



Projekte zur Futtereffizienz

Andreas Hofer

SABRE-TP
08.06.2017, Zug

Übersicht



- ▶ **Alternative Selektionsmerkmale**
 - Nährstoff-Effizienz anstelle Futterverwertung
 - Restfutterraufnahme
- ▶ **Genotyp x Eiweissgehalt Futter - Interaktion**
 - Künftige Eiweissversorgung im Schweinefutter?
 - Künftiges Futter bei Leistungsprüfung?
- ▶ **Pilotprojekt Mikrobiom**
 - Erste Ergebnisse, wie weiter?

▶ Traditionell

- Futterverwertung (**FV**) = Futtermenge / Gewichtszunahme (nur Mengen werden in Relation gesetzt) = FVZ/MTZ

▶ Alternativen:

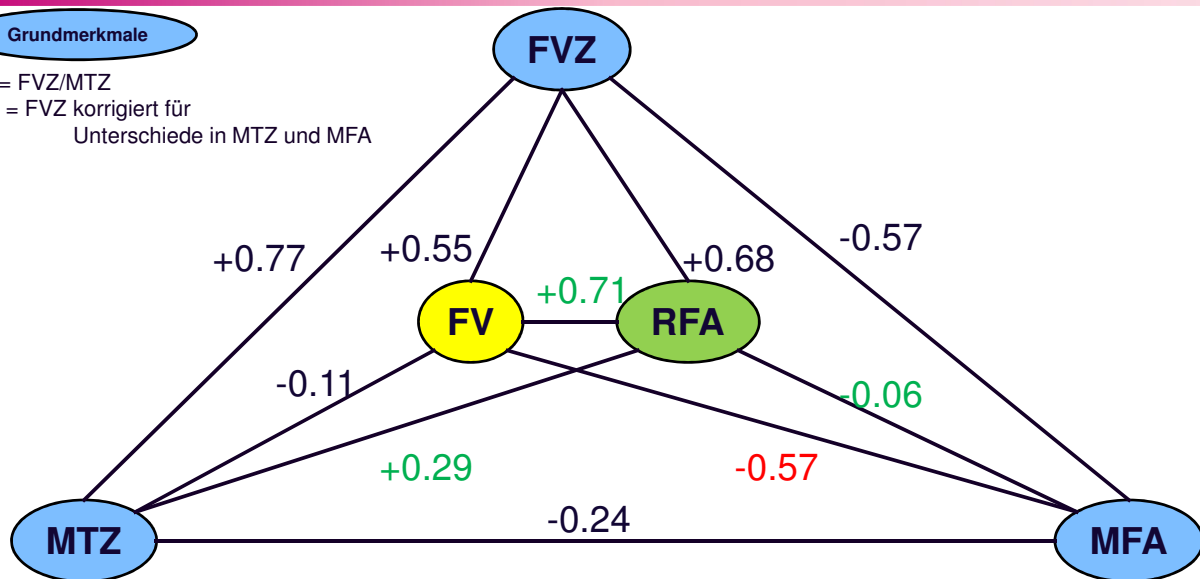
- Restfutteraufnahme (**RFA**) = Futteraufnahme, die NICHT durch Erhaltungsbedarf, Zunahme an Körpergewebe erklärt werden kann.
- Auf Nährstoff bezogen (Stickstoff (N), Phosphor (P))
 - N-, P-Verlust (**Nv, Pv**) = Input (Futter) – Gespeichert (Körper)
= $f(\text{FVZ, Futtergehalt}) - f(\text{Gewicht, MFA nur N})$
 - N bzw. P-Effizienz (**Ne, Pe**) = Gespeichert relativ zu Input

(Input(Futter) \approx FV, da Gewicht Prüfabschnitt konstant)

- ▶ Daten: 7700 MLP-Prüftiere der Rassen ES und ESV
- ▶ Merkmale: FV, RFA, Nv, Pv, Ne, Pe (nach Saintilan et al 2013)
- ▶ $Nv = Ne = Pv = Pe = FV$ ($rg \approx \pm 1.0$)
sind alle züchterisch identische Merkmale
(wegen fixem Gewichtsbereich der Prüfung und geringen Unterschieden in Schlachtkörperzusammensetzung (nur MFA))
- ▶ Erbllichkeit RFA (0.45) höher als für FV (0.33),
und eng genetisch korreliert (0.71)
- ▶ RFA schwächer zu anderen Merkmalen korreliert als FV

Grundmerkmale

-FV = FVZ/MTZ
 -RFI = FVZ korrigiert für
 Unterschiede in MTZ und MFA



Die beiden alternativen Selektionsmerkmale sind stark positiv korreliert
 → ähnliche Selektionsrichtung, aber

Selektion auf FV allein: MTZ →, FVZ ↓, MFA ↗

Selektion auf RFA allein: MTZ ↓, FVZ ↓, MFA →

Beides so nicht angestrebt → Index

RFA oder FV im Zuchtziel?

