

**Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn**  
**Landwirtschaftliche Fakultät**

**USL**

---

**Lehr- und Forschungsschwerpunkt**  
**„Umweltverträgliche und Standortgerechte Landwirtschaft“**

## **Forschungsbericht**

**Nr. 201**

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

**Verfasser:**

Christine Große-Brinkhaus, Beatrix Bonhoff und Ernst Tholen

**Institut für Tierwissenschaften**  
**AG Haustiergenetik**

**Herausgeber:** Lehr- und Forschungsschwerpunkt „Umweltverträgliche und Standortgerechte Landwirtschaft“, Landwirtschaftliche Fakultät der Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

Meckenheimer Allee 172 15, 53115 Bonn  
Tel.: 0228 – 73 2285; Fax.: 0228 – 73 1776  
www.usl.uni-bonn.de

Forschungsvorhaben im Auftrag des Ministeriums für Umwelt,  
Landwirtschaft, Natur- und Verbraucherschutz des Landes Nordrhein-  
Westfalen

Bonn, Februar 2025

ISSN 1610-2460

**Projektleitung:** Dr. Ernst Tholen

**Projektbearbeiter:** MSc Beatrix Bonhoff  
Dr.in Christine Große-Brinkhaus

Institut für Tierwissenschaften  
AG Haustiergenetik  
Endenicher Allee 15  
53115 Bonn

**Zitiervorschlag:**

GROBE-BRINKHAUS, C., B. BONHOFF UND E. THOLEN (2025): Stickstoffreduzierte Nährstoffversorgung bei heranwachsenden Schweinen: Ein Beitrag zur Ressourcenschonung und Verbesserung der Robustheit. Landwirtschaftliche Fakultät der Universität Bonn, Schriftenreihe des Lehr- und Forschungsschwerpunktes USL, 201, 76 Seiten

## Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	1
1.1	Problemstellung und Wissensstand	1
1.2	Zielsetzung	4
2	Material und Methoden	6
2.1	Versuchsdesign und untersuchte Tiere	6
2.1.1	Fütterung und Rationsgestaltung	7
2.1.2	Sammlung von Blut-, Kot- und Speichelproben	9
2.1.3	Erfassung von Verhaltenskennzahlen, Bonitur von Nekrosen	10
2.2	Schlachtung der Tiere	12
2.2.1	Erfassung des Schlachtkörperwerts und der Fleischbeschaffenheit	12
2.2.2	Probennahme am Schlachthof	12
2.3	Laboranalysen	13
2.3.1	Futtermittel- und Kotprobenanalysen	13
2.3.2	Analysen der Blut- und Speichelproben	13
2.3.3	Analyse der Knochenproben	13
2.3.4	Untersuchung des Mikrobioms	15
2.4	Berechnung von Parametern der Mastleistung, der Futtereffizienz und der N/P-Ausscheidung	16
2.5	Statistische Analyse	17
2.5.1	Quantitativ-genetische Auswertung der Leistungsmerkmale und Nährstoffausscheidung	17
2.5.2	Auswertung der Gesundheits- und Knochenmerkmale	18
2.5.3	Darm-Mikrobiom	19
3	Ergebnisse und Diskussion	23
3.1	Futtermittelzusammensetzung	23
3.2	Auswirkungen der N/P-Reduktion im Futter auf die Mast- und Schlachtleistung der Mastschweine	24
3.2.1	Mastleistungsmerkmale	24
3.2.2	Merkmale der Schlachtleistung und Fleischbeschaffenheit	27

## IV

3.3	Merkmale der Nährstoffnutzungseffizienz _____	28
3.4	Schätzung der Varianzkomponenten _____	33
3.5	Einfluss der N/P-Reduktion auf Gesundheitsparameter _____	37
3.6	Bedeutung der Fütterungsgruppe auf Knochenmerkmale _____	39
3.7	Auswertung der Analyse des Darm-Mikrobioms _____	42
3.7.1	Charakterisierung der mikrobiellen Gemeinschaft _____	43
3.7.2	Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzung _____	51
3.7.3	Ergebnisse der mikrobiellen Assoziationsanalyse (MWAS) _____	54
4	Zusammenfassung _____	59
5	Summary _____	61
6	Schlussfolgerungen für die Umsetzung der Ergebnisse in die Praxis _____	63
7	Literaturverzeichnis _____	64
8	Anhang _____	73
8.1	Konsequenzen für eventuelle weitere Forschungsaktivitäten _____	74
8.2	Liste über Veröffentlichungen _____	74
8.3	Liste über Vorträge _____	74
8.4	Liste über Posterpräsentationen, Vorführungen und Demonstrationen _____	75
	Danksagung _____	75

## Abbildungsverzeichnis

<b>Abbildung 1:</b> Skizze des Tierversuchs _____	6
<b>Abbildung 2:</b> Ablauf der Mast und Beprobungszeitpunkte _____	9
<b>Abbildung 3:</b> Salivette zur Speichelsammlung _____	10
<b>Abbildung 4:</b> Verwendete Novel Objects (Hundespielzeuge der Firma Kong©) _____	11
<b>Abbildung 5:</b> Freigelegter Metacarpus 4 und Messpunkt für die Erfassung des Durchmessers _____	14
<b>Abbildung 6:</b> a) Computertomograph a) mit Phantom b) Aufnahme von zwölf Mc4- Knochen auf dem Phantom _____	14
<b>Abbildung 7:</b> Querschnitts-Aufnahme von drei Knochen auf dem Phantom im Rahmen der Computertomographie _____	15
<b>Abbildung 8:</b> Grafisch angefärbte Querschnitts-Aufnahmen des MC4 a) Gesamtfläche, b) Differenzierung zwischen Knochenhülle und Knochenmarkhöhle und c) Knochenhülle _____	15
<b>Abbildung 9:</b> Ergebnisse der Speichelcortisolgehalte bei einer N-/P-reduzierten Fütterung innerhalb der verschiedenen Mastphasen _____	37
<b>Abbildung 10:</b> Ergebnisse des Test S (Test zur Bewertung des Verhaltens der Schweine gegenüber Menschen) bei einer N-/P-reduzierten Fütterung innerhalb der verschiedenen Mastphasen _____	38
<b>Abbildung 11:</b> Ergebnisse des Novel Object Tests (NOT) (Test zur Bewertung des Verhaltens von Schweinen gegenüber unbekanntem Objekten) bei einer N- /P-reduzierten Fütterung innerhalb der verschiedenen Mastphasen _____	38
<b>Abbildung 12:</b> Beziehung zwischen P-Ausscheidung und Gehalt an P im Knochen je Versuchsdurchgang _____	42
<b>Abbildung 13:</b> Beta-Diversität (Bray-Curtis) des intestinalen Mikrobioms (principal coordinates analysis (PCoA)) _____	49

## Tabellenverzeichnis

<b>Tabelle 1:</b>	Anteile der Futter-Hauptkomponenten in den Kontroll- (C) und Versuchsrationen (LP) in Vor-, Mittel- und Endmast (Durchschnittsgehalte der vier Durchgänge) _____	7
<b>Tabelle 2:</b>	Analysierte Gehalte der Inhaltsstoffe (g/kg TM oder MJ/kg TM) der Kontroll- (C) und Versuchsration (LP) in Vor-, Mittel- und Endmast (Durchschnittsgehalte der vier Durchgänge) _____	8
<b>Tabelle 3:</b>	Analysierte Rohprotein- und Phosphorgehalte (g/kg TM) der Kontroll- (C) und Versuchsrationen (LP) für jeden Durchgang _____	8
<b>Tabelle 4:</b>	Einteilung der tierindividuellen Reaktionen auf den Test S nach SCOTT et al. (2009) _____	11
<b>Tabelle 5:</b>	Einteilung der Reaktionen auf dem Novel Object Test nach MIELOCH et al. (2020) _____	12
<b>Tabelle 4:</b>	Einfluss von Mastphase, Gewicht, Geschlecht, Durchgang, Fütterung, Mastphase×Fütterung, Mastphase×Durchgang, Durchgang×Fütterung auf Merkmale der Mastleistung _____	26
<b>Tabelle 5:</b>	LSQ-Mittelwerte ( $\pm$ Standardfehler) für die C- und LP-Gruppe für verschiedene Mastphasen für Merkmale der Mastleistung _____	26
<b>Tabelle 6:</b>	LSQ-Mittelwerte ( $\pm$ Standardfehler) für einzelne Durchgänge für verschiedene Mastphasen für Merkmale der Mastleistung _____	26
<b>Tabelle 7:</b>	Einfluss von Gewicht, Geschlecht, Durchgang, Fütterung auf die Merkmale der Schlachtleistung und Fleischqualität _____	27
<b>Tabelle 8:</b>	LSQ-Mittelwerte ( $\pm$ Standardfehler) für die C- und LP-Gruppe für verschiedene Mastphasen für Merkmale der Schlachtleistung und Fleischqualität _____	27
<b>Tabelle 9:</b>	Einfluss von Mastphase, Gewicht, Geschlecht, Durchgang, Mastphase×Fütterung, Mastphase×Durchgang, Durchgang×Fütterung auf Verdaulichkeit, N/P-Aufnahme, N/P-Ausscheidung mit dem Kot und N-Ausscheidung mit dem Harn _____	29
<b>Tabelle 10:</b>	LSQ-Mittelwerte ( $\pm$ Standardfehler) für die C- und LP-Gruppen für verschiedene Mastphasen für Verdaulichkeit, N/P-Aufnahme, N/P-Ausscheidung mit dem Kot und N-Ausscheidung mit dem Harn _____	29
<b>Tabelle 11:</b>	LSQ-Mittelwerte ( $\pm$ Standardfehler) für die C- und LP-Gruppen der verschiedenen Durchgänge für verschiedene Mastphasen für Verdaulichkeit, N/P-Aufnahme, N/P-Ausscheidung mit dem Kot und N-Ausscheidung mit dem Harn _____	30

## VII

<b>Tabelle 12:</b> Heritabilität, Wiederholbarkeit und anteilige Varianz von KB-Eber×Fütterung für Mastleistungsmerkmale, Verdaulichkeit, N/P-Aufnahme, N/P-Ausscheidung über Kot und N-Ausscheidung über Harn _____	33
<b>Tabelle 13:</b> Rang-Korrelationen von KB-Ebern zwischen C- und LP-Gruppe basierend auf predicted values (PD) (nach Spearman) _____	35
<b>Tabelle 14:</b> Einfluss von Gewicht, Geschlecht, Durchgang, Fütterung auf die Merkmale der Knochenzusammensetzung und der Knochendichte _____	40
<b>Tabelle 15:</b> Ergebnisse der Korrelationsanalyse zwischen den subjektiven und chemischen Merkmalen und den Merkmalen der Computertomographie _____	41
<b>Tabelle 14:</b> Relative Häufigkeit der häufigsten Phyla, Families und Genera über alle Proben und in den Darmabschnitten Jejunum, Ileum, Caecum und Colon ____	43
<b>Tabelle 15:</b> Einfluss von Mastendgewicht, Geschlecht, Fütterung, Durchgang und Probenherkunft auf die Alpha-Diversität (Observed richness und Shannon entropy) über alle Proben und für die einzelnen Darmabschnitte Jejunum, Ileum, Caecum und Colon _____	45
<b>Tabelle 16:</b> LSQ-Mittelwerte ( $\pm$ Standardfehler) der einzelnen Darmabschnitte für die Alpha-Diversität (Observed richness und Shannon entropy) _____	45
<b>Tabelle 17:</b> LSQ-Mittelwerte ( $\pm$ Standardfehler) der C- und LP-Gruppe für die Alpha-Diversität (Observed richness and Shannon entropy) _____	46
<b>Tabelle 18:</b> Heritabilität, permanente Umwelt und anteilige Varianz von KB-Eber×Fütterung für die Alpha-Diversität (Observed richness und Shannon entropy) _____	47
<b>Tabelle 19:</b> Einfluss von Mastendgewicht, Probenherkunft, Durchgang, Fütterung, Geschlecht und Durchgang×Fütterungsgruppe auf die Beta-Diversität (Bray-Curtis und UniFrac) über alle Proben und in Jejunum, Ileum, Caecum und Colon, sowie in den Durchgängen 1,2,3, und 4 _____	50
<b>Tabelle 20:</b> Heritabilität und Mikrobiability für Merkmale der Mastleistung, der Futtereffizienz und der N/P-Ausscheidung für Jejunum, Ileum, Caecum und Colon _____	52
<b>Tabelle 21:</b> Taxonomie und geschätzte Regressionskoeffizienten (aus back solving BLUP solutions) für ASVs mit nominal signifikanten ( $p \leq 0.05$ ) oder tendenziell nominal signifikanten ( $p \leq 0.1$ ) Assoziationen mit Leistungs- und Nährstoffnutzungseffizienzmerkmalen _____	56

