

# Genetische Parameter der Proteineffizienz in einer Schweizer Schweinepopulation

Claudia Kasper, Isabel Ruiz-Ascacibar, Peter Stoll und Giuseppe Bee, Agroscope, 1725 Posieux, Schweiz

Auskünfte: Claudia Kasper, E-Mail: claudia.kasper@agroscope.admin.ch



Eine Gruppe von Schweinen, die mit RFID-Transpondern (*Radio-frequency identification*) ausgestattet sind, um die individuelle Erkennung an den Futterautomaten zu ermöglichen. (Foto: Olivier Bloch, Agroscope)

## Einleitung

Die Fleischproduktion trägt mehr zu ökologischen Risiken bei als jede andere Lebensmittelart, insbesondere durch die Emission von Treibhausgasen und Stickstoffverbindungen (Notarnicola *et al.* 2017). Der ökologische Fussabdruck der Schweineproduktion ist geringer als der der Rindfleischproduktion (Poore und Nemecek 2018). Es fallen jedoch grosse Mengen an Stickstoffverbindungen als Abbauprodukte von Nahrungsproteinen in der Gülle an, da Stickstoff durchschnittlich 16 % der Proteinstruktur ausmacht. In der Schweiz sorgen gesetzliche Vorschriften dafür, dass kein überschüssiger Stickstoff oder Phosphor auf den Boden gelangt (Verordnung über die Direktzahlungen an die Landwirtschaft 2013). Zur Erfüllung des ökologischen Leistungsnachweises soll-

ten Nährstoffkreisläufe geschlossen und somit die Zahl der Nutztiere dem Standort angepasst werden, was für Landwirte in Gebieten mit hoher Schweinedichte und geringer Verfügbarkeit von Ackerland, z.B. in der Ost- oder Zentralschweiz, schwierig ist.

Nicht nur Stickstoffemissionen in Form von Ammoniak, sondern auch der Futtermittelimport wirkt sich nachteilig auf die Ökobilanz von Schweinefleisch aus: im Moment deckt die Schweizer Futtermittelproduktion den pflanzlichen Aminosäuren(AS)bedarf der Schweineproduktion nicht. Deshalb wird der Grossteil des in der Schweiz verfütterten Proteins, mehrheitlich von gentechnikfreiem Soja, aus Brasilien oder europäischen Ländern importiert (Baur 2011). Diese Problematik wird sich

mit dem erwarteten Anstieg der Weltbevölkerung und dem Trend in Richtung eines höheren Fleischkonsums (OECD-FAO, 2017) verschärfen. Ein verstärkter Wettbewerb landwirtschaftlicher Flächen für Nahrungs- und Futtermittelanbau sowie eine weitere Ausdehnung von Ackerflächen auf Kosten ökologisch wertvoller Lebensräume in den Produktionsländern ist ebenso zu erwarten (Fearnside 2001).

Angesichts der mit Sojaimporten verbundenen Probleme ist deren Reduktion ein erstrebenswertes Ziel. In der Schweiz wird seit 2018 die Reduktion des Futterrohproteingehaltes durch Ressourceneffizienzbeiträge gefördert (BLW 2018). Ein weiterer Ansatz wäre die Einbeziehung der Proteineffizienz ins Zuchtprogramm. Dies erfordert die Schätzung genetischer Parameter, wie z. B. Vererbbarkeit (Heritabilität), genetischer Korrelationen mit anderen Merkmalen und Genotyp-Umwelt-Interaktionen ( $G \times E$ ). Solche Schätzungen bedürfen Informationen über den exakten Proteingehalt des Futters; über die individuelle Futteraufnahme und über den Proteingehalt des Leerkörpers<sup>1</sup> (Lk) beziehungsweise Schlachtkörpers<sup>2</sup> (Sk) von hunderten Tieren. In den vergangenen Jahrzehnten wurde erfolgreich auf die Futtereffizienz (kg Futter pro kg Zuwachs) gezüchtet; für die Reduktion der Umweltauswirkungen der Schweinehaltung sollte der Schwerpunkt jedoch auf der Nährstoffeffizienz (Stickstoff und Phosphor) liegen (de Verdal *et al.* 2011). Kürzlich durchgeführte Versuche an Agroscope untersuchten Veränderungen in der Körperzusammensetzung von der Geburt bis zu einem Schlachtgewicht von 140 kg. Tiere der Rasse Schweizer Edelschwein wurden entweder mit einer Kontrolldiät, optimiert gemäss der geltenden Schweizerischen Fütterungsempfehlung, oder mit einer AS-reduzierten Diät (20 % tiefer als die Kontrolldiät) gefüttert. Es zeigte sich, dass etwa 30 % der Schweine in der Versuchsgruppe eine ähnliche Wachstumsrate aufwiesen wie diejenigen in der Kontrolldiät (Ruiz-Ascacibar *et al.* 2017), und somit eine deutlich höhere Proteineffizienz aufwiesen als der Durchschnitt der Kontrollgruppe.