▶ Heute

$$PZW = w_{MTZ} \times ZW_{MTZ} + w_{FV} \times ZW_{FV} + w_{MFA} \times ZW_{MFA} + \dots$$

▶ Alternativen

$$PZW_{A1} = w_{MTZ1} \times ZW_{MTZ} + w_{RFA} \times ZW_{RFA} + w_{MFA1} \times ZW_{MFA} + \dots$$

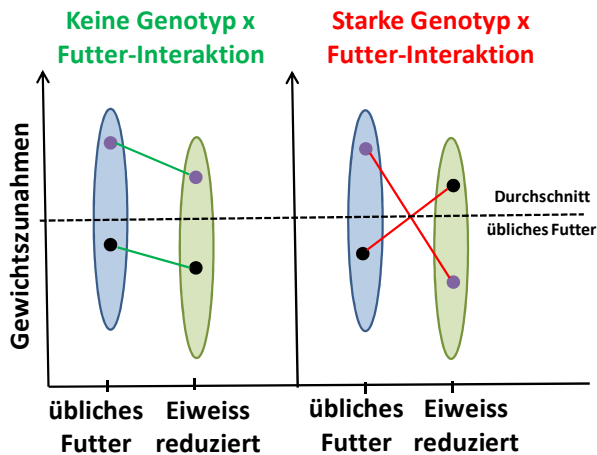
$$PZW_{A2} = w_{MTZ2} \times ZW_{MTZ} + w_{FVZ} \times ZW_{FVZ} + w_{MFA2} \times ZW_{MFA} + \dots$$

▶ Mit entsprechend gewählter Gewichtung dürften alle Varianten zu einem ähnlichen Zuchtfortschritt führen.

- A2 würde die Grundmerkmale gewichten
- Entscheidend ist, dass der Zuchtfortschritt in den Merkmalen (inkl. FVZ) genau verfolgt wird und die Gewichtung bei Bedarf angepasst wird.
- FVZ (und RFA) zusätzlich in der ZWS, FVZ im Index gewichten, ZW FV (und RFA) zur Information der Züchter.



- ▶ Bekommen unsere Schweine künftig weniger Eiweiss?
- ▶ Wenn ja, müssen wir unser Prüffutter anpassen?
- ▶ Abhängig von Interaktionen Genotyp x Eiweissgehalt



- ▶ Synergien mit regulärer Prüfung von PREMO®-Endprodukten
- ▶ 2 Vollgeschwister zusätzlich zu 2 regulären Prüftieren
- ▶ Die zusätzlichen Wurfgeschwister werden mit einem eiweissreduzierten Futter geprüft.
- ▶ 2(-3) Umtriebe mit insgesamt 96 (-144) Prüftieren pro Fütterungsvariante.
- ▶ Statistische Prüfung auf sign. Wurf x Futtervarianten – Interaktion als Hinweis auf $r_g < 1.0$ zw. Fu-varianten.
- ▶ Parallel Bachelorarbeit HAFL über künftige Schweinefütterung
- ▶ Start Juni 2017, Ende August 2018
- ▶ Beteiligt: Agroscope (P. Stoll), HAFL (P. Spring, J. Peter-Egli)
- ▶ Mitfinanziert von BLW.

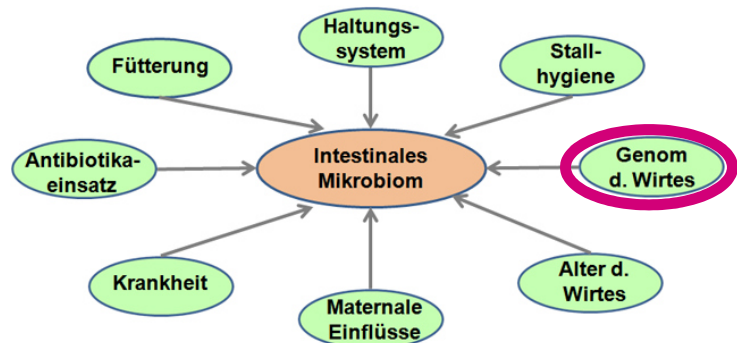


- ▶ Mikrobiom = Zusammensetzung der Darmflora
- ▶ Vielfältige Funktionen
 - Unterstützung der Verdauung des Futters
 - Erhaltung einer funktionsfähigen Darmwand
 - Abwehr von Krankheitskeimen