## Abkürzungsverzeichnis

<b>Abkürzung</b>	<b>Beschreibung</b>
AD	scheinbare Verdaulichkeit
ADFom	Säure-Detergenzien-Faser
ADFC	täglich verbrauchte Futtermenge (average daily feed consumed)
ADG	tägliche Zunahme (average daily gain)
ADFI	geschätzte tägliche Futteraufnahme (average daily feed intake)
AMW	mittlere metabolische Körpergröße (average metabolic weight)
aNDFom	Neutral-Detergenzien-Faser
AS	Aminosäuren
ASVs	Amplikon-Sequenzvarianten
BRS	Bundesverband Rind und Schwein
BFT	Rückenspeckdicke (back fat thickness)
BUN	Blutharnstoff-Stickstoff
C	Kontrollgruppe
Ca	Calcium
CT	Computertomograph
DL	Deutsche Landrasse
DLG	Deutsche Landwirtschafts-Gesellschaft
DP	Ausschlachtung (dressing percentage)
ELISA	Enzyme-linked Immunosorbent Assay
FCR	Futtermittelverbrauch je kg Zuwachs (food conversion rate)
FFW	Mastendgewicht
FG	Fütterungsgruppe
gi <sup>2</sup>	Interaktion KB-Eber × Fütterungsgruppe
GUI	Genotyp × Umwelt-Interaktionen
h <sup>2</sup>	Heritabilität
HCluA	Salzsäure-unlösliche Asche
IMF	intramuskulärer Fettgehalt
ITW	Institut für Tierwissenschaften
KB	Künstliche Besamung
LP	Versuchsgruppe
LMC	Magerfleischanteil (lean meat content)
LSMeans	Least square means
LWK	Landwirtschaftskammer
m <sup>2</sup>	Mikrobiability
Mc	Metacarpus
ME	Umsetzbare Energie
M <sub>Futter</sub>	Konzentration des Markers im Futter
Mg	Magnesium
M <sub>Kot</sub>	Konzentration des Markers im Kot
MUFA	einfach ungesättigte Fettsäuren
MWAS	Mikrobiom-weite Assoziationsanalyse
N	Stickstoff
n	Anzahl Proben/Beobachtungen
N <sub>ex</sub>	N-Ausscheidung über den Kot
N <sub>in</sub>	N-Aufnahme



<b>Abkürzung</b>	<b>Beschreibung</b>
NOT	Novel Object Test
RFI	Restfutteraufnahme (residual feed intake)
Pi	Piétrain
P	Phosphor
P <sub>ex</sub>	P-Ausscheidung über den Kot
P <sub>in</sub>	P-Aufnahme
PD	Predicted Difference; Vorhersage Überlegenheit der Nachkommen
PUFA	mehrfach ungesättigte Fettsäuren
r	Rangkorrelation
SFA	gesättigte Fettsäuren
THG	Treibhausgas
TM	Trockenmasse
UNE	N-Ausscheidung über den Harn
VDLUFA	Verband deutscher landwirtschaftlicher Untersuchungs- und Forschungsanstalten
XA	Rohasche
XF	Rohfett
XP	Rohprotein

## **1 Einleitung**

### **1.1 Problemstellung und Wissensstand**

Zu den wichtigsten Umweltwirkungen in der Schweinehaltung gehören neben den Treibhausgas (THG)-Emissionen, die Ausscheidungen der Nährstoffe Stickstoff (N) und Phosphor (P), die zur Eutrophierung und Versauerung von Böden und Gewässern führen (BACH et al., 2020). Für die THG-Emissionen sind insbesondere die N-Verbindungen (u.a. Ammoniak, Lachgas) bedeutsam, während Methanemissionen in der Schweinehaltung im Gegensatz zu Wiederkäuern nur eine untergeordnete Rolle spielen. Insgesamt lassen sich in Deutschland 95% der Ammoniak Emissionen auf die Tierproduktion und die damit einhergehende Lagerung und Ausbringung von Gülle und Mist zurückführen (TAUBE et al., 2020; GÜNTHER et al., 2023). Aufgrund der Vorgaben der neuen Düngeverordnung gewinnt der Aspekt der Effizienz der Nährstoffnutzungseffizienz (Synonym: Nährstoffeffizienz) in der Schweinehaltung an Bedeutung. Gerade in viehintensiven Gebieten steht der Landwirt vor der Herausforderung, den Anfall vor allem von N- und P-Verbindungen der Tiere im Stall auf ein aus den Blickwinkeln Umweltschutz, Tierschutz und Ökonomie akzeptables Niveau zu senken (UMWELTBUNDESAMT, 2018).

Die Höhe der N/P-Ausscheidung hängt unter anderem von der Qualität und Menge des angebotenen Futters (Rohprotein- (XP) Gehalt, Aminosäuren- (AS) Muster des XP und praecaecale Verdaulichkeit des XP und der AS, P-Gehalt an verdaulichem P) und von der Effizienz eines Tieres ab, diese Nährstoffe für seine Erhaltung und Leistung zu nutzen. Vor allem Anteil an ausgeschiedenen und damit ungenutzten Nährstoffen zeigt eine hohe tierindividuelle Variabilität, die durch zahlreiche physiologische und genetische Ursachen erklärt werden kann. Hierfür verantwortlich sind verschiedene Prozesse zwischen der Futteraufnahme und dem Einbau eines Nährstoffes bzw. -metaboliten in tierische Gewebe (z.B. Fleisch) (BAREA et al., 2011; GILBERT et al., 2017). Zudem konnte in Studien von CARCÒ et al. (2018) gezeigt werden, dass Schweine ihr Futteraufnahmeverhalten bei einer nährstoffbegrenzten Versorgung kompensatorisch anpassen können.

Unter konventionellen Produktionsbedingungen dominiert in der Schweinemast als hochwertiges Proteinfuttermittel Sojaextraktionsschrot als Koppelprodukt der Sojabohnenverarbeitung. Sojabohnen werden in der Regel außerhalb der EU angebaut und importiert. Insbesondere durch die langen Transportwege und die schwer zu kontrollierenden Anbaubedingungen ist der Einsatz von Sojafuttermitteln mittlerweile umstritten (STEINFELD et al., 2006; GERBER et al., 2013). Aufgrund der zu erwartenden geringeren Umweltbelastung ist die Attraktivität alternativer Proteinquellen, die für den Anbau in Europa und Deutschland geeignet sind, angestiegen. Hierbei ist jedoch zu beachten, dass die Verwendung dieser Futtermittel aufgrund der im Vergleich zu Sojafuttermitteln geringeren Qualität des Proteins

(AS-Muster, praecaecale Verdaulichkeit) und zahlreicher antinutritiv wirksamer Inhaltsstoffe (JEZIERNY et al., 2010) besondere Herausforderungen mit sich bringt.

Die begrenzte Verfügbarkeit von Nährstoffen, vor allem von essentiellen AS und P, sowie die Zunahme biotischer Stressoren, haben Konsequenzen für das Wachstum und die Gesundheit wachsender Schweine. Neben den beschriebenen direkten Auswirkungen können Nährstoffimbancen und antinutritiv wirksame Inhaltsstoffe auch an der Modulation der Genexpression beteiligt sein (WANG und QIAN, 2009). Hieraus lässt sich ableiten, dass die Wirkung bestimmter physiologisch aktiver Nährstoffe für einen Organismus nicht nur auf phänotypischer, sondern zusätzlich auch auf molekularer Ebene betrachtet werden sollte. Als biologische Signaturen, oder auch Biomarker, können unter anderem Gene, Proteine und Metabolite durch zelluläre Sensoren wahrgenommen werden und somit multiple Signalwege im Organismus beeinflussen. Solche Biomarker dienen in wissenschaftlichen Untersuchungen als Signale zur Überprüfung des Erhalts der immunologischen Homöostase (MULLER und KERSTEN, 2003).

In verschiedenen Übersichtsarbeiten (GILBERT et al., 2017; KENNEDY et al., 1993) wurde darauf hingewiesen, dass eine verbesserte Nährstoffnutzungseffizienz sowohl durch eine reduzierte Aufnahme als auch durch eine veränderte Schlachtkörperzusammensetzung erreicht werden kann. Aus diesem Grund sind die Verhältnismerkmale der Nährstoffnutzungseffizienz züchterisch schwer zu bearbeiten. Idealerweise ließe sich die Nährstoffeffizienz eines Tieres durch eine exakte Erfassung der Nährstoffaufnahme und -ausscheidung sowie der Zusammensetzung des Zuwachses bestimmen. Eine solche Messung wäre nur mit einem hohen technischen Aufwands im Rahmen eines Exaktversuches. Für umfangreiche Routineuntersuchungen im Rahmen von Leistungsprüfungen innerhalb kommerzieller Zuchtprogramme sind solche direkten, aufwändigen Messungen jedoch nur bedingt geeignet. Alternativ bietet sich die Erfassung der sogenannten Restfutteraufnahme (**Residual Feed Intake, RFI**) an. Auch hier wird die tatsächliche Nährstoff- bzw. Futtereffizienz unter Berücksichtigung von erfasster Nährstoffaufnahme und geschätzter Körperzusammensetzung berechnet (GILBERT et al., 2017; KOCH et al., 1963). Die RFI wird definiert als die Differenz zwischen tatsächlicher und der auf Grundlage von Erhaltungs- und Leistungsbedarf geschätzten Futteraufnahme (KENNEDY et al., 1993; KOCH et al., 1963).

Unter den stationären Bedingungen der Leistungsprüfung können die aufgenommene Nährstoffmenge sowie das Lebend- und Schlachtgewicht exakt erfasst werden. Die Abschätzung des Körperzuwachses bzw. der Körperzusammensetzung kann mit Hilfsmerkmalen wie Rückenspeckdicken und Muskelflächen am lebenden und geschlachteten Tier mit zufriedenstellender Genauigkeit geschätzt werden. Gemeinsam mit dem Lebend- oder Schlachtgewicht des Tieres lässt sich mit diesen Informationen der Erhaltungs- und Produktionsbedarf je Tier annäherungsweise vorhersagen. Somit sind die Kausalkomponenten

zur Berechnung der RFI verfügbar und erlauben eine Kalkulation von potentiell umweltbelastenden Nährstoffverlusten.

Es ist bisher ungeklärt, ob es bei der Verwendung von Futtermitteln mit unterschiedlichem Nährstoffgehalt zu züchterisch relevanten Unterschieden in der Rangierung von Zuchttieren durch sogenannte Genotyp×Umwelt-Interaktionen (GUI, hier: Genotyp×Futter-Interaktionen) kommt. Bei Auftreten solcher Effekte ist es sinnvoll Schweine zu züchten, die auch bei einer nährstoffreduzierten Fütterung mit einer möglichen individuellen und temporären Imbalance in der Nährstoffversorgung ohne Beeinträchtigung von Wohlbefinden und Gesundheit leistungsfähig bleiben.

Die Auswirkungen der N/P-Reduktion im Futter (N über die Reduktion von XP und/oder AS) wurde in vielen Arbeiten aus dem Blickwinkel der Tierernährung und Physiologie sowie Ökonomie untersucht. Die Landwirtschaftskammer (LWK) NRW veröffentlichte die Ergebnisse ihres Fütterungsversuches, bei dem der Einsatz proteinreicher Futtermittel stark reduziert wurde (NORDA et al., 2018). Es konnte deutlich gezeigt werden, dass zwar eine deutliche Flächensparnis bei der Versorgung mit extrem stark reduzierten N/P-Gehalten im Futtermittel erwirkt werden konnte, allerdings wurden je Mastschwein Erlöseinbußen von 4,85 € ermittelt. Ursache hierfür waren geringere tägliche Zunahmen und eine schlechtere Schlachtkörperbewertung.

Nur wenige Projekte haben sich bislang mit züchterischen Fragestellungen einer N/P-reduzierten Fütterung auseinandergesetzt. In der Schweiz wurde eine Studie von der Zuchtorganisation SUISAG (HOFER et al., 2018) mit dem Ziel durchgeführt, die Anforderung eines Prüffutters für die Leistungsprüfung von Zuchtschweinen mit Blick auf die verfügbaren Futtermittel in 10 Jahren zu definieren. Zwei Versuchsgruppen wurden mit einem AS-reduzierten oder einem klassischen Prüffutter versorgt. Es konnte eine signifikante Interaktion zwischen Genotyp und Fütterungsgruppe für das Merkmal Zunahme in Schweizer Zuchtpopulationen identifiziert werden.