Ziel der vorliegenden Pilotanalyse ist, zu erheben, ob und inwieweit die beobachtete Variation der Stickstoff(N-)effizienz auf genetische Faktoren zurückzuführen ist, und ob sich die Genotypen in ihrer Fähigkeit unterscheiden, mit der AS-armen Ernährung zurechtzukommen ( $G \times E$ ). Darüber hinaus ergründen wir, welcher Anteil der Gesamtvariation der N-Effizienz durch das gemeinsame Umfeld (mütterliche Effekte sowie die Wurfgruppe) erklärt wird. Schließlich wollen wir mög-

## Zusammenfassung

Die Schweinehaltung trägt durch die Emission von Stickstoffverbindungen zur Umweltbelastung bei. Ausserdem benötigt die Schweinemast in der Schweiz den Import von Proteinträgern wie Soja, da der Proteinbedarf nicht durch heimische pflanzliche Proteinquellen gedeckt wird. Die Verbesserung der Proteineffizienz, d. h. gleich hoher Proteinansatz im Schlachtkörper bei geringerer Rohproteinaufnahme durch selektive Züchtung, ist daher erstrebenswert. Zur vorläufigen Evaluation des Potenzials einer Zucht auf höhere Proteinbeziehungsweise Stickstoffeffizienz wurden genetische Parameter dieses Merkmales beim Schweizerischen Edelschwein geschätzt. Als Grundlage dienten vorherige Untersuchungsergebnisse aus Futtermittelforschung mit proteinreduzierter Nahrung. Die Vererbbarkeit (Heritabilität) der Proteineffizienz wurde auf 32 % im Leerkörper und auf 16 % im Schlachtkörper geschätzt. Positive phänotypische Korrelationen mit der Phosphoreffizienz deuten darauf hin, dass durch die Zucht auf Stickstoffeffizienz auch die Phosphoreffizienz erhöht werden könnte. Allerdings ist eventuell eine geringfügige Verzögerung des Wachstums von proteineffizienten Schweinen zu erwarten. Weitere Studien sind nötig, um die Qualität der Schätzungen zu verbessern sowie um Informationen zu den der Proteineffizienz zugrundeliegenden Genen zu erhalten.

liche Zielkonflikte der Stickstoffeffizienz mit anderen ökologisch und ökonomisch relevanten Merkmalen, wie Wachstum, Körperzusammensetzung und Phosphor(P-)effizienz, untersuchen.

## Material und Methoden

Für diese Studie verwendeten wir Daten von den oben erwähnten Versuchen (Tab. 1). Schweine wurden ab einem Lebendgewicht (LG) von 20 kg mit einer der beiden Varianten *ad libitum* gefüttert: Kontrolldiät (KO) oder protein-/AS-arme Diät (PR; siehe Ruiz-Ascacibar *et al.* 2018). Mit Hilfe automatischer Fütterungsanlagen mit individuellem Kennungssystem (Schauer Maschinenfabriken GmbH & Co. KG, Prambachkirchen, Österreich, Abb. 1) wurde die exakte Futteraufnahme jedes Tieres

<sup>1</sup>Der gesamte Körper inkl. geleertem und gereinigtem Gastrointestinaltrakt.

<sup>2</sup>Der Körper mit Gehirn, aber ohne Eingeweide und Zunge.



**Abb. 1** | Eine der automatischen Fütterungsanlagen mit individuellem Schweineerkennungssystem, die in den Versuchen verwendet wurden. (Foto: Olivier Bloch, Agroscope)



**Abb. 2** | Ein Schwein besucht eine der automatischen Fütterungsanlagen, die die Zahl der Besuche, die Futtermenge und die Verweildauer jedes Tieres aufzeichnen. (Foto: Olivier Bloch, Agroscope)

erfasst (Abb. 2). Der N-gehalt des eingesetzten Futters wurde regelmässig anhand chemischer Analysen bestimmt. Die Tiere wurden bei Zielgewichten von 40, 60, 80, 100, 120 oder 140 kg geschlachtet. Der N-, P-, Wasser-, Rohasche- und Rohfettgehalt des Lk und des Sk wurde durch chemische Analysen nach der Schlachtung bestimmt (Ruiz-Ascacibar *et al.* 2017). Für die Schätzung des Lk-, Sk-N- beziehungsweise P-Gehaltes für jedes Geschlecht zu Beginn des Experiments wurde der durchschnittliche N- und P-Gehalt von 36 Tieren (12 Weibchen, 12 Kastraten und 12 Jungebern) bei 20 kg LG bestimmt. Die Zielvariablen, N-Effizienz des Lk ( $NEffLk$ ) und N-Effizienz des Sk ( $NEffSk$ ), d. h. der N-Gehalt des Lk beziehungsweise des Sk im Verhältnis zu der N-Aufnahme über den gesamten Versuchszeitraum, wurden wie folgt berechnet:

$$NEffLk = \frac{NLk - N20kgLk}{NAufnahme} \quad \text{sowie} \quad NEffSk = \frac{NSk - N20kgSk}{NAufnahme}$$

Dabei sind  $NLk$  und  $NSk$  der absolute N-Gehalt des Lk-respektive Sk,  $N20kgLk$  und  $N20kgSk$  die geschätzten N-Gehalte des Lk respektive Sk zu Beginn des Experiments und  $NAufnahme$  die Menge an N, das jedes Tier während der Versuchsphase über das Futter aufgenommen hat. Die P-Effizienz wurde analog berechnet.