} Leistung & Gesundheit

▶ Vielfältige Einflussfaktoren

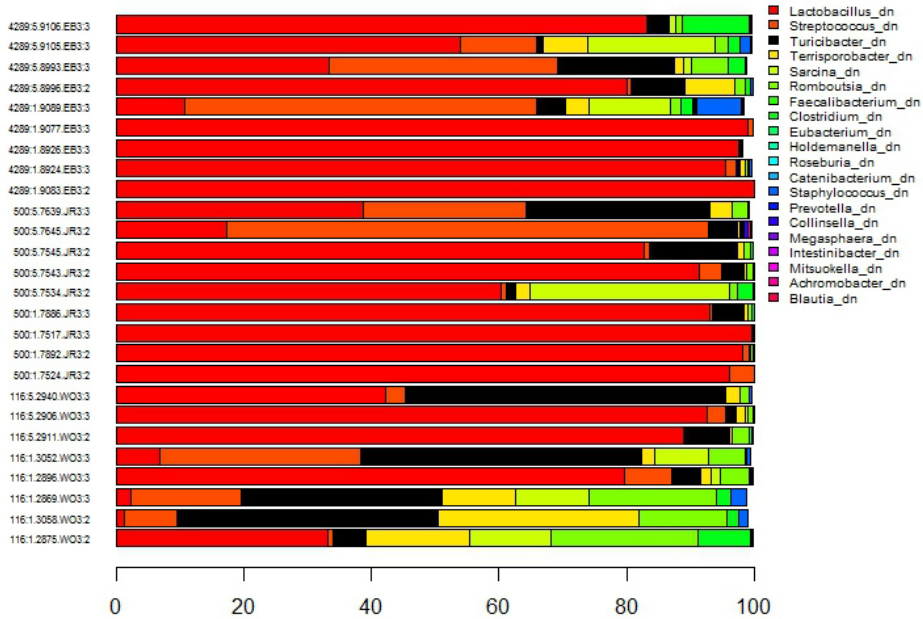
- ...
- Genetik Schwein
- ...



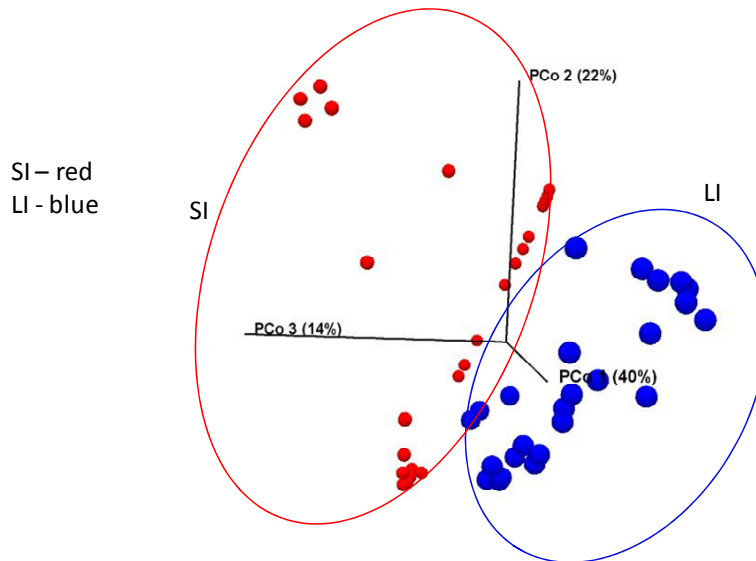
- ▶ 3 Prüfbetriebe mit ES- und ESV(PREMO®)-Tieren
- ▶ Je 10 Prüftiere: Beide Rassen, beide Geschlechter
- ▶ Keine Mischung mit anderen Betrieben in Prüfbucht
- ▶ Kotproben
 - Aus Enddarm beim Einstallen
 - Aus Enddarm beim Ausstallen
 - Aus Dünn- und aus Dickdarm im Schlachthof
- ▶ Quantitative Analyse der Zusammensetzung des Mikrobioms aufgrund von RNA (16S rRNA Gen) in der Kotprobe (200 CHF pro Probe)