Beide aufgeführten Studien zeigen, dass eine N/P-reduzierte Versorgung zum Schutz der Umwelt nachgefragt wird. Allerdings sollen dabei sowohl das Tierwohl als auch der ökonomische Nutzen nicht beeinträchtigt werden. Im Rahmen des vorliegenden Projektes sollten die Ergebnisse dieser Studien mit Hilfe der in NRW gehaltenen Zuchtlinien bei Verfütterung von praktikablen N/P-reduzierten Futterrationen verifiziert werden. Darüber hinaus sollten die Ursachen potentieller GUI in Form von Mikrobiomuntersuchungen sowie mögliche Beeinträchtigungen der Tiergesundheit (u.a. Knochenstabilität) aufgedeckt werden.

Die gastrointestinale Gesundheit, welche sich auf den gesamten Organismus auswirkt, ist bei der Untersuchung einer N/P-reduzierten Fütterung von großer Bedeutung. Das intestinale Mikrobiom besteht aus der Gesamtheit der im Darm eines Organismus lebenden Mikroorganismen und deren Genen. Es entwickelt sich unmittelbar nach der Geburt und

unterliegt stetigen Wandlungen während der gesamten Lebenszeit. Weiterhin ist die Zusammensetzung der mikrobiellen Gemeinschaft von potentiell pathogenen oder sogar gesundheitsförderlichen Bakterien abhängig von diversen Umweltfaktoren, wie z.B. der Ernährung, aber auch von individuellen genetischen Einflussfaktoren (TREVISI et al., 2015). Aus der Sicht des Wirts liegen die Kernaufgaben der kommensalen intestinalen Mikroflora in der Hilfe bei der Verdauung und weiteren Nutzung von ansonsten für den Wirt unverdaulichen Nährstoffe, der Aufrechterhaltung der Barrierefunktion gegen eine Invasion durch Pathogene und der Bereitstellung immunologischer Überwachungssignale. Einige der gesundheitsfördernden Funktionen des Darmmikrobioms werden durch die Produktion von Kofaktoren, Zytokinen oder spezifischen Transkriptionsfaktoren beeinflusst, die die Integrität des Epithels und damit die Aufrechterhaltung der Homöostase des Immunsystems steuern (WOLOWCZUK et al., 2008). Das Verständnis der Beziehungen zwischen Wirt und intestinaler Mikroflora, der Beeinflussung der Zusammensetzung der Flora und der Ausnutzung positiver bakterieller Eigenschaften kann zu signifikanten Verbesserungen der Tiergesundheit und damit auch zur Steigerung der Produktivität führen.

In einer Studie von VERSCHUREN et al. (2018) wurde das Mikrobiom beim Einsatz eines Futtermittels mit erhöhtem Faseranteil untersucht. Es konnten deutliche Unterschiede zwischen den Fütterungsgruppen und den Geschlechtern sowohl in der Zusammensetzung des Mikrobioms als auch den Merkmalen der Futtereffizienz beobachtet werden. Sowohl die Rohprotein- als auch die P-Gehalte wiesen zwischen den Fütterungsgruppen nur geringe Unterschiede auf.

Eine veränderte Zusammensetzung von Futterkomponenten und -inhaltsstoffen hat Einfluss auf das Wachstum und die Entwicklung der Tiere (HINSON et al., 2009; NETHE, 2014; VARLEY et al., 2011). Das Knochenwachstum und die damit verbundene Fundamentstabilität könnten durch eine veränderte Versorgung beeinflusst werden und Konsequenzen für das Tierwohl haben. Gerade die Versorgung mit Calcium (Ca), Phosphor (P) und Magnesium (Mg) ist entscheidend für die Zusammensetzung und das Wachstum von Knochen. Beim Einsatz einheimischer Futtermittel (u.a. Körnerleguminosen) ist allerdings bekannt, dass die Verfügbarkeit dieser Mineralstoffe eingeschränkt ist (JEROCH et al., 2008).

## **1.2 Zielsetzung**

Eine effiziente, tiergerechte und umweltschonende Schweineproduktion ist sowohl für die gesellschaftliche Akzeptanz als auch für die Nachhaltigkeit der Schweinefleischerzeugung von erheblicher Bedeutung. Daher war das Gesamtziel dieses Projektes, die Verbesserung der Effizienz der Nährstoffverwertung wachsender Schweine beim Einsatz N-reduzierter Rationen zu untersuchen.

Für die Untersuchung dieser GUI (Genotyp×Futter-Interaktion) wurden neben der individuellen Erfassung der Futteraufnahme und der Nährstoffeffizienz auch Merkmale des Tierwohls und Immunstatus sowie das intestinale Mikrobiom erfasst. Gerade der Einsatz von Futtermitteln mit verschiedenen Proteinquellen hat einen erheblichen Einfluss auf das Mikrobiom im Darm und führt zu Veränderungen in der gastrointestinalen Immunabwehr. Die Versorgung der Tiere nahe am oder sogar unterhalb ihres Nährstoffbedarfs kann zu veränderten Leistungsniveaus führen. Diese werden unterschiedlich ausgeprägt und zeigen auf, welche Nachkommen ausgewählter Eber ein besseres Adaptationsvermögen während einer temporär marginalen Nährstoffversorgung aufweisen.

Die Ziele des Projektes lassen sich wie folgt zusammenfassen:

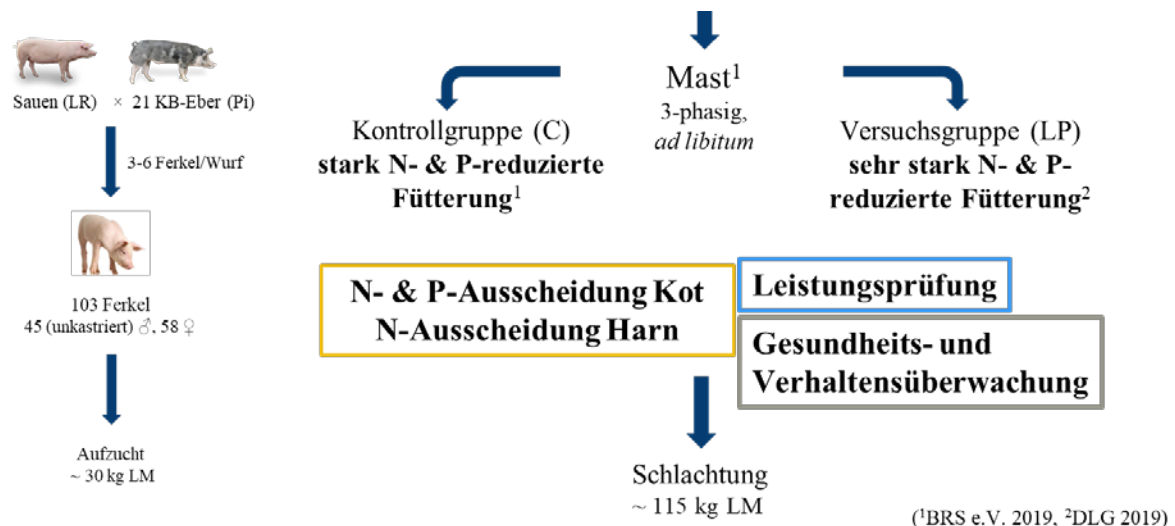
Beurteilung ...

1. ... der Effizienz der Nährstoffnutzung
2. ... der Nährstoffausscheidungen und Emissionen
3. ... der Auswirkung auf Tiergesundheit (u.a. Zusammensetzung und Dichte von Knochen), Wohlbefinden und Leistung bei reduzierter Nährstoffversorgung

## 2 Material und Methoden

### 2.1 Versuchsdesign und untersuchte Tiere

Eine Übersicht über das Versuchsdesign ist Abb. 1 zu entnehmen. Insgesamt wurden 103 (45 männliche, unkastriert, 58 weibliche) kommerzielle Kreuzungsschweine der Rasse Piétrain (Pi) × Deutsche Landrasse (DL) untersucht. Zur Erzeugung der Kreuzungsschweine wurden 20 in der künstlichen Besamung (KB) eingesetzten Piétraineber an Deutsche Landrasse Sauen der Herde auf dem Campus Frankenforst angepaart.



**Abbildung 1:** Skizze des Tierversuchs

LM: Lebendmasse in kg

Die Leistungsprüfung erfolgte nach den „Richtlinien für die Leistungsprüfung in der Schweinezucht“ (BRS e.V., 2019). Es handelte sich um eine gewichtsabhängige Prüfung bis zu einem Schlachtgewicht von 90 bis 95 kg. Der Futterverbrauch wurde während des gesamten Versuches tierindividuell dokumentiert. Zudem wurde das Gewicht der Tiere vor und während der Mastphasen erfasst.

Zur Quantifizierung der N/P-Ausscheidungen im Kot wurden entsprechend markierte Kotproben von jedem Tier gesammelt und analysiert (siehe Abschnitt 2.1.2, Seite 9). Die N-Ausscheidungen im Harn wurden über die Messung des Blutharnstoffgehaltes geschätzt (siehe Abschnitt 2.4, Seite 16). Der gemessene Cortisol-Gehalt (Stressbewältigungshormon) im Speichel sowie Verhaltenstests und die Bonitierung von Ohrrand- und Schwanznekrosen der Mastschweine dienten als Indikatoren für das Tierwohl (siehe Abschnitt 2.1.3, Seite 10). Die Probensammlung und Datenerfassung erfolgte auf dem Campus Frankenforst der Universität Bonn in jeder Mastphase und erstreckte sich über einen Zeitraum von Juni 2020 bis Juli 2021. Der Tierversuch wurde von dem Landesamt für Natur, Umwelt und Verbraucherschutz (LANUV, NRW, Recklinghausen) genehmigt (Az 81-02.04.2019.A307).

Die 103 Tiere wurden in insgesamt vier aufeinanderfolgende Durchgänge gemästet. Aus versuchstechnischen Gründen fand die Mast in Einzelhaltung statt, wobei der Sozialkontakt zwischen den Tieren zu jeder Zeit möglich war.

### 2.1.1 Fütterung und Rationsgestaltung

Die Fütterung erfolgte jeweils ad libitum gewichtsabhängig in drei Phasen innerhalb von zwei Fütterungsgruppen (Kontrollgruppe (C, Gruppe mit stark N/P-reduzierter Versorgung) und Versuchsgruppe (LP, Gruppe mit sehr stark N/P-reduzierter Versorgung), Abb. 1). Die Futterumstellungen in die nächste Mastphase wurden bei 60kg und 90kg vorgenommen. Die Schlachtung erfolgte bei Erreichen des Zielgewichts von 115kg.

Die Fütterung wurde nach DLG-Standards (DLG, 2019) durchgeführt, wobei die Kontrollgruppe mit stark N/P-reduziertem Futter und die Versuchsgruppe mit sehr stark N/P-reduziertem Futter versorgt wurde. Die Rationen basierten auf einheimischen Proteinquellen (Rapse- und Sonnenblumenextraktionsschrot). Zur Bestimmung der Verdaulichkeit wurde Salzsäure-unlösliche Asche (HCluA) als inerter Marker genutzt.

Tabelle 1 zeigt die mittleren Anteile der eingesetzten Komponenten für C- und LP-Rationen.

**Tabelle 1:** Anteile der Futter-Hauptkomponenten in den Kontroll- (C) und Versuchsrationen (LP) in Vor-, Mittel- und Endmast (Durchschnittsgehalte der vier Durchgänge)

	Vormast (30 - 60 kg Lebendmasse)		Mittelmast (60 - 90 kg Lebendmasse)		Endmast (90 - 115 kg Lebendmasse)	
	C	LP	C	LP	C	LP
	Weizen	40,4	44,1	39,9	43,3	40,1
Gerste	20,0	22,3	21,8	21,7	21,7	25,0
Triticale	9,3	9,5	14,7	14,7	16,0	16,7
Rapseextraktionsschrot	10,7	6,6	11,2	4,6	9,4	5,7
Sonnenblumenextraktionsschrot	4,1	4,0	3,7	3,7	3,0	3,0
Pflanzliche Fettsäuren	3,0	2,1	1,1	0,7	0,8	0,7

C = Kontrollrationen, LP = Versuchsrationen. Weitere Inhaltsstoffe: Mais, Kartoffelprotein, Calciumcarbonat, Natriumchlorid, Monocalciumphosphat, Palmöl (Deklaration, Deutsche Tiernahrung Cremer).