Im ersten Schritt identifizierten wir in einem Modellauswahlverfahren wichtige Kovariablen der N-Effizienz, um im zweiten Schritt die quantitativen genetischen Modelle auf deren Einfluss korrigieren zu können. Lineare Gemischte-Effekte-Modelle für  $NEffLk$  und  $NEffSk$  enthielten eine Reihe unabhängiger Variablen als fixe Effekte und die TVK<sup>1</sup>-Nummer des Zuchtebers (*Zuchteber-ID*, Ersatz für Genotyp), sowie die *Wurfgruppe* (spiegelt die gemeinsame Umwelt wider) als zufällige Effekte. Kovariablen für die Ausgangsmodelle waren Geschlecht, Alter und exaktes LG bei der Schlachtung, Teilerperiment und Futtervariante. Wir erwarteten eine

<sup>1</sup>TVK: Tierverkehrsdatenbank

**Tab. 1 | Übersicht der Datensätze, die in dieser Studie verwendet wurden, inklusive der Versuchszeiträume, der verwendeten Rassen, Stichprobengrößen (N), sowie der Anzahl von Zuchtebern und -säuen.**

Teilexperiment	Daten	Rassen	N	Zuchteber	Zuchtsäue
Exp 1 <sup>a</sup>	Juli 2012 – April 2013	Premo <sup>®</sup> × Edelschwein	72	2	17
Exp 2 <sup>a</sup>	August 2013 – Mai 2014	Edelschwein × Edelschwein	72	5	14
Exp 3 <sup>b</sup>	August 2014 – Juni 2015	Edelschwein × Edelschwein	88	5	16
Exp 4 <sup>c</sup>	Januar 2016 – Oktober 2016	Edelschwein × Edelschwein	62	6	16
		Total	294	17 <sup>d</sup>	56 <sup>d</sup>

<sup>a</sup>Weibliche Schweine, Jungeber und Kastraten, <sup>b</sup>ausschliesslich weibliche Schweine und Kastraten, <sup>c</sup>ausschliesslich Jungeber

<sup>d</sup>aufgrund der Verwendung der selben Eltern-Individuen in verschiedenen Experimenten waren insgesamt nur 17 verschiedene Zuchteber an Stelle von 18 und 56 Zuchtsauen anstelle von 63 im Einsatz

Kollinearität von Variante und Alter sowie von Alter und LG und ersetzten «LG» durch die Residuen des linearen Modells LG ~ Alter und «Alter» durch die Residuen des linearen Modell Alter ~ Variante.

Wir wählten alle Variablen, die in mehr als der Hälfte der Modelle innerhalb eines  $\Delta AICc^2 \leq 2$  lagen, als potenziell wichtige Kovariablen für die quantitativen Genetikmodelle aus. Wir schätzten folgende Varianzkomponenten von *NEffLk* und *NEffSk* anhand eines Bayes'schen Gemischte-Effekte Tiermodells («animal model»; Henderson, 1984): die phänotypische Varianz ( $V_p$ ), die sich aus der additiv genetischen ( $V_A$ ), der durch eine gemeinsame Umwelt bedingte ( $V_{CE}$ ) und der Residualvarianz ( $V_E$ ) zu-

sammensetzt. Das Tiermodell beinhaltet die TVK-Nummer jedes Individuums als Verbindung mit dem Stammbaum zur Schätzung von  $V_A$  sowie die Wurfgruppe zur Schätzung von  $V_{CE}$  als zufällige Effekte und die im obigen Schritt identifizierten Variablen als fixe Effekte. Wir verwendeten einen konjugierten, nicht-informativen Prior<sup>3</sup>. Als Punktschätzung der genetischen Parameter wurden die Modalwerte der *A-posteriori*-Verteilungen herangezogen, und als Konfidenzbereich die 95 %-HPD-Intervalle<sup>4</sup>.

<sup>2</sup> AICc: Ein auf kleine Stichproben korrigiertes Akaike-Informationskriterium, das die Auswahl von Modellen ermöglicht, die eine zufriedenstellende Anpassungsgüte erreichen, jedoch keine übermässig grosse Zahl an Parametern enthalten. AIC basiert auf der Likelihood des Modelles und sanktioniert die Anzahl der Parameter. Das Modell mit dem kleinsten AIC wird als das beste Modell ausgewählt.  $\Delta AIC$  ist die Differenz der AIC des besten und des nächstgereihten Modelles. Die Güte von Modellen, deren  $\Delta AIC \leq 2$  ist, ist statistisch nicht unterscheidbar. Daher gelten diese Modelle als gleichwertig.

