensiv. was auf den tieferen TS-Gehalt zurückzuführen ist. Alle Silagen wiesen DLG-Punkte über 90 auf, was auf eine gute Gärqualität hindeutet.

Die Silagen, bei welchen das Futter am Morgen gemäht wurde, waren nach der Entnahme gut doppelt so lange aerob stabil. Verantwortlich dafür könnten die tieferen TS-Gehalte und die fast doppelt so hohen Essigsäuregehalte gewesen sein.

**Fazit** Das Futter erst mähen, wenn der Boden befahrbar und das stehende Futter abgetrocknet ist, sonst besteht ein erhöhtes Risiko einer Verschmutzung und dadurch kann es zu Fehlgärungen kommen.