Die N-Reduktion wurde durch eine Reduktion im Rohprotein (XP)-Gehalt über die Minderung von Rapseextraktionsschrot realisiert. Ausgeglichen wurde dies mit der Erhöhung des Getreide-Anteils, in der Vormast vorwiegend durch Weizen, in der Endmast vorwiegend durch Gerste (Tab. 2).



**Tabelle 2:** Analysierte Gehalte (g/kg Trockenmasse [TM] sofern nicht anders angegeben) der Kontroll- (C) und Versuchsration (LP) in Vor-, Mittel- und Endmast (Durchschnittsgehälter der vier Durchgänge)

	Vormast		Mittelmast		Endmast	
	(30 bis 60 kg Lebendmasse)		(60 bis 90 kg Lebendmasse)		(90 bis 115 kg Lebendmasse)	
	C	LP	C	LP	C	LP
Trockenmasse (g/kg)	903	905	904	905	904	903
Asche	45	43	45	46	48	45
Rohprotein	176	169	173	159	160	160
Rohfaser	49	45	52	46	48	46
ADFom	66	70	75	65	74	67
aNDFom	219	221	234	227	240	228
Rohfett	58	46	37	34	36	33
Phosphor	5,1	4,9	4,9	4,4	4,4	4,6
HCluA	2,4	2,1	2,3	2,0	1,9	1,8
ME (MJ/kg TM)	14,1	14,1	13,7	13,8	13,7	13,8

C = Kontrollrationen, LP = Versuchsrationen. HCluA = salzsäure-unlösliche Asche, ME = umsetzbare Energie, ADFom = Säure-Detergenzien-Faser, aNDFom = Neutral-Detergenzien-Faser.

**Tabelle 3:** Analysierte Rohprotein- und Phosphorgehalte (g/kg TM) der Kontroll- (C) und Versuchsrationen (LP) für jeden Durchgang

	Durchgang 1		Durchgang 2		Durchgang 3		Durchgang 4		Ziel	
	C	LP	C	LP	C	LP	C	LP	C	LP
<b>Vormast (30 to 60 kg Lebendmasse)</b>										
XP	169	158	182	172	179	170	175	178	188	176
P	5,1	4,5	5,7	4,9	4,9	5,6	4,7	4,5	5,3	5,2
<b>Mittelmast (60 to 90 kg Lebendmasse)</b>										
XP	157	151	173	172	188	154	188	154	176	165
P	4,7	4,6	4,8	4,5	5,2	4,1	5,2	4,1	5	4,8
<b>Endmast (90 to 115 kg Lebendmasse)</b>										
XP	159	169	159	159	163	157	163	157	165	153
P	4,2	3,9	4,5	4,7	4,6	5,1	4,6	5,1	4,8	4,4

C = Kontrollrationen, LP = Versuchsrationen, XP = Rohprotein, P = Phosphor, hellblau (fein gepunktete Linie) = geplante XP/P-Reduktion war übererfüllt, rot (gestrichelte Linie) = geplante XP/P-Reduktion wurde nicht realisiert, hellgrün (durchgezogene Linie) = geplante XP/P-Reduktion wurde realisiert.

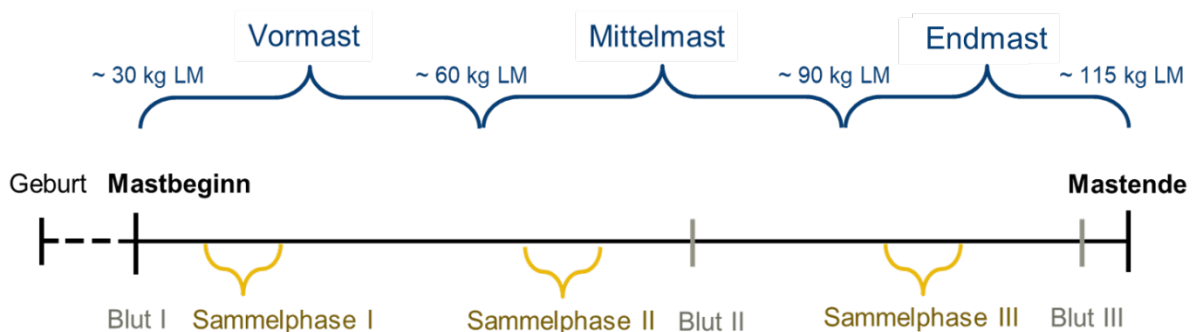
Um das ‚Mindesthaltbarkeitsdatum‘ der einzelnen Rationen einhalten zu können, wurden insgesamt elf produzierte Futter-Chargen (vier Vormast-, vier Mittelmast- und drei Endmastfuter) von einem Futtermittelhersteller bezogen. Die vom Unternehmen deklarierten N/P-Gehalte erfüllten die Vorgaben der DLG einer stark N/P- und sehr stark N/P- reduzierten Fütterung. Im Anschluss an den Tierversuch wurden die Inhaltsstoffe der eingesetzten Futtermittel im Labor der AG Tierernährung des Instituts für Tierwissenschaften (ITW) analysiert (Tab. 3).

Hierbei gab es zum Teil deutliche Abweichungen von den geplanten XP- und P-Gehalten der C- und LP-Gruppen (siehe Spalte „Ziel“ in Tab. 3), auf die im Ergebnisteil detaillierter eingegangen wird. Es ist zu beachten, dass die analysierten Gehalte von XP und P stets im Toleranzbereich (XP:  $\pm 12,5\%$ ; P:  $\pm 3\text{g/kg}$  (abs.)) der Deklaration (EUROPÄISCHE KOMMISSION, 2017) lagen.

Das Verhältnis der essentiellen AS sowie der Energiegehalt unterschieden sich nicht zwischen C- und LP-Rationen; es wurde ausschließlich eine Reduktion im XP-Gehalt, nicht im Gehalt essentieller AS angestrebt. Tiere sollten aus Gründen der Gesundheit und des Tierwohls keinesfalls unter Bedarf gefüttert werden. Dies wurde ebenfalls bei der P-Reduktion berücksichtigt.

### 2.1.2 Sammlung von Blut-, Kot- und Speichelproben

Ein Überblick über die Sammlung von Blut- und Kotproben ist Abb. 2 zu entnehmen. Die Sammlung von Kotproben erfolgte nach jedem Futterwechsel nach einer sieben-tägigen Adaptationsphase. An fünf aufeinander folgenden Tagen wurden tierindividuell jeweils 30g frischer Kot vormittags und nachmittags gesammelt, der unmittelbar danach bis zur Analyse eingefroren wurde.



**Abbildung 2:** Ablauf der Mast und Beprobungszeitpunkte

Blut I, II, III = Zeitpunkte der Blutprobenahme, Sammelfase I, II, III = Probensammlung von Kot und Speichel sowie Verhaltensbeobachtungen. LM = Lebendmasse.

Es wurden zu drei Zeitpunkten Blutproben aus der Halsvene (*Vena jugularis*) genommen. Die Probennahmen erfolgten zum Zeitpunkt des Einstallens, zur Mitte der Mast und eine Woche vor der Schlachtung.

Speichelproben wurden mittels einer sogenannten Salivette<sup>®</sup> (eine Art Wattestäbchen, Abb. 3) gesammelt, welche dem Tier mit einer Zange vorgehalten wurden. Bei der Probennahme war entscheidend, dass das Tier freiwillig mindestens 20 s auf dem Wattestäbchen kaute. Für die eigentliche Probennahme wurden die Tiere zuvor zwei Tage für die Probennahme trainiert, in dem sie Kontakt zur Salivette<sup>®</sup> aufnehmen konnten. Somit war eine stressfreie Beprobung möglich.



**Abbildung 3:** Salivette zur Speichelsammlung

### 2.1.3 Erfassung von Verhaltenskennzahlen, Bonitur von Nekrosen

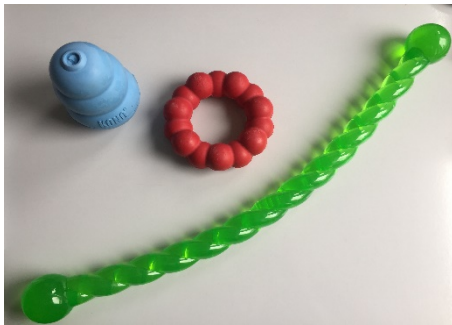
Insgesamt wurden zwei Verhaltenstests durchgeführt. Der sog. Test S (modifiziert nach SCOTT et al., 2009) charakterisiert das Verhalten der Schweine gegenüber Menschen. Dieser Test wurde in einer festgelegten Reihenfolge bei jedem Tier, wie nachfolgend beschrieben, durchgeführt. Der Beobachter geht vor den Tieren auf und ab, damit er ihre Aufmerksamkeit gewinnt. Liegende Tiere werden dabei zum Stehen gebracht und jedes Tier zur Standardisierung kurz berührt.

Der Beobachter nimmt die Startposition ein (0,5 m vom Stand entfernt), bewegt sich für zehn Sekunden nicht. Anschließend nähert sich der Beobachter langsam an das Tier an, sieht es dabei direkt an und hockt sich direkt vor dem Tier langsam nieder und verharrt für zehn Sekunden in dieser Position. Danach versucht der Beobachter für zehn Sekunden das Tier über dem Gitter zwischen den Ohren zu berühren. Dabei wurden die Reaktionen der Tiere wie in aufgeführt, in Klassen eingeteilt (Tab. 4).

**Tabelle 4:** Einteilung der tierindividuellen Reaktionen auf den Test S nach SCOTT et al. (2009)

Score	Art der Verhaltensreaktion
0	Tier erlaubt Berührung zwischen den Ohren ohne Zurückweichen
1	Tier weicht beim Berührungsversuch zurück, nähert sich dann jedoch erneut an
2	Tier weicht direkt zurück (wenn Startposition oder Hocke), nähert sich jedoch erneut an ODER Tier weicht nach Berührungsversuch zurück und verbleibt dort
3	Tier weicht zurück (wenn Startposition oder gehockt) und verbleibt dort

In einem weiteren Test, dem Novel Object Test (NOT), wurde das Verhalten gegenüber neuen Objekten erfasst und modifiziert nach MIELOCH et al. (2020) durchgeführt. Dabei wird ein dem Tier unbekanntes Objekt (Beispiele sind in Abb. 4 aufgeführt) langsam über und in der Bucht des Tieres bis zu einer festgelegten finalen Position (in der Mitte der Bucht) bewegt.



**Abbildung 4:** Verwendete Novel Objects (Hundespielzeuge der Firma Kong©)

Zu Beginn des Tests zu beobachtende Panik- und Fluchtreaktionen werden ignoriert. Die Zeit bis zum ersten möglichen Kontakt (Berührung) mit dem Novel Object wird erfasst. Danach wird weitere 15 Sekunden gewartet, das Verhalten am Objekt, wie in Tab. 5 aufgeführt, protokolliert und anschließend das Objekt entfernt. Sofern es keinen Kontaktversuch gibt, wird das Objekt nach 2 Minuten entfernt.

**Tabelle 5:** Einteilung der Reaktionen auf dem Novel Object Test nach MIELOCH et al. (2020)

Score	Art der Verhaltensreaktion:
1	keine Reaktion
2	Ansehen des Objektes
3	Annäherung an das Objekt
4	gezielter Kontakt mit Objekt

Nekrosen wurden visuell nach einem einfachen Ja/Nein-Prinzip an den Ohren und dem Schwanz der Tiere bonitiert.

## 2.2 Schlachtung der Tiere

Die Tiere wurden mit einem Lebendgewicht von etwa 115kg geschlachtet. Die Schlachtung der Tiere erfolgte im Schlachthaus der LSZ Boxberg in Baden-Württemberg. Zur Betäubung wurden die Schweine für 140 s mit CO<sub>2</sub> (90 %) behandelt. Nach der Schlachtung erfolgte eine Kühlung der Schlachtkörperhälften auf eine Temperatur von 1-3°C. Die Klassifizierung der Schlachtkörper erfolgte mittels FOM II.