<sup>3</sup> Der Prior in der Bayes'schen Statistik ist eine Wahrscheinlichkeitsverteilung, die aufgrund von Vorwissen gewählt wird. Besteht kein nennenswertes Vorwissen, wird ein sogenannter nicht-informativer Prior gewählt, bei dem alle Werte gleich wahrscheinlich sind. Wir wählten einen Prior aus einer inversen Wishart-Verteilung mit einem Erwartungswert  $V = 1$  für die Varianz und einem «Grad der Glaubwürdigkeit»  $\nu = 0,002$ . Dies führt zu einer Wahrscheinlichkeitsdichteverteilung, die eine Spitze bei Null, jedoch für praktisch alle anderen Werte die gleiche Dichte aufweist.

<sup>4</sup> In der Bayes'schen Statistik entspricht das HPD-Intervall (*highest posterior density interval*) dem Bereich der *A-posteriori*-Verteilung für den gegebenen Vertrauensbereich. Dies bedeutet, dass der wahre Wert mit der gegebenen Wahrscheinlichkeit in diesem Bereich liegt.

**Tab. 2 | Bestgereichte Modelle im Modellauswahlverfahren nach dem für kleine Stichprobengrößen korrigierten Akaike-Informationskriterium (AICc). Die Tabelle listet die Schätzungen der Konstanten, der Koeffizienten der einzelnen Variablen (Anstieg auf der Y-Achse pro Einheit auf der X-Achse für kontinuierliche Variablen sowie, für Variablen auf der Nominalskala, + für einen Anstieg) sowie der Modellgüte für Modelle innerhalb eines  $AICc \leq 2$ . NA: Variable nicht im Modell enthalten, Exp: Teilversuch, LG: Lebendgewicht, Sex: Geschlecht, Var: Variante, df: Freiheitsgrade, logLik: logarithmierte Likelihood, weight: Akaike-Gewicht,  $R^2_m$ : marginales Bestimmtheitsmass ( $R^2$  der fixen Effekte),  $R^2_c$ : konditionales Bestimmtheitsmass ( $R^2$  des gesamten Modells inklusive fixer und zufälliger Effekte).**

Konstante	Exp	LG	Alter	Sex	Var	LG × Alter	LG × Sex	LG × Var	Alter × Sex	Alter × Var	Sex × Var	LG × Alter × Sex	df	logLik	AICc	delta	weight	$R^2_m$	$R^2_c$
<b>NEffLk</b>																			
0,436	+	-0,002	-0,001	+	+	$-3 \times 10^{-5}$	+	+	+	+	+	+	23	567,257	-1084,425	0,000	0,293	0,45	0,55
0,435	+	-0,002	-0,001	+	+	$-1 \times 10^{-5}$	+	+	+	+	+	NA	21	564,288	-1083,178	1,247	0,157	0,44	0,54
0,436	+	-0,002	-0,001	+	+	$-3 \times 10^{-5}$	+	+	+	+	NA	+	21	564,244	-1083,092	1,333	0,150	0,44	0,54
<b>NEffSk</b>																			
0,320	+	$3 \times 10^{-4}$	0,001	+	+	$-7 \times 10^{-5}$	+	+	+	NA	+	+	22	518,180	-988,625	0,000	0,446	0,54	0,57
0,324	+	$1 \times 10^{-4}$	0,001	+	+	$-7 \times 10^{-5}$	+	+	+	NA	NA	+	20	515,116	-987,156	1,469	0,214	0,53	0,56
0,320	+	$3 \times 10^{-4}$	0,001	+	+	$-7 \times 10^{-5}$	+	+	+	+	+	+	23	518,428	-986,767	1,858	0,176	0,54	0,57

**Tab. 3 | Korrelationen von *NEffLk* mit Merkmalen von potenziell wirtschaftlichen oder ökologischem Interesse sowie mit Körperzusammensetzungsmerkmalen.**

Merkmalskategorie	Merkmal	Korrelationsmethode	Koeffizient ± 95% CI
wirtschaftlich	Verzögerung (Anzahl Tage, um die Schlachtung verzögert wurde)	Spearman Rangkorrelation (95 %-Konfidenzintervalle basierend auf 2500-maligem <i>Bootstrapping</i> )	$\rho = -0,16 [-0,26, -0,07]$
ökologisch	Phosphoreffizienz	Pearson Produktmoment-Korrelation (95 %-Konfidenzintervalle basierend auf Fishers Z-Transformation)	$r = 0,65 [0,48, 0,77]$
Körperzusammensetzung	Wassergehalt		$r = -0,07 [-0,32, 0,18]$
	Rohaschegehalt		$r = -0,16 [-0,39, 0,09]$
	Rohfettgehalt		$r = -0,14 [-0,38, 0,11]$

