

Kurzfassung

Stickstoffreduzierte Nährstoffversorgung bei heranwachsenden Schweinen: Ein Beitrag zur Ressourcenschonung und Verbesserung der Robustheit

GROBE-BRINKHAUS, C., B. BONHOFF UND E. THOLEN, Institut für Tierwissenschaften, AG Haustiergenetik

Für eine nachhaltige und umweltschonende Schweineproduktion ist die Reduktion der Stickstoff (N) und Phosphor (P) Ausscheidung von zentraler Bedeutung. Dieses Ziel kann nur durch interdisziplinäre Forschungsansätze von Tierzucht (Verbesserung der N/P-Futtereffizienz) und Tierernährung (Optimierung der N/P-Verfügbarkeit) erreicht werden. Aus züchterischer Sicht ist die Frage bislang weitestgehend ungeklärt, welchen Einfluss genetischen Faktoren und mögliche Genotyp \times Umwelt-Interaktionen (GUI, hier: Genotyp \times Fütterungsgruppe) auf die N/P-Ausscheidung bzw. Nährstoffeffizienz haben. Daher war das Ziel des Projektes, die Bedeutung von genetischen Effekten und GUI auf Merkmale der Futtereffizienz bei Mastschweinen beim Einsatz von N/P-reduzierten Rationen zu erfassen. Darüber hinaus sollten die Auswirkungen der N/P-Reduktion auf Tiergesundheit, Mikrobiom und Tierverhalten beurteilt werden.

Im vorliegenden Projekt wurden bei 103 Kreuzungsschweinen (Piétrain \times Deutsche Landrasse) auf dem Campus Frankenforst unter möglichst praxisnahen Bedingungen leistungsgeprüft. Die Tiere stammten von 20 KB-Ebern ab, welche das genetische Potential der Rasse Piétrain abbildeten. Die Tiere wurden in zwei Fütterungsgruppen „Kontrolle (C)“ und „Versuchsgruppe (LP)“ mit stark bzw. sehr stark reduzierter N/P-Gehalt, gemäß DLG-Fütterungsrichtlinien, eingeteilt. Gemäß den Ergebnissen der am ITW durchgeführten Nährstoffanalysen, lagen die Rohprotein- und Phosphorkonzentrationen der gelieferten Futtermittel in den erlaubten Toleranzbereichen. Allerdings konnte die geplante N/P-Absenkung der LP-Gruppe nicht in allen vier durchgeführten Durchgängen und Mastphasen realisiert werden. Von jedem Versuchstier lagen Informationen über Merkmale der Mast- und Fleischleistung, Fettsäuremuster, Futteraufnahme, N- und P-Ausscheidung im Kot sowie über die, mittels Blutharnstoffgehalt geschätzte N-Ausscheidung im Harn vor.

Die Fütterungsgruppe hatte einen signifikanten Effekt auf die N/P-Aufnahme, Verdaulichkeit und Ausscheidung. Für diese Merkmale wurden innerhalb der Mastabschnitte in der Regel niedrige bis mittlere h^2 (0,00-0,39) und für die N-Ausscheidung über den Harn hohe h^2 (0,57-0,77) geschätzt werden. Über die gesamte Mast lagen sowohl die h^2 der N/P-assoziierten Merkmale als auch die geschätzten GUI-Varianzverhältnisse auf einem eher niedrigen Niveau (h^2 bzw. $g_i^2 < 0,12$). Höhere g_i^2 -Werte sind teilweise innerhalb der Mastphase zu beobachten. Dies gilt insbesondere für die N/P-Verdaulichkeiten (alle Mastphasen) und Ausscheidungen über den Kot (P: Mittelmast, N: Endmast) mit g_i^2 -Werten $> 0,15$. Diese Ergebnisse können als Indikator für relevanten GUI interpretiert werden.

Unerwünschte Auswirkungen der N/P-Reduktion auf die Tiergesundheit und die Veränderungen des Tierverhaltens sowie auf die Zusammensetzung der Knochen konnten im Projekt nicht festgestellt werden. Auch konnten keine signifikanten Beziehungen zwischen P-Ausscheidung im Kot und P-Gehalt im Knochen beobachtet werden.

Der Einfluss der N/P-reduzierten Fütterung auf das Darm-Mikrobiom wurde im zweiten Teil des Projektes untersucht. Die Charakterisierung der mikrobiellen Gemeinschaft basierte auf aufbereiteten 16S rRNA Sequenz Daten. Insgesamt wurden 208 Proben von vier Darmabschnitten (Jejunum, Ileum, Caecum und Colon) von 52 Tieren sequenziert. Es zeigten sich klare Unterschiede zwischen Dünn- und Dickdarmabschnitten in der Besiedlung der verschiedenen Stämme und Familien der Mikroben (Alpha-Diversität). Es konnten ebenfalls deutliche Einflüsse auf die Variabilität zwischen den Proben (Beta-Diversität) durch die Faktoren Durchgang, Fütterungsgruppe innerhalb des Durchgangs und das Geschlecht beobachtet werden. Der Einfluss des Mikrobioms auf relevante Merkmale wurde durch die Mikrobiability (m^2) geschätzt. Dabei zeigte sich, dass die Schätzwerte der h^2 (genetischer Einfluss) im Vergleich zu den m^2 -Werten (Mikrobiom-Einfluss), mit Ausnahme für das Merkmal der täglichen Zunahme mit der m^2 im Colon, auf einem deutlich höheren Niveau lagen. Das Mikrobiom des Dünndarms (Jejunum und Ileum) schien mit Ausnahme der N/P-Verdaulichkeit im Jejunum keinen Einfluss auf die Variation der Merkmale zu haben, während in den Dickdarmabschnitten hohe m^2 -Werte nur für zwei Futtereffizienzmerkmale geschätzt wurden.