Häufigste 20 Gattungen im Dünndarm von 26 MLP-Prüftieren



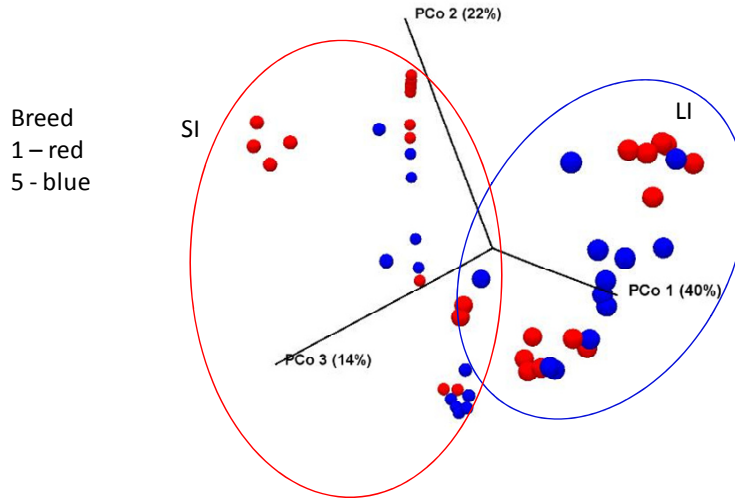
PCoA –Weighted UniFrac



Auswertung:
T. Tasara UniZH

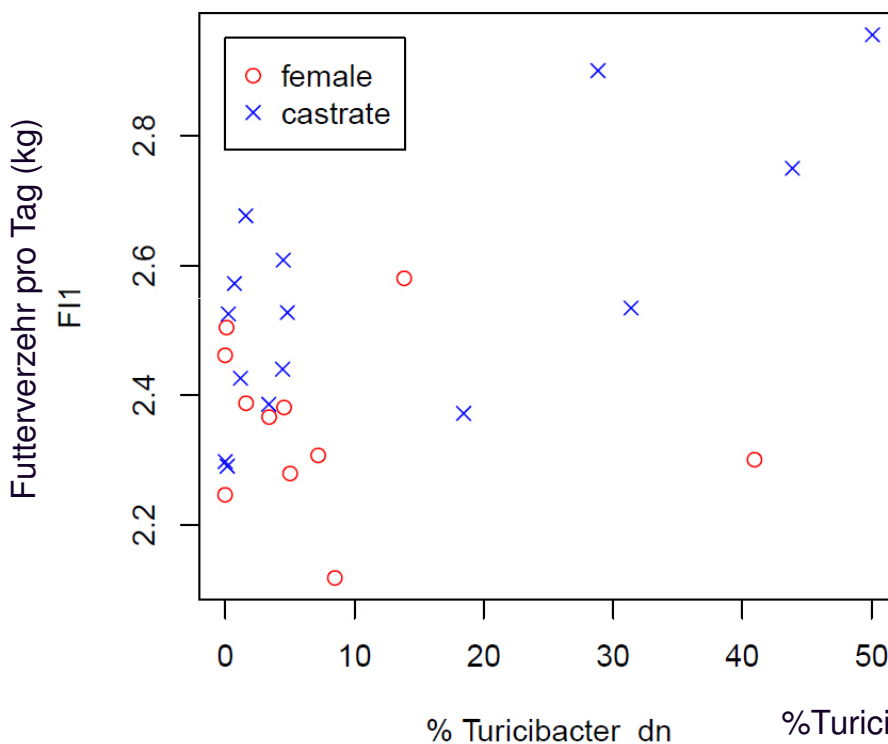
► Unterschiede Dünn-(rot) zu Dickdarm (blau)

PCoA-Weighted UniFrac



Auswertung:
T. Tasara UniZH

- Keine Unterschiede Sex, Rasse (gezeigt, ES=rot, ESV=blau), Betrieb



$r=0.52$

relativ schwache Beziehung, aber ist **engste!**



- ▶ Es gibt grosse Variation in der Zusammensetzung des Mikrobioms
- ▶ Klare Unterschiede zwischen Dünn- und Dickdarm
- ▶ Mässige oder keine Beziehungen zu Sex, Rasse, Herkunft, Leistungsmerkmalen

- ▶ Bessere statistische Methoden? Grösserer Versuch? Erfolgsaussichten für effizientere Selektion eher gering.



- ▶ Alternative Selektionsmerkmale
 - Nährstoff-Effizienz anstelle Futtermittelverwertung
 - Restfutteraufnahme
- ▶ Genotyp x Eiweissgehalt Futter - Interaktion
 - Künftige Eiweissversorgung im Schweinefutter?
 - Künftiges Futter bei Leistungsprüfung?
- ▶ Pilotprojekt Mikrobiom
 - Erste Ergebnisse, wie weiter?