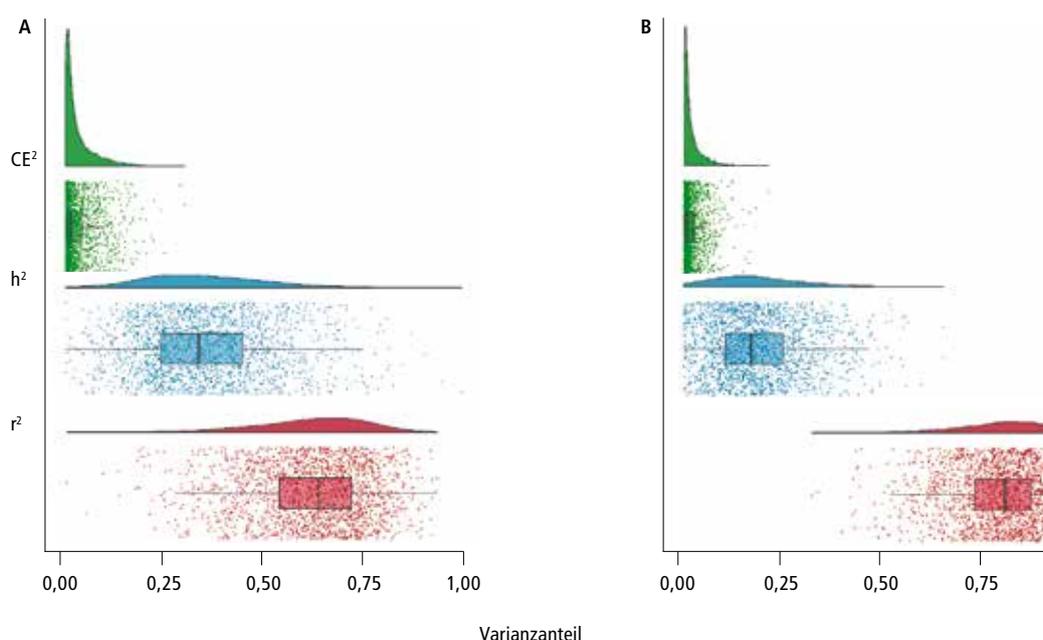
Wir spezifizierten Gemischte-Effekt-Modelle mit zufälligen Konstanten und Steigungen (*Random intercepts and slopes model*) für  $G \times E$  mit Wurfgruppe als Annäherung an den Genotyp. Ein etwaiger signifikanter Einfluss der Einbeziehung zufälliger Steigungen (Interaktion «Wurfgruppe  $\times$  Variante» als zufälliger Effekt) auf die Modellgüte wurde mittels eines Likelihood-Ratio-Tests (LRT) erhoben. Um eventuelle phänotypische Korrelationen von *NEffLk* mit der P-Effizienz des Leerkörpers, sowie dem Wasser-, Rohasche- und dem Fettgehalt des Leerkörpers zu beurteilen, verwendeten wir eine Produktmomentkorrelation für diejenigen Tiere ( $N=73$ ), für die diese Information verfügbar war. Für die Korrelation *NEffLk* mit der Anzahl an Tagen, um die sich die Schlachtung verzögerte, weil ein Tier das Zielgewicht

nicht erreicht hatte («Verzögerung» im Vergleich zum Durchschnittsalter in der jeweiligen Kategorie), wurde der Rang-Korrelationskoeffizient verwendet. Informationen über das Alter bei der Schlachtung lagen für den gesamten Datensatz vor.

## Resultate und Diskussion

### Explorative Analysen zur Stickstoffeffizienz

Das Modellauswahlverfahren identifizierte Teilerperiment, Variante, Geschlecht sowie die Residuen von LG und Alter als wichtige Variablen (Tab. 2). Erwartungsgemäss waren die Auswirkungen von LG und Alter auf *NEffLk* und *NEffSk* sowohl vom Geschlecht als auch von der Variante abhängig: Schwerere und ältere Jungeber



**Abb. 3 | Heritabilität ( $h^2$ , blau), gemeinsamer Umwelt-Effekt ( $CE^2$ , grün) und Residualvarianz ( $r^2$ , rot) von *NEffLk* (A) und *NEffSk* (B). *A-posteriori*-Verteilungen der jeweiligen Varianzkomponenten sind als Dichtefunktionen dargestellt (oberer Teil) und Punkte, die die einzelnen Schätzungen der Modelle darstellen, sind zusammen mit einem Boxplot (unterer Teil; mit Median, Interquartilsabstand sowie 5.–95. Perzentile), abgebildet.**