Im Rahmen der mikrobiomweiten Assoziationsstudien (MWAS) wurde der Einfluss einzelner bakterieller Spezies auf die Mastleistungs-, Futtereffizienz- und N/P-assoziierte Merkmale untersucht. Dabei wurden sowohl in Dünn- als auch in Dickdarmproben jeweils 13 nominal oder tendenziell nominal signifikante darmspezifische Amplikon-Sequenziervarianten (ASVs) für die Merkmale P-Ausscheidung über den Kot, N-Ausscheidung über den Harn und tägliche Zunahme gefunden.

Zusammenfassend zeigen die Ergebnisse der vorliegenden Mikrobiom-Studie, dass die Zusammensetzung des Mikrobioms mit hoher Wahrscheinlichkeit die untersuchten Mast- und Effizienzmerkmale beeinflusst. Neben der additiv-genetischen Varianz könnte die Mikrobiom Variabilität auch vor dem Hintergrund potentieller GUI züchterisch genutzt werden. Darüber hinaus könnte das Mikrobiom als Biomarker für schwer zu erfassende Merkmale wie z. B. die N/P-Nährstoffeffizienz dienen. Auf Grund des geringen Stichprobenumfangs sind jedoch weitere Untersuchungen erforderlich, um die genannten Ergebnisse zu validieren.

Abstract

For a sustainable and environmentally friendly pig production, a reduction of nitrogen (N) and phosphorus (P) excretion is of crucial importance. This target can be achieved by interdisciplinary approaches involving animal genetics (improvement of the N/P-efficiency) and

animal nutrition (optimising the dietary N/P-availability). From the perspective of animal breeding, there is a lack of knowledge concerning influence of the genetic factors and possible genotype×environmental-interactions (GUI) on N/P-excretion. There for, the aim of the project was to determine the impact of genetic factors and GUI on feed efficiency of fattening pigs fed with N/P-reduced diets. In addition, possible consequences of a N/P-reduced feeding regime on animal health, behaviour and microbiota were evaluated.

In the present study, 103 Pietrain (Pi)×Landrace (LR) growing-finishing pigs were performance tested under farm conditions on the Campus Frankenforst of the University of Bonn. The animals were originated from 20 artificial insemination boars (AI-boar) intended to reflect the genetic performance potential of Pi. The pigs were divided into the two groups “control (C)” and “low N/P (LP)” and were fed with “strong N/P-reduced” and “very strong N/P-reduced” diets, respectively, according to the DLG-recommendations.

Following the results of the analysis of the diets, the raw protein and P content were within the range of tolerance of the legal declaration. However, the extend of N/P restriction varied due to practical conditions and could not be consistently realised in every batch of the diet. Data of fattening and slaughter performance, meat quality, feed N/P excretion of feces as well as the urinary N excretion based on the blood urea N were available for every investigated animal.

The N/P-intake, digestibility and calculated excretion were significantly influenced by the dietary N/P-content. These traits showed a low to moderate heritability (h^2) (0.00-0.39), except for estimated urinary N-excretion exhibiting the highest values (0.57-0.77). Estimated AI-boar×group effects (g_i^2), indicating a GUI, were generally below h^2 -values. When h^2 and g_i^2 exceeded 0.1, additional evidence for GUI was provided by correlation coefficients of predicted progeny differences between feeding groups (0.3-0.8).

Undesirable effects on animal health, behaviour, and bone composition as well as bone density due to the N/P-reduction were not observed within this study. In addition, no relevant relationships among P-excretion of feces and P-content in bone samples were detected.

In the second part of the project, the impact of a N/P-reduction on the microbiome was investigated. The characterization of the microbial community based on processed 16S rRNA sequences. In total, 208 samples of four gut sections (jejunum, ileum, caecum, and colon) obtained from 52 selected pigs were sequenced.

Significant differences for microbial families and genera were observed between small (jejunum, ileum) and large intestine (caecum, colon) in terms of alpha diversity. Furthermore, a distinct impact of the factors run, group within run and gender on the variability (beta-diversity) among the samples was observed. The impact of the microbiome on relevant traits was estimated by the microbiability (m^2). In general, the estimates for h^2 (genetic impact) were higher compared to the estimated of m^2 (impact of the microbiome), except for average daily gain in the colon. The microbiome of the small intestine (jejunum and ileum) did not

influence the expression of the traits, except for the N/P-digestibility through the jejunum. In contrast, in the colon high m^2 were estimated for two feed efficiency traits.

Based on a microbiome-wide association study (MWAS), the significance of single microbial species on fattening performance, feed-efficiency and N/P-associated traits was investigated. In total, 13 nominal or putative nominal significant intestine specific amplicon-sequence variants (ASVs) for small-intestine and colon samples were detected, affecting P-excretion in feces, urinary N-excretion, and average daily gain.

In conclusion, the results of this study revealed, that the composition of the microbiome affects all here investigated fattening performance and feed efficiency traits to a large extent. Beside additive-genetic variance, the variance of the microbiome can be implemented into the breeding process. This might be particularly beneficial against the background of the existence of GUI. Furthermore, important information of microbiome might be useful as biomarkers for traits like N/P-efficiency traits, that are difficult to record under practical conditions. However, because of the limited number of records it is necessary to validate the obtained results, using an enlarged data set.