### 2.2.1 Erfassung des Schlachtkörperwerts und der Fleischbeschaffenheit

Der Schlachtkörperwert sowie die Fleischbeschaffenheit wurden nach dem Standard des BRS erhoben (BRS e.V., 2019). Folgende Parameter wurden durch Mitarbeiter\*innen des LSZ Boxberg erhoben: Schlachtgewicht (kg), Ausschlagung (%), Muskelfleischanteil (%), Rückenspeckdicke (cm), Intramuskulärer Fettgehalt im Rückenmuskel 13./14. Rippe (IMF, %), Anteil gesättigter (SFA), einfachungesättigter (MUFA) und mehrfachungesättigter (PUFA) Fettsäuren (%), pH-Wert 45 Min. p.m. im Kotelett (pH), Leitfähigkeit im Kotelett 24h p.m. (LF) und Tropfsaftverlust (EZ-Driploss, DL%).

### 2.2.2 Probennahme am Schlachthof

Unmittelbar nach der Schlachtung wurden der Magendarmtrakt sowie die rechte Vorderpfote eines jeden Tieres markiert und gesammelt. Dazu wurde die Pfote oberhalb vom Vorderfußwurzelgelenk abgetrennt und anschließend tiefgekühlt gelagert. Der 3. und 4. Metakarpus-Knochen dieser Vorderpfote, der zur Untersuchung der Knochenzusammensetzung diente, wurde zu einem späteren Zeitpunkt (ca. 3-4 Wochen nach der Schlachtung) von Mitarbeiter\*innen des ITWs präpariert.

Im direkten Anschluss der Schlachtung wurden jeweils zwei Proben des Dünndarms (Jejunum, Ileum) und zwei Proben des Dickdarms (Caecum und Colon) entnommen. Die Entnahme

erfolgte an zuvor fest definierten Darmabschnitten mit Darminhalt. Die Proben wurden unmittelbar nach der Entnahme in 50 ml Falconröhrchen mit Pufferlösung (NaCl+Tween80) eingelegt und eingefroren.

## **2.3 Laboranalysen**

### *2.3.1 Futtermittel- und Kotprobenanalysen*

Alle Futterchargen sowie die drei Kotproben je Tier wurden im Labor der AG Tierernährung des ITW, nach den Methoden des VDLUFA (2012) in Doppelbestimmung analysiert.

Folgende Analysen wurden im Futter durchgeführt: Trockenmasse (TM, Methode 3.1), Rohasche (XA, Methode 8.1), Rohprotein (XP, Methode 4.1.1 nach Kjeldahl), Rohfett (XF, Methode 6.1), Neutral-Detergenzien-Faser (aNDFom, Methode 6.5.1), Säure-Detergenzien-Faser (ADFom, Methode 6.5.2), Phosphor (P, Methode 10.6.1) und Salzsäure-unlösliche Asche (HCluA, Methode 8.5). Außerdem wurde polarimetrische Stärke (Methode 7.2.1) im AGROLAB LUFA GmbH in Kiel analysiert.

Im Kot wurden Trockenmasse, XP, P und HCluA ebenfalls nach den genannten Methoden bestimmt.

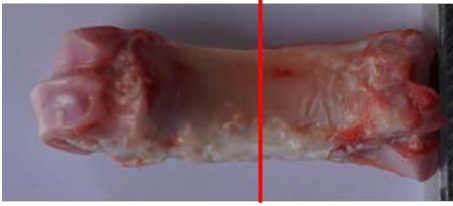
### *2.3.2 Analysen der Blut- und Speichelproben*

Die Erstellung des großen Blutbildes sowie die photometrische Bestimmung des Blutharnstoffgehaltes im Blutserum erfolgte durch das Labor Synlab Vet Lab. Die Untersuchung des Speichelcortisols wurde mittels ELISA im Saliva Lab (Trier) durchgeführt.

### *2.3.3 Analyse der Knochenproben*

Während der ersten Projektbesprechung im November 2020 wurde auf die Gefahr hingewiesen, dass eine reduzierte P-Versorgung zu Problemen mit der Fundamentstabilität der Mastschweine führen kann. Aus diesem Grund wurde der ursprüngliche Projektantrag und die darin enthaltenen Ziele um Merkmale der Knochenzusammensetzung und Dichte der Knochen erweitert. Die Sammlung der Pfoten erfolgte erst ab dem zweiten Schlachttermin und umfasste insgesamt 86 Pfoten.

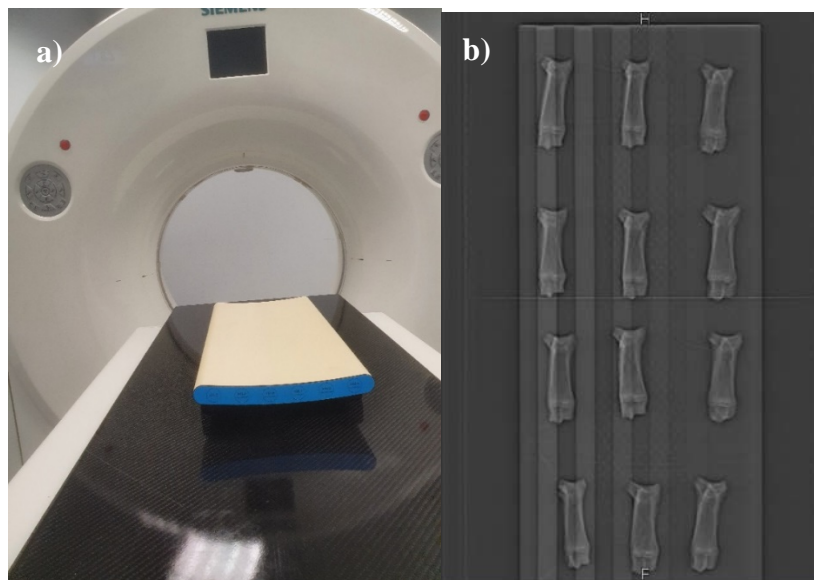
Im Labor des ITW wurden der 3. und 4. Metacarpus (Mc3 und Mc4) aus der Pfote freigelegt und möglichst alle weitere, am Knochen haftenden Gewebe manuell von der Knochenhaut entfernt (Abb. 5). Im Anschluss wurde an den beiden Knochen jeweils die Länge (cm), der Durchmesser an der dünnsten Stelle (cm) und das Gewicht (g) erfasst.



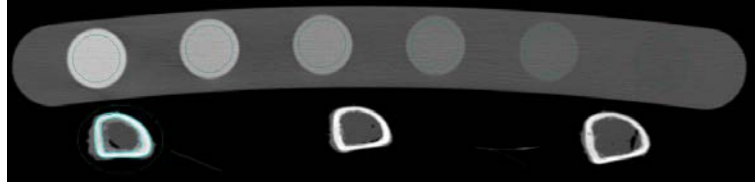
**Abbildung 5:** Freigelegter Metacarpus 4 und Messpunkt für die Erfassung des Durchmessers

Die Knocheninhaltsstoffe wurden im Labor der AG Tierernährung des ITW bestimmt. Vom Mc3 wurden zwei jeweils 1 cm dicke Scheiben zentral an der Knochenmitte entnommen. In einer dieser beiden Knochenproben wurden die Trockenmasse und der Aschegehalt bestimmt. Die Analyse von P, Calcium (Ca) und Magnesium (Mg) erfolgte aus der Asche. Die Gehalte an P wurden photometrisch (Ultrospec 2100 pro, Amershem Biosciences), die Gehalte an Ca und Mg mittels Flammen-Atomabsorptionsspektrometrie (Flammen-AAS, AAnalyst 200, PerkinElmer) und der N-Gehalt nach Kjeldahl (§64 LFGB: L06.00-7) bestimmt.

Die Knochendichtemessung wurde im Max-Rubner-Institut (Kulmbach) für den unversehrten Knochen Mc4 durchgeführt. Die Knochendichte wurde mittels Computertomographie (Abb. 6a) an einer anatomisch definierten Position mittels einer Querschnitt-Aufnahme bestimmt. In einem zu definierenden Bereich der Spongiosa wurde die mittlere Dichte in Hounsfield-Einheiten (HE) gemessen. Aufgrund der nicht-linearen Röntgenabschwächung durch die Knochen-Mineralstoffverbindungen wurden diese HE-Messwerte gegen ein Phantom (Abb. 6a und 7) kalibriert.

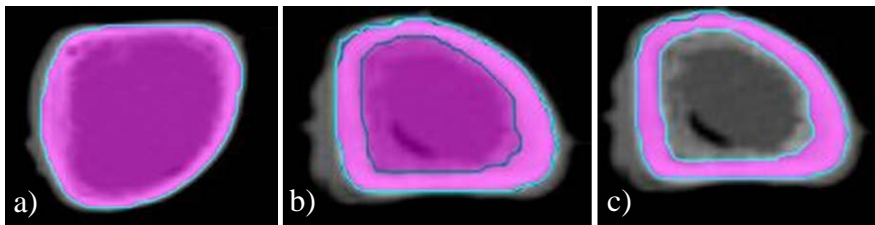


**Abbildung 6:** a) Computertomograph a) mit Phantom b) Aufnahme von zwölf Mc4-Knochen auf dem Phantom



**Abbildung 7:** Querschnitts-Aufnahme von drei Knochen auf dem Phantom im Rahmen der Computertomographie

Die Dichte wurde für den Mc4 an der mittleren Position des Knochens bestimmt. Die Vorgehensweise der Bestimmung der Knochendichte orientierte sich an einer Studie von GASSER und WILLNECKER (2019) bei Mäusen und Ratten. Dabei wurden zwischen der Gesamtfläche des Knochenquerschnitts (Abb. 8a), der Markhöhle und der Knochenhülle (Abb. 8b und c) differenziert. Die bildgebende Auswertung und Berechnung der Knochendichte erfolgte durch die Mitarbeiter des MRI.



**Abbildung 8:** Grafisch angefarbte Querschnitts-Aufnahmen des MC4 a) Gesamtfläche, b) Differenzierung zwischen Knochenhülle und Knochenmarkhöhle und c) Knochenhülle

#### 2.3.4 Untersuchung des Mikrobioms

Für die Analyse des Mikrobioms wurden aus den 103 Tieren 52 Tiere ausgewählt. Hierbei wurde die Kriterien der Versuchsgruppe, des Geschlechts und die Familienzugehörigkeit berücksichtigt. Zusätzlich wurden 5 Reservetiere ausgewählt, um Proben mit mangelhafter Qualität zu ersetzen. Die Mikrobiomuntersuchung der Darmproben wurden im Institut für Ernährung- und Lebensmittelwissenschaften, AG Ernährung und Mikrobiota, durchgeführt. Nach DNA-Extraktion und Library Preparation wurden die Proben mittels 16S rRNA-Sequenzierung beim Life & Brain GmbH (Bonn) sequenziert. Insgesamt wurden aus dem Jejunum, dem Ileum, dem Caecum und dem Colon jeweils 52 Proben, d.h. 208 Proben sequenziert.



## 2.4 Berechnung von Parametern der Mastleistung, der Futtereffizienz und der N/P-Ausscheidung

Folgende Merkmale der Mastleistung wurden nach „Richtlinien für die Leistungsprüfung in der Schweinezucht“ (BRS e.V., 2019) berechnet:

$$\text{Taglich verbrauchte Futtermenge: } ADFC(kg \times d^{-1}) = \frac{\text{Futtermverbrauch (kg)}}{\text{Anzahl der Masttage (d)}}$$

$$\text{Tagliche Zunahme: } ADG(g \times d^{-1}) = \frac{\text{gesamte Zunahme (g)}}{\text{Anzahl der Masttage (d)}}$$

$$\text{Futteraufwand je kg Zuwachs: } FCR(kg \times kg^{-1}) = \frac{\text{Futtermverbrauch (kg)}}{\text{Endgewicht (kg) - Anfangsgewicht (kg)}}$$

Die Restfutteraufnahme (RFI) wurde nach SAINTILAN et al. (2013) geschatzt. Folgende Formeln wurden dafur verwendet:

$$ADFI_{est}(g \times d^{-1}) = ADFC_{obs}(g \times d^{-1}) + ADG(g \times d^{-1}) + BFT(mm) + LMC(\%) + DP(\%) + AMW(kg^{0.60})$$

mit  $ADFI_{est}$  = geschatzte tagliche Futteraufnahme,  $ADFC_{obs}$  = beobachtete ADFC, BFT = Ruckenspeckdicke, LMC = Magerfleischanteil (nach Bonner Formel (BRS, 2019)), DP = Ausschlachtung, AMW = mittlere metabolische Korpergroe

$$RFI(kg \times d^{-1}) = ADFC_{obs}(kg \times d^{-1}) - ADFI_{est}(kg \times d^{-1})$$

Die Verdaulichkeit von N und P wurde nach ADEOLA (2000) berechnet:

$$AD(\%) = 100 - \left[ 100 \times \left( \frac{M_{Futter}(g \times kgTM^{-1}) \times C_{Kot}(g \times kgTM^{-1})}{M_{Kot}(g \times kgTM^{-1}) \times C_{Futter}(g \times kgTM^{-1})} \right) \right]$$

mit AD = scheinbare Verdaulichkeit,  $M_{Futter}$  and  $M_{Kot}$  = Konzentration des Markers (HCluA) in Futter und Kot,  $C_{Futter}$  and  $C_{Kot}$  = Nahrstoffkonzentration in Futter und Kot. Aus der Verdaulichkeit und der Nahrstoffaufnahme konnte die N/P-Ausscheidung uber den Kot errechnet werden.