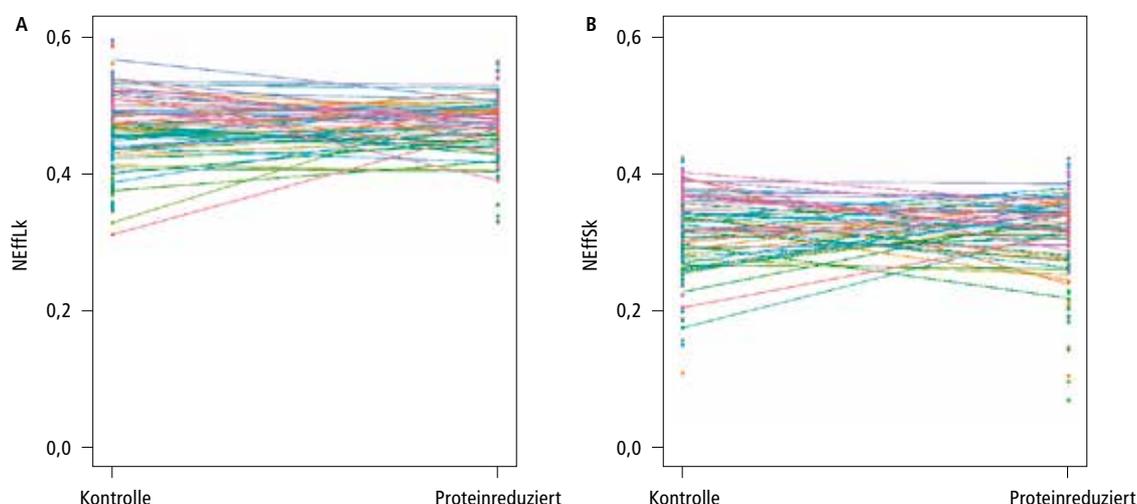
hatten eine höhere Effizienz als Weibchen und Kastraten, während sich bei jüngeren und leichteren Tieren die Geschlechter nicht unterschieden. Tiere in der KO wiesen mit steigendem Alter und LG verringerte *NEffLk* und *NEffSk* auf, während diese in der PR über den gesamten Versuchszeitraum relativ unverändert war. Der Effekt der Variante auf *NEffLk* und *NEffSk* wurde durch das Geschlecht beeinflusst: Jungeber in PR waren weniger effizient als Weibchen und Kastraten in PR. Der Einfluss des Alters, das ein Schwein beim Erreichen des Zielgewichtes hatte, auf *NEffLk* und *NEffSk* war je nach Geschlecht unterschiedlich. Jungeber mit verzögertem Wachstum hatten niedrige *NEffLk* und *NEffSk*. Dieser Effekt schien bei weiblichen Schweinen und Kastraten weniger ausgeprägt zu sein. Diese Ergebnisse stimmen mit denen aus früheren Studien überein und deuten darauf hin, dass der Bedarf an verdaulichen AS in der Ausmastphase tiefer ist als derzeit empfohlen wird, v. a. bei weiblichen Schweinen und Kastraten (Ruiz-Ascacibar *et al.* 2017).

#### Genetische Parameter der Stickstoffeffizienz

Die Tiermodelle ergaben geringe bis moderate Heritabilitäten, und die 95 %-HPD-Intervalle waren klar von Null getrennt, was auf ein statistisch signifikantes Ergebnis hinweist (Abb. 3). Die Heritabilität von *NEffLk* war höher als *NEffSk* ( $h^2_{NEffLk} = 0,32 [0,15; 0,59]$  und  $h^2_{NEffSk} = 0,16 [0,08; 0,41]$ ). Dieser ausgeprägte Unterschied deutet darauf hin, dass die Umwelt, insbesondere Alter, LG beziehungsweise Variante, einen starken Einfluss darauf hat, wo das Nahrungsprotein fixiert wird. Abgesehen von

einer höheren Plastizität dieses Merkmals könnte dieser Unterschied auch auf einer mangelnden statistischen Aussagekraft beruhen. Neben der genetischen Variation trug auch die gemeinsame Umwelt zur phänotypischen Variation von *NEffLk* ( $C^2 = 0,13 [0,08; 0,27]$ ) und *NEffSk* ( $C^2 = 0,16 [0,09; 0,25]$ ) bei. Dies deutet darauf hin, dass die N-Effizienz von Individuen mit der gleichen Umwelt ähnlicher war als die von Tieren, die in separaten Boxen aufwuchsen. Diese Effekte umfassen maternale Effekte (z. B. die Beeinflussung des Stoffwechsels des Nachwuchses durch die mütterliche Physiologie) und eventuell einer ähnlichen Zusammensetzung des Darmmikrobioms, sie spielten jedoch im Vergleich zur Heritabilität eine untergeordnete Rolle (Abb. 3). Es ist zu beachten, dass die Zahl der Zuchteber und -sauen in diesem Datensatz klein war, was sich in relativ breiten HPD-Intervallen bemerkbar macht. Die Schätzungen sollten daher mit Vorsicht interpretiert werden, da die geringe Zahl an verschiedenen Genotypen möglicherweise die Schätzwerte beeinflussen könnte. Weitere Experimente mit einer grösseren Anzahl an Individuen sowie einer höheren genetischen Variabilität sind daher für verlässlichere Schätzungen notwendig.

Wir fanden für *NEffLk*, jedoch nicht für *NEffSk*, einen Hinweis auf eine  $G \times E$  (LRT,  $\chi^2_{Leerkörper} = 17,18; df = 3, p < 0,001, \chi^2_{Schlachtskörper} = 1,10; df = 3, p = 0,778$ ). Die Genotypen reagierten bei der *NEffLk* unterschiedlich auf die Futtervariante, jedoch nicht bei der *NEffSk* (Abb. 4). Es besteht jedoch die Möglichkeit, dass eine  $G \times E$  in *NEffSk* aufgrund mangelnder statistischer Aussagekraft nicht erkennbar war.



**Abb. 4 |** Genotyp-Umwelt-Interaktionen für *NEffLk* (A) und *NEffSk* (B) in den verschiedenen Versuchs-Varianten. Die Veränderungen der durchschnittlichen N-Effizienz sind für jeden Wurf (anstelle des Genotyps) als farbige Linie dargestellt.

### Phänotypische Korrelationen

Wir fanden eine niedrige negative Korrelation von *NEffLk* und der Anzahl an Tagen, um welche die Schlachtung verzögert wurde (Tab. 2). Unter der Annahme eines ähnlichen Musters von phänotypischen und genetischen Korrelationen kann dies eine Verlängerung der Mastdauer durch die Zucht auf N-Effizienz bedeuten. Die *NEffLk* korrelierte positiv mit der P-Effizienz, wodurch Zucht auf N-Effizienz auch zu einer Steigerung der P-Effizienz führen könnte (Tab. 3). Dies wäre im Hinblick auf die Verringerung der ökologischen Auswirkungen der Schweinehaltung ein gewünschter Effekt. Die Körperzusammensetzung korrelierte nicht mit *NEffLk* (Tab. 3); daher sind negative Auswirkungen der Zucht in diesem Fall unwahrscheinlich.

### Schlussfolgerungen

Zusammenfassend zeigen unsere vorläufigen Ergebnisse ein Potenzial für die selektive Züchtung zur N-Effizienzsteigerung. Die Heritabilität von *NEffLk* und *NEffSk* betrug 32 bzw. 16 %. Beide liegen im Bereich anderer wirtschaftlich wichtiger Merkmale (Lo *et al.* 1992; Suzuki *et al.* 2005). *NEffSk* spiegelt den Anteil wertvoller Fleischstücke wider und sollte bevorzugt für die Zucht

herangezogen werden. Zu beachten ist, dass genetische Faktoren bestenfalls 32 % der N-Effizienz-Variation erklären und diese somit zu fast 70 % durch Umwelteffekte beeinflusst wird. Managementpraktiken, z. B. Phasenfütterung, können den AS-Verbrauch zusätzlich senken. Wir konnten keine ausgeprägten Zielkonflikte der N-Effizienz mit anderen wirtschaftlich wichtigen Merkmalen feststellen, ausser einer eventuell geringfügigen Verlängerung der Mastdauer. Mögliche Zielkonflikte mit Fruchtbarkeit, Aggressivität und Fleischqualität sollten in zukünftigen Studien untersucht werden. Die Reduktion des AS-Gehaltes im Schweinefutter könnte die konventionelle sowie die biologische Schweineproduktion in der Schweiz erleichtern. Einheimische Futterpflanzen könnten einen höheren Anteil des AS-Bedarfes decken. Schweine mit einem geringeren AS-Bedarf könnten die negativen globalen Umweltauswirkungen der Schweinefleischproduktion mildern, wobei die Schweiz hier als Vorbild dienen könnte (Baur 2011). In Zukunft werden neben einer verbesserten Schätzung der genetischen Parameter auch Informationen über den Zusammenhang von Proteineffizienz und genetischen Loci (SNPs) benötigt, um den Zuchtfortschritt durch Genomselektion zu beschleunigen. ■