Die N-Ausscheidung uber den Harn wurde nach KOHN et al. (2005) uber folgende Formel geschatzt:

$$UNE(g \times d^{-1}) = CR(l \times (d \times kg BW)^{-1}) \times BUN(g \times l^{-1}) \times BW(kg)$$

mit UNE = N-Ausscheidung über Harn, BUN = Blutharnstoff-Stickstoff, CR = Clearance Rate des Blutharnstoffs, BW = Körpergewicht des Tieres. Die tierspezifische Clearance Rate konnte aus versuchstechnischen Gründen nicht bestimmt werden. Daher wurde eine Konstante von 3,1 L nach KOHN et al. (2005) verwendet. Der Variationskoeffizient für die Schätzung der N-Ausscheidung über Harn lag bei 0,52 (KOHN et al., 2005).

## 2.5 Statistische Analyse

### 2.5.1 *Quantitativ-genetische Auswertung der Leistungsmerkmale und Nährstoffausscheidung*

Die statistische Auswertung der Parameter der Mast- und Schlachtleistung sowie der Nährstoffausscheidung erfolgte mit dem Programm R Project (R CORE TEAM, 2023) mittels eines gemischten linearen Modells (Paket lme4, BATES et al., 2015). Wiederholte Messungen je Tier wurden als zufälliger Effekt im Modell berücksichtigt. Je nach Merkmalsgruppe und Anzahl berücksichtigter Interaktionen wurden drei Auswertungsmodelle (Modell 1 bis 3) angewendet:

**Modell 1** - Merkmale, die einmalig am Ende der Leistungsprüfung erfasst wurden:

$$y_{ijklmn} = \mu + b_1(SW_{ijklmn}) + \text{Geschlecht}_j + \text{Durchgang}_k + \text{Fütterungsgruppe}_l + \text{Vater}_m + (\text{Vater} \times \text{Fütterung})_{ml} + e_{ijklmn}$$

mit  $y_{ijklmno}$  = Beobachtung des betrachteten Merkmals,  $\mu$  = gemeinsame Konstante der y-Werte, die fixen Klasseneffekte des Mastphase (Messzeitpunktes (M)) (Anzahl der Klassen = 3), des Geschlechts (G) (2), des Durchgangs (D) (4), der Fütterungsgruppe (FG) (C oder LP) (2),  $b_1(SW_{ijklmn})$  = fixe lineare Kovariable des Schlachtgewichts,  $\text{Vater}_m$  = zufälliger Effekt der KB-Eberfamilie und  $i_n$  = zufälliger Effekt des Tiers,  $e_{ijklm.}$  = Restfehler.

**Modell 2** - Merkmale, die wiederholt im Laufe der Mast erfasst wurden, mit zweifach-Interaktion „Messung  $\times$  Fütterungsgruppe“:

$$y_{ijklmn} = \mu + b_1(W_{ijklmno}) + G_j + D_k + FG_l + M_o + (M \times D)_{ok} + (M \times FG)_{ol} + (D \times FG)_{kl} + \text{Vater}_m + i_n + (\text{Vater} \times FG)_{ml} + \varepsilon_{ijklmno}$$

mit  $M_o$  = fixer Klasseneffekt des Mastphase (Messzeitpunktes (M)) (Anzahl der Klassen = 3) und  $b_1$  als lineare Kovariable für das Lebendgewicht (W) genestet mit der o<sup>th</sup> M-Klasse. Mit Modell 2 wurden vor allem Merkmale analysiert, die in den 3 verschiedenen Mastphasen wiederholt erfasst wurden.

**Modell 3** - für N/P assoziierte Merkmale, die wiederholt im Laufe der Mast erfasst wurden, mit dreifach-Interaktion „Messung  $\times$  Fütterungsgruppe  $\times$  Durchgang“:

$$y_{ijklmn} = \mu + M_i + b_{1i}(W_{ijklmn}) + G_j + D_k + T_l + (M \times D)_{ik} + (M \times FG)_{il} + (D \times FG)_{kl} \\ + (M \times D \times FG)_{ikl} + Vater_m + i_n + (Vater \times FG)_{ml} + \varepsilon_{ijklmn}$$

Alle Haupteffekte blieben in den finalen Modellen erhalten, wohingegen die Interaktionen fixer Effekte, die nicht signifikant waren, ausgeschlossen wurden.

Um den signifikanten Einfluss der fixen Effekte zu bestimmen, wurde eine ANOVA (Typ 2) mit entsprechendem F-Test durchgeführt. Die Analyse des zufälligen Effektes erfolgte mittels Likelihood Ratio Test. Außerdem wurden LSQ-Gruppenmittelwerte sowie zugehörige Kontraste für C- und LP-Fütterungsgruppen bestimmt (Paket emmeans, LENTH, 2023). Die Bedeutung des KB-Ebers für die mehrfach gemessenen Merkmale wurde anhand der Varianzkomponenten Heritabilität ( $h^2$ ) und des Interaktionsverhältnisses von KB-Eber $\times$ Fütterung ( $gi^2$ ) quantifiziert. Bei einfach gemessenen Merkmalen entfällt bei der Berechnung der phänotypischen Varianz die Varianzkomponente Tier. Unter Berücksichtigung der Vollgeschwisterstruktur des Datensatzes wurden die Verhältnisse der Varianzkomponenten folgendermaßen berechnet:

$$\text{Heritabilität: } h^2 = \frac{2\sigma_{Vater}^2}{\sigma_p^2} \text{ (nach FALCONER und MACKAY, 2009)}$$

mit  $\sigma_{Vater}^2$  = Varianz KB-Eber,  $\sigma_p^2$  = phänotypische Varianz =  $(\sigma_{Vater}^2 + \sigma_{Vater \times FG}^2 + \sigma_i^2 + \sigma_e^2)$  (für einmalig gemessene Merkmale ohne  $\sigma_i^2$ ),  $\sigma_{Vater \times FG}^2$  = Varianz von KB-Eber $\times$ Fütterungsgruppe,  $\sigma_i^2$  = Varianz des Tieres,  $\sigma_e^2$  = Varianz des Restfehlers. Diese Formel nach FALCONER und MACKAY (2009) reflektiert die Vollgeschwister-Struktur des Datensatzes. Mögliche GUI wurden durch die Varianz von KB-Eber $\times$ Fütterungsgruppe quantifiziert.

$$\text{Interaktion KB-Eber}\times\text{Fütterungsgruppe: } gi^2 = \frac{\sigma_{Vater \times FG}^2}{\sigma_p^2}$$

mit  $\sigma_{Vater \times FG}^2$  = Varianz von KB-Eber $\times$ Fütterungsgruppe,  $\sigma_p^2$  = phänotypische Varianz =  $(\sigma_{Vater}^2 + \sigma_{Vater \times FG}^2 + \sigma_i^2 + \sigma_e^2)$  (für einmalig gemessene Merkmale ohne  $\sigma_i^2$ ),  $\sigma_{Vater}^2$  = Varianz KB-Eber,  $\sigma_i^2$  = Varianz des Tieres,  $\sigma_e^2$  = Varianz des Restfehlers.

### 2.5.2 Auswertung der Gesundheits- und Knochenmerkmale

Auswertungen der Merkmale der Gesundheitsparameter und des Tierverhaltens erfolgten mittels einer deskriptiven Statistik. Die Merkmale der Zusammensetzung des Knochens und der Knochendichte wurden mit dem Modell 1 untersucht. Auf Berechnungen der Erblichkeit und der Effekte der GUI wurde auf Grund des vergleichsweise geringen Datenumfanges verzichtet.

### 2.5.3 Darm-Mikrobiom

Die Charakterisierung der mikrobiellen Gemeinschaft basierte auf 16S Daten und wurde mittels DADA2 in QIIME2 (Version 2022.8, BOLYEN et al., 2019) aufbereitet. Die Daten wurden auf ihre Qualität geprüft und entsprechend gefiltert (Trimmen von Basen, welche bestimmte Qualitätsgrenzen unterschreiten, Entfernung von kurzen Reads und Chimären). Für die weitere statistische Analyse wurde das phyloseq-Paket in RStudio verwendet (MCMURDIE und HOLMES, 2013). Die relative Häufigkeit der häufigsten Phyla, Familien und Genera wurde sowohl über alle Proben als auch innerhalb der einzelnen Darmabschnitten bestimmt. Zusätzlich wurde die Alpha-Diversität (Artenvielfalt innerhalb einer Probe: Observerd richness und Shannon) bestimmt und Faktoren, die einen Effekt auf die Alpha-Diversität haben könnten, wurden geprüft. Hierzu wurde folgendes linear gemischte Auswertungsmodell (Modell 4) angewandt (R-Paket lme4, BATES et al., 2015).

**Modell 4** – für die Auswertung der Alpha Diversität des Mikrobioms:

$$y_{ijklmno} = \mu + b_i(W_{ijklmn}) + O_j + G_k + D_l + FG_m + s_n + i_o + (s \times FG)_{nm} + e_{ijklmno}$$

mit  $y_{ijklmno}$  = Alpha-Diversität,  $\mu$  = gemeinsame Konstante der y-Werte,  $W_{ijklmn}$  = fixe lineare Covariate des Mastendgewichts,  $O_j$ ,  $G_k$ ,  $D_l$ ,  $FG_m$  = fixe Klasseneffekte der Probenherkunft (Anzahl der Klassen = 4), des Geschlechts (2), des Durchgangs (4), der Fütterungsgruppe (2),  $s_n$  = zufälliger Effekt der KB-Eber-Familie,  $i_o$  = zufälliger Effekt des Wirtes und  $e_{ijklmno}$  = Effekt des Restfehlers.

Die weitere Auswertung zur Berechnung der Signifikanz der Modellfaktoren und der Bestimmung der  $h^2$  sind dem Abschnitt 2.5.1 (Seite 17) zu entnehmen. Die Einflussfaktoren der Alpha-Diversität wurden über alle Proben hinweg und innerhalb der einzelnen Darmabschnitte bestimmt. Die Ähnlichkeit der mikrobiellen Gemeinschaft zwischen den Proben wurde mittels der „Beta-Diversitäts-Indices Bray-Curtis Dissimilarity“ (BRAY und CURTIS, 1957) und der „(Weighted) Unique Fraction Metric (UniFrac)“ (LOZUPONE und KNIGHT, 2005) bestimmt. Der Algorithmus „Weighted UniFrac“ bezieht im Gegensatz zum erstgenannten Test die phylogenetischen Informationen mit ein. Im Rahmen dessen wurden mittels Principal Coordinates Analysis (PcoA) Distanzen insbesondere zwischen Tieren der beiden Fütterungsgruppen errechnet und graphisch dargestellt. Zusätzlich wurde eine PerMANOVA mit 999 Permutationen durchgeführt, um den Einfluss von Modelleffekten wie Mastendgewicht, Geschlecht, Durchgang, Gruppe, Fütterungsgruppe  $\times$  Durchgang und Probenherkunft zu bestimmen (R-Paket vegan, OKSANEN et al., 2022). Die PerMANOVA

wurde zunächst über alle Proben, dann für die einzelnen Darmabschnitte und auch für die einzelnen Durchgänge durchgeführt.