### Literatur

- Verordnung über die Direktzahlungen an die Landwirtschaft (910.13), 2013. Zugang: <https://www.admin.ch/opc/de/classified-compilation/19983379/index.html> [15.01.2019]
- Baur P., 2011. Sojaimporte Schweiz: Möglichkeiten und Grenzen der Reduktion/Vermeidung von Sojaimporten in die Schweiz. Eine Untersuchung im Auftrag von Greenpeace. Zugang: [https://www.greenpeace.ch/wp-content/uploads/2017/01/Greenpeace\\_Sojabericht.pdf](https://www.greenpeace.ch/wp-content/uploads/2017/01/Greenpeace_Sojabericht.pdf) [18.03.2019].
- BLW, 2018. Ressourceneffizienzbeitrag Schweine – Konkretisierung der Umsetzung. Zugang: [https://www.blw.admin.ch/dam/blw/de/dokumente/Instrumente/Direktzahlungen/Ressourceneffizienzbeitraege/REB\\_Schweine.pdf.download.pdf/REB\\_Schweine.pdf](https://www.blw.admin.ch/dam/blw/de/dokumente/Instrumente/Direktzahlungen/Ressourceneffizienzbeitraege/REB_Schweine.pdf.download.pdf/REB_Schweine.pdf) [15.01.2019].
- de Verdal H., Narcy A., Bastianelli D., Chapuis H., Mème N., Urvois S., Le Bihan-Duval E. & Mignon-Grasteau S., 2011. Improving the efficiency of feed utilization in poultry by selection. 2. Genetic parameters of excretion traits and correlations with anatomy of the gastro-intestinal tract and digestive efficiency. *BMC Genet.* 12, 71. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-12-71>.
- Fearnside P.M., 2001. Soybean cultivation as a threat to the environment in Brazil. *Environ. Conserv.* 28, 23–38.
- Henderson C.R., 1984. Applications of Linear Models in Animal Breeding. University of Guelph, Guelph, CA, 462 Seiten.
- Lo L., McLaren D., McKeith F., Fernando R. & Novakofski J., 1992. Genetic analyses of growth, real-time ultrasound, carcass, and pork quality traits in Duroc and Landrace pigs: II. Heritabilities and correlations. *J. Anim. Sci.* 70, 2387–2396.
- Notarnicola B., Tassielli G., Renzulli P.A., Castellani V. & Sala S., 2017. Environmental impacts of food consumption in Europe. *J. Clean. Prod.* 140, 753–765.
- OECD-FAO Agricultural Outlook 2017-2026 - Special Focus: Southeast Asia. Paris: OECD Publishing; 2017. [http://dx.doi.org/10.1787/agr\\_outlook-2017-en](http://dx.doi.org/10.1787/agr_outlook-2017-en).
- Poore J. & Nemecek T., 2018. Reducing food's environmental impacts through producers and consumers. *Science* 360, 987-992. Zugang: <https://doi.org/10.1126/science.aag0216>
- Ruiz-Ascacibar I., Stoll P., Kreuzer M. & Bee G., 2019. Dietary CP and amino acid restriction has a different impact on the dynamics of protein, amino acid and fat deposition in entire male, castrated and female pigs. *animal* 13, 74-82. Zugang: <https://doi.org/10.1017/S1751731118000770>.
- Ruiz-Ascacibar I., Stoll P., Kreuzer M., Boillat V., Spring P. & Bee G., 2017. Impact of amino acid and CP restriction from 20 to 140 kg BW on performance and dynamics in empty body protein and lipid deposition of entire male, castrated and female pigs. *animal* 11, 394–404. Zugang: <https://doi.org/10.1017/S1751731116001634>.
- Suzuki K., Irie M., Kadowaki H., Shibata T., Kumagai M. & Nishida, A., 2005. Genetic parameter estimates of meat quality traits in Duroc pigs selected for average daily gain, longissimus muscle area, backfat thickness, and intramuscular fat content. *J. Anim. Sci.* 83, 2058–2065.

**Riassunto****Parametri genetici dell'efficienza proteica di una popolazione suina svizzera**

L'allevamento suino contribuisce all'inquinamento ambientale a causa dell'emissione di composti azotati. Inoltre, l'ingrasso dei suini svizzeri comporta l'importazione di soia, poiché il loro fabbisogno proteico non può essere soddisfatto con proteine vegetali nazionali. Attraverso la riproduzione selettiva, è quindi auspicabile un miglioramento dell'efficienza proteica al fine di ottenere un tenore proteico uguale nella carcassa anche con un minore apporto di proteine grezze. Per la valutazione preliminare del potenziale di allevamento con una maggiore efficienza proteica e di azoto, sono stati stimati i parametri genetici di questa caratteristica nei suini della razza svizzera Edelschwein sulla base di risultati di test con mangimi a ridotto contenuto proteico. L'ereditabilità dell'efficienza proteica è stata stimata al 32 % nell'animale intero e al 16 % nella carcassa. Le correlazioni fenotipiche positive con l'efficienza del fosforo suggeriscono che l'allevamento con lo scopo di ottenere l'efficienza dell'azoto potrebbe anche aumentare quella fosforica. Tuttavia, ci si deve aspettare un leggero ritardo nella crescita dei suini efficienti sul profilo proteico. Occorrono ulteriori studi per migliorare la qualità delle stime e per ottenere informazioni sui geni responsabili dell'efficienza proteica.

**Summary****Genetic parameters of protein efficiency in a Swiss Large White pig population**

Pork 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. 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. For a preliminary evaluation of the potential of breeding for higher protein (i.e. nitrogen) efficiency, we used results of previous experiments with protein-reduced feed to estimate genetic parameters of this trait in Swiss Large White pigs. Heritability of protein efficiency in the empty body was estimated at 32 % and in the carcass at 16 %. 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.

**Key words:** pig breeding, nutrient efficiency, sustainability, selective breeding, heritability.