*Schätzung der Varianzkomponenten und Mikrobiom-weite Assoziationsanalyse (MWAS):*

Die Auswertung fand für jeden Darmabschnitt einzeln statt. Zur Charakterisierung des Einflusses der mikrobiellen Gemeinschaft auf die Mastleistung, die Futtereffizienz und Nährstoffausscheidung wurden Varianzkomponenten geschätzt (nach ALIAKBARI et al., 2022). Grundlage hierfür war das folgende, in Matrixschreibweise dargestellte univariate Modell 5:

**Modell 5** – für Merkmale der Nährstoffnutzungseffizienz unter Berücksichtigung des Mikrobioms:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + e$$

mit  $y$  = Vektor der Beobachtungen betrachteter Merkmale,  $X$ ,  $Z_1$  and  $Z_2$  = Design-Matrizen für  $b$ ,  $a$  und  $m$ .  $b$  = Vektor der fixen Effekte,  $a$  = Vektor der zufälligen Zuchtwerte (zufälliger Effekt des KB-Ebers),  $m$  = Vektor der zufälligen tierindividuellen mikrobiellen Werte und  $e$  = Vektor des zufälligen Restfehlers, mit den Verteilungen  $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$ ,  $m \sim N(0, M\sigma_m^2)$  und  $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$  ( $\sigma_a^2$  = genotypische Varianz,  $\sigma_m^2$  = mikrobielle Varianz,  $\sigma_e^2$  = Restfehlervarianz).  $I$  repräsentiert dabei die Einheitsmatrix. Basierend auf der paternalen Herkunft, steht  $A$  für die Pedigree-Matrix der Wirte (Mastschweine), während  $M$  die mikrobielle Verwandtschaftsmatrix darstellt. Diese sah folgendermaßen aus:

Mikrobielle Verwandtschaftsmatrix:  $M = \frac{Z_3 \times Z_3'}{k}$

mit  $k$  = Anzahl der Amplicon-Sequenz-Varianten (ASV) und  $Z_3$  = Matrix mit Dimension  $n \times k$  ( $n$  = Anzahl der Wirte,  $k$  = Anzahl der ASVs).  $Z_3$  repräsentiert dabei die standardisierten individuellen Häufigkeiten eines jeden ASVs  $j$  für jeden Wirt (=  $z_{3ij}$ ), die wie folgt berechnet werden:

$$\text{Standardisierte individuelle Häufigkeiten eines jeden ASVs } j: z_{3ij} = \frac{\log(P_{ij}) - \overline{\log(P_{ij})}_j}{sd(\log(P_{ij}))_j}$$

mit  $P_{ij}$  = relative Häufigkeit von ASV  $j$  für Wirt  $i$ .

Als fixer Effekt wurde eine Kombination aus Geschlecht, Fütterung und Durchgang gewählt (ALIAKBARI et al., 2022). Die zufälligen Effekte des oben beschriebenen Modells wurden durch Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) (R-Paket sommer, COVARRUBIAS-PAZARAN, 2016) geschätzt.

Die Heritabilität ( $h^2$ ) wurde analog zu Abschnitt 2.5.1 (Seite 17) folgendermaßen geschätzt:

$$h^2 = \frac{2\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_m^2 + \sigma_e^2}$$

Die sog: Mikrobiability (= Anteil der mikrobiellen an der phänotypischen Varianz) ( $m^2$ ) wurde folgendermaßen geschätzt:

$$\text{Mikrobiability: } m^2 = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_g^2 + \sigma_m^2 + \sigma_e^2}$$

mit  $\sigma_g^2$ =genotypische Varianz,  $\sigma_m^2$ =mikrobielle Varianz,  $\sigma_e^2$  = Restfehlervarianz.

Zusätzlich zu  $m^2$  wurde der Vorhersagewert (Predicted Value) einer jeden ASVs auf Mastleistungsmerkmale, Futtereffizienz und Nährstoffausscheidung geschätzt. Dazu wurde die Methode der back-solving BLUP solutions gewählt (ALIAKBARI et al., 2022), die durch folgende Gleichung repräsentiert wird:

$$\text{Vorhersagewert eines jeden ASVs: } \widehat{ASV} = \frac{1}{k} \times Z_3' \times M^{-1} \times \widehat{m}$$

mit  $\widehat{m}$  = vorhergesagter mikrobieller Wert von Modell 5 sowie  $k$ ,  $Z_3$  und  $M$  wie oben beschrieben.

Um eine Signifikanz- bzw. Genauigkeitsaussage eines jeden ASV-Vorhersagewertes zu erhalten, ist es notwendig als statistische Prüfgröße einer Chi-Quadrat Prüf-Wahrscheinlichkeitsverteilung einen sog. Z-Score zu berechnen. Dieser wurde wie folgt nach ALIAKBARI et al. (2022) berechnet:

$$Z - Score_j = \frac{\widehat{ASV}_j}{\sqrt{\text{var}(\widehat{ASV}_j)}}$$

$$\text{mit } \text{var}(\widehat{ASV}) = \frac{1}{k} \times Z_3' \times M^{-1} \times \text{var}(\widehat{m}) \times M^{-1} \times Z_3 \times \frac{1}{k}$$

wobei  $\text{var}(\widehat{ASV})$  = Varianz der ASV Schätzer sowie  $k$ ,  $Z_3$ ,  $M$  und  $\widehat{m}$  wie oben beschrieben.

Mit Hilfe der Z-Scores eines jeden ASVs wurden die entsprechenden Irrtumswahrscheinlichkeiten (p-Werte) zur Überprüfung der Hypothese, ob der ASV-Vorhersagewert von 0 abweicht über den Chi-Quadrat-Test bestimmt. Um den beta-Fehler und somit das Problem des multiplen Testens zu berücksichtigen, wurde die Signifikanzschwelle für die MWAS angepasst. Hierzu wurde eine Hauptkomponentenanalyse auf die Korrelationsmatrix der ASVs ( $Z_3'Z_3$ ) für jeden Darmabschnitt angewandt (ALIAKBARI et al.,

2022). Die Ergebnisse zeigten, dass 47, 46, 50 bzw. 50 Eigenwerte 99,5% der Varianz in der Korrelationsmatrix von Jejunum, Ileum, Caecum, und Colon erklärten. Dies führte zu einer Signifikanzgrenze bei einer 5 %igen Fehlerrate von  $-\log_{10}(0.05/x)$  und bei einer 10 %igen Fehlerrate (Trend) von  $-\log_{10}(0.10/x)$  (mit  $x$ =Anzahl Eigenwerte, die 99,5% der Varianz erklären).

### 3 Ergebnisse und Diskussion

Eine N/P-reduzierte Fütterung von Mastschweinen hat in den vergangenen Jahren stark an Bedeutung gewonnen. Die Ursache ist vor allem in den Vorgaben der neuen Düngeverordnung, dem damit verbundenen Ressourcenschutz sowie steigenden Futterkosten zu sehen.

In einer Reihe von Fütterungsversuchen mit unterschiedlichen N/P-Gehalten wurden die Konsequenzen auf die Leistung und die Reduktion an N/P-Ausscheidung in Tiergruppen untersucht (u.a. CARPENTER et al., 2004; RUIZ-ASCACIBAR et al., 2017; STALLJOHANN et al., 2019). Unterschiede zwischen verschiedenen Schweinerassen oder Schweineherkünften deuten darauf hin, dass Effizienzmerkmale bzw. die Anpassungsfähigkeit an eine N/P-reduzierte Versorgung auch genetische Ursachen haben (SHIRALI et al., 2012; SAINTILAN et al., 2013; KASPER et al., 2020). Darüber hinaus konnten genetische Unterschiede nicht nur zwischen Rassen, sondern auch zwischen Tieren der gleichen Rasse (RUIZ-ASCACIBAR et al., 2017) beobachtet werden. Hieraus ergibt sich die Frage, ob es möglich ist, Tiere zu züchten, die N und P möglichst effizient verwerten können. Darüber hinaus ist die Frage zu beantworten, ob sogenannter GUI (im vorliegenden Projekt Genotyp  $\times$  Fütterungsgruppe) existieren, die bei der Auswahl von geeigneten Schweinelinien bei variablem N/P-Gehalt in Futterrationen von Bedeutung sind. Diese könnten dabei helfen besonders robuste Individuen zu identifizieren. Die Untersuchungen von BRANDT et al. (2010) und QUANDER-STOLL et al. (2021) zeigen, dass solche genetischen Effekte mit hoher Wahrscheinlichkeit von praktischer Relevanz sind.

#### 3.1 Futtermittelzusammensetzung

Die Zusammensetzung der Futtermittel folgte den Empfehlungen der DLG (2019) zur stark und sehr stark N/P-reduzierten Fütterung. Laut der Deklaration des Futtermittelherstellers erfüllten die eingesetzten Futtermittel die Empfehlungen der DLG und damit die geplanten Unterschiede zwischen den C- und LP-Gruppen im Niveau der N/P-Versorgung. Es ist wichtig darauf hinzuweisen, dass das vorliegende Projekt hinsichtlich des Einsatzes der Futterrationen unter praktischen landwirtschaftlichen Bedingungen durchgeführt wurde. Bei der Analyse der Futtermittel (Tab. 2) wurde festgestellt, dass je nach Lieferung und Durchgang die Gehalte an XP zwischen 151 g/kg TM und 188 g/kg TM und an P zwischen 3,0 g/kg TM und 5,7 g/kg TM variierten. Mit diesen Werten wurden die relativen Toleranzbereiche der Deklarationsangaben mit  $\pm 12,5\%$  für XP und  $\pm 3$  g/kg (abs.) für P eingehalten (EUROPÄISCHE KOMMISSION, 2017). Als Konsequenz der Abweichungen von der Deklaration konnte jedoch die geplante Reduktion an N/P in der LP-Gruppe nur in der Vormast und Mittelmast durchgehend umgesetzt werden, allerdings nicht in der Endmast. Tabelle 2 informiert im Detail über die geplanten und realisierten Unterschiede zwischen den Gruppen C und LP.



### 3.2 Auswirkungen der N/P-Reduktion im Futter auf die Mast- und Schlachtleistung der Mastschweine

Die Auswertung der Mast- und Schlachtleistungsmerkmale, welche nur einmalig erhoben wurden, erfolgte auf Grundlage des Modells 1. Mastleistungsmerkmale, die innerhalb jeder Mastphase erfasst werden konnten, wurden mittels Modell 2, welches die wiederholte Messung berücksichtigte, ausgewertet.

#### 3.2.1 Mastleistungsmerkmale

In Tab. 4 sind die signifikanten Effekte der Faktoren Mastphase, Durchgang, Geschlecht, Mastphase  $\times$  Durchgang und das Lebendgewicht auf die erfassten Mastleistungsmerkmale dargestellt. Die Berücksichtigung weitere Haupteffekte und (höhergradiger) Interaktionseffekte innerhalb der Modelle 1 und 2 zeigten keinen signifikanten Einfluss.

Mit Ausnahme des Merkmals ADG, für das eine signifikante Interaktion Fütterungsgruppe (FG) $\times$ Mastphase beobachtet wurde, konnte für kein weiteres Mast- und Schlachtleistungsmerkmal ein Einfluss der Fütterungsgruppe festgestellt werden. Die Reduktion des N/P-Gehalts im Futter hatte demnach auch Einfluss auf die im Fokus des Projektes stehenden Effizienzmerkmale FCR und RFI. Dieses Ergebnis lässt sich durch die nur vergleichsweise geringen Unterschiede über alle Durchgänge zwischen den C- und LP-Futtermittelrationen begründen.

In der Tab. 5 sind die Ergebnisse der LSQ-Mittelwerte für die Fütterungsgruppen und innerhalb der Mastabschnitte aufgeführt. Wie bereits oben erwähnt, war nur für das Merkmal ADG die Interaktion FG  $\times$  Mastphase signifikant. Bei diesem Merkmal war ein statistisch relevanter Unterschied zwischen den Fütterungsgruppen in der Mittelmast festzustellen mit einer Überlegenheit der C- gegenüber der LP-Gruppe von +52 g/Tag. In den übrigen Mastphasen waren diese Unterschiede nicht signifikant und wiesen in der Endmast sogar ein umgekehrtes Vorzeichen (-34 g/Tag) auf.

Der Faktor Durchgang beeinflusste signifikant die Merkmale RFI und ADFC. Darüber hinaus war der Interaktionseffekt Durchgang  $\times$  Mastphase signifikant für die Merkmale ADFC, ADG und FCR (Tab. 4). Veränderte Umweltbedingungen könnten als Erklärung dieser Effekte herangezogen werden. Durchgang 1 und 4 fanden im Sommer, Durchgang 2 im Winter und Durchgang 3 im Winter und Frühling statt. Saisonale Effekte beeinflussen insbesondere Mastmerkmale, wobei die Bedeutung innerhalb der Mastphasen unterschiedlich sein kann. Die Relevanz dieser Interaktionen spiegelt sich in den zum Teil signifikanten und nicht konsistenten Differenzen zwischen den LSQ-Mittelwerten der Durchgänge innerhalb der Mastphasen wider (Tab. 6).

Bezüglich der weiteren Modellfaktoren hatte das Geschlecht erwartungsgemäß einen signifikanten Einfluss auf ADG, FCR und auf das Mastendgewicht. Unabhängig von der Fütterungsgruppe wiesen männliche Schweine ein signifikant höheres ADG, ein verbessertes FCR und ein höheres Mastendgewicht auf.

Die hier beobachteten Ergebnisse bezüglich des Einflusses einer reduzierten N/P-Versorgung auf die Merkmale der Mastleistung entsprechen den Werten, die in der Literatur beschrieben werden (RUIZ-ASCACIBAR et al., 2017; STALLJOHANN et al., 2019). Grundsätzlich zeigen die LSMMeans, dass der Faktor Fütterungsgruppe keinen Einfluss auf die vorliegenden Mastmerkmale hatte. Diese Ergebnisse entsprechen dem zugrundeliegenden Versuchsdesign mit der Hypothese, dass auch die Tiere in der LP-Gruppe zumindest bedarfsdeckend mit XP und P versorgt wurden (GfE, 2008) An dieser Stelle ist nochmals darauf hinzuweisen, der XP-Gehalt in der LP-Gruppe reduziert wurde, während die Versorgung mit essentiellen Aminosäuren in beiden Fütterungsgruppen gleich war.

Auch bei der Betrachtung von P wurden keine Einschränkungen des Wachstums der Tiere erwartet. Ein nationaler Ringtest in Deutschland zeigte, dass eine deutlich stärkere P-Reduktion in der Endmastphase zu keinerlei Beeinträchtigungen des Wachstums und des Tierwohls führt (KRIEG et al., 2023).

**Tabelle 4:** Einfluss von Mastphase, Gewicht, Geschlecht, Durchgang, Fütterung, Mastphase×Fütterung, Mastphase×Durchgang, Durchgang×Fütterung auf Merkmale der Mastleistung

	Modell	M	G	D	FG	b(W)	M×FG	M×D	D×FG	MSE	CV
ADFC	2	<0,001	0,307	<b>0,024</b>	0,466	<0,001	0,456	<0,001	0,608	0,030	0,075
ADG	2	<0,001	<0,001	0,099	0,358	0,357	<b>0,033</b>	<0,001	0,374	0,009	0,109
FCR	2	<0,001	<0,001	0,149	0,276	0,148	0,132	<0,001	0,180	0,081	0,118
FFW	1*		<0,001	0,924	0,746				0,435	38,878	0,056
RFI	1		0,762	<b>0,002</b>	0,571	0,480			0,110	0,011	0,000

M = Mastphase, b = Regressionskoeffizient Gewicht (Lebend- oder Schlachtgewicht), G = Geschlecht, D = Durchgang, FG = Fütterung, MSE = mean squared error, CV = Variationskoeffizient, ADFC = mittlerer täglicher Futterverbrauch, ADG = mittlere tägliche Zunahme, FCR = Futteraufwand, FFW = Mastendgewicht, RFI = Restfutteraufnahme, \*Modell 1 ohne lineare Covariate Gewicht.

**Tabelle 5:** LSQ-Mittelwerte (±Standardfehler) für die C- und LP-Gruppe für verschiedene Mastphasen für Merkmale der Mastleistung

	Vormast (30 - 60 kg Lebendmasse)		Mittelmast (60 - 90 kg Lebendmasse)		Endmast (90 - 115 kg Lebendmasse)	
	C	LP	C	LP	C	LP
ADFC (kg/d)	1,78±0,03 <sup>a</sup>	1,79±0,03 <sup>a</sup>	2,32±0,03 <sup>a</sup>	2,28±0,04 <sup>a</sup>	2,85±0,04 <sup>a</sup>	2,79±0,05 <sup>a</sup>
ADG (g/d)	816±15 <sup>a</sup>	810±15 <sup>a</sup>	<b>964±17<sup>a</sup></b>	<b>912±17<sup>b</sup></b>	910±18 <sup>a</sup>	944±17 <sup>a</sup>
FCR (kg/kg Zuwachs)	2,19±0,044 <sup>a</sup>	2,24±0,04 <sup>a</sup>	2,42±0,05 <sup>a</sup>	2,55±0,05 <sup>a</sup>	3,15±0,07 <sup>a</sup>	3,10±0,07 <sup>a</sup>
	<b>Gesamtmast (30 - 115 kg Lebendmasse)</b>					
FFW (kg)	112,08±1,11 <sup>a</sup>	112,12±1,09 <sup>a</sup>				
RFI (kg/d)	0,00±0,02 <sup>a</sup>	0,01±0,02 <sup>a</sup>				

C = Kontrollgruppe, LP = Versuchsgruppe, ADFC = mittlerer täglicher Futterverbrauch, ADG = mittlere tägliche Zunahme, FCR = Futteraufwand, FFW = Mastendgewicht, RFI = Restfutteraufnahme, unterschiedliche Buchstaben kennzeichnen statistisch signifikante Differenzen (p≤0.05) innerhalb einer Mastphase

**Tabelle 6:** LSQ-Mittelwerte (±Standardfehler) für einzelne Durchgänge für verschiedene Mastphasen für Merkmale der Mastleistung

	Vomast (30 - 60 kg Lebendmasse)				Mittelmast (60 - 90 kg Lebendmasse)				Endmast (90 - 115 kg Lebendmasse)			
	D1	D2	D3	D4	D1	D2	D3	D4	D1	D2	D3	D4
ADFC (kg/d)	<b>1,59</b>	<b>1,89</b>	<b>1,70</b>	<b>1,95</b>	2,19	2,33	2,38	2,30	<b>3,03</b>	<b>2,65</b>	<b>2,61</b>	<b>2,99</b>
	±0,05 <sup>a</sup>	±0,04 <sup>b</sup>	±0,03 <sup>a</sup>	±0,04 <sup>b</sup>	±0,06 <sup>a</sup>	±0,05 <sup>a</sup>	±0,04 <sup>a</sup>	±0,06 <sup>a</sup>	±0,07 <sup>a</sup>	±0,57 <sup>b</sup>	±0,05 <sup>b</sup>	±0,08 <sup>a</sup>
ADG (g/d)	<b>716</b>	<b>864</b>	<b>816</b>	<b>856</b>	<b>867</b>	<b>956</b>	<b>1028</b>	<b>902</b>	<b>1088</b>	<b>822</b>	<b>812</b>	<b>985</b>
	±27 <sup>a</sup>	±23 <sup>b</sup>	±21 <sup>b</sup>	±26 <sup>b</sup>	±30 <sup>a</sup>	±24 <sup>ab</sup>	±21 <sup>b</sup>	±29 <sup>a</sup>	±30 <sup>a</sup>	±24 <sup>b</sup>	±20 <sup>b</sup>	±29 <sup>a</sup>
FCR (kg/kg gain)	2,25	2,21	2,10	2,31	2,55	2,49	2,33	2,57	2,81	3,25	3,25	3,20
	±0,07 <sup>a</sup>	±0,06 <sup>a</sup>	±0,06 <sup>a</sup>	±0,07 <sup>a</sup>	±0,08 <sup>a</sup>	±0,07 <sup>a</sup>	±0,06 <sup>a</sup>	±0,08 <sup>a</sup>	±0,14 <sup>a</sup>	±0,11 <sup>a</sup>	±0,10 <sup>a</sup>	±0,14 <sup>a</sup>

D = Durchgang; ADFC = mittlerer täglicher Futterverbrauch, ADG = mittlere tägliche Zunahme, FCR = Futteraufwand je kg Produkt, FFW = Mastendgewicht, RFI = Restfutteraufnahme, unterschiedliche Buchstaben kennzeichnen statistisch signifikante Differenzen (p≤0.05) zwischen Durchgängen innerhalb einer Mastphase.

### 3.2.2 Merkmale der Schlachtleistung und Fleischbeschaffenheit

Die Auswertung der Schlachtleistung und der Fleischbeschaffenheitsmerkmale zeigte, dass nur wenige Merkmale durch den Faktor der Fütterungsgruppe beeinflusst wurden (Tab. 7 und 8). Dies war zu erwarten, da, vergleichbar mit den Ergebnissen der Mastleistung, die Versorgung der Tiere mit XP und P zumindest bedarfsdeckend war (GFE, 2008). Eine signifikante zweifache Interaktion wurde bei keinem Merkmal der Schlachtleistung festgestellt.

**Tabelle 7:** Einfluss von Gewicht, Geschlecht, Durchgang, Fütterung auf die Merkmale der Schlachtleistung und Fleischqualität

	Modell	b	G	D	FG	MSE	CV
Schlachtgewicht	1*		0,058	0,900	0,870	27,652	0,059
Ausschlachtung	1	<b>0,009</b>	<b>&lt;0,001</b>	0,926	0,853	0,559	0,009
Magerfleischanteil	1	<b>&lt;0,001</b>	<b>0,004</b>	0,373	0,648	1,878	0,023
Rückenspeckdicke	1	<b>&lt;0,001</b>	<b>0,007</b>	<b>0,016</b>	0,900	0,029	0,142
pH1 (Kotelett)	1	0,104	<b>0,001</b>	0,222	0,544	0,028	0,027
pH24 (Kotelett)	1	0,214	0,137	<b>0,006</b>	0,529	0,006	0,015
Fleischhelligkeit	1	0,654	0,056	<b>0,005</b>	0,310	29,589	0,080
Tropfsaftverlust	1	0,697	<b>0,002</b>	<b>0,047</b>	0,730	1,225	0,419
IMF	1	0,793	<b>&lt;0,001</b>	0,456	0,371	0,043	0,169
PUFA	1	0,322	<b>&lt;0,001</b>	<b>0,003</b>	<b>0,007</b>	1,814	0,079
MUFA	1	0,527	<b>&lt;0,001</b>	<b>&lt;0,001</b>	0,153	237,152	0,311
SFA	1	<b>0,014</b>	0,503	0,063	<b>0,025</b>	1,303	0,033

b = Regressionskoeffizient Gewicht, G = Geschlecht, D = Durchgang, FG = Fütterung, MSE = mean squared error, CV = Variationskoeffizient, IMF = intramuskulärer Fettgehalt, PUFA = mehrfach ungesättigte Fettsäuren, MUFA = einfach ungesättigte Fettsäuren, SFA = gesättigte Fettsäuren, \*Modell 1 ohne lineare Kovariate Gewicht.

**Tabelle 8:** LSQ-Mittelwerte ( $\pm$ Standardfehler) für die C- und LP-Gruppe für verschiedene Mastphasen für Merkmale der Schlachtleistung und Fleischqualität

	C	LP
Schlachtgewicht (kg)	89,43 $\pm$ 0,90 <sup>a</sup>	89,21 $\pm$ 0,88 <sup>a</sup>
Ausschlachtung (%)	79,69 $\pm$ 0,16 <sup>a</sup>	79,73 $\pm$ 0,16 <sup>a</sup>
Magerfleischanteil (%)	59,67 $\pm$ 0,32 <sup>a</sup>	59,51 $\pm$ 0,33 <sup>a</sup>
Rückenspeckdicke (cm)	1,21 $\pm$ 0,04 <sup>a</sup>	1,20 $\pm$ 0,04 <sup>a</sup>
pH1 (Kotelett)	6,34 $\pm$ 0,03 <sup>a</sup>	6,37 $\pm$ 0,03 <sup>a</sup>
pH24 (Kotelett)	5,41 $\pm$ 0,02 <sup>a</sup>	5,40 $\pm$ 0,02 <sup>a</sup>
Fleischhelligkeit	69,05 $\pm$ 1,11 <sup>a</sup>	67,70 $\pm$ 1,12 <sup>a</sup>
Ausschlachtung (%)	2,68 $\pm$ 0,23 <sup>a</sup>	2,78 $\pm$ 0,24 <sup>a</sup>
IMF (%)	1,26 $\pm$ 0,06 <sup>a</sup>	1,20 $\pm$ 0,06 <sup>a</sup>
PUFA (%)	<b>17,44<math>\pm</math>0,35<sup>a</sup></b>	<b>16,44<math>\pm</math>0,35<sup>b</sup></b>
MUFA (%)	46,43 $\pm$ 2,93 <sup>a</sup>	51,20 $\pm$ 2,95 <sup>a</sup>
SFA (%)	<b>34,37<math>\pm</math>0,26<sup>a</sup></b>	<b>35,37<math>\pm</math>0,26<sup>b</sup></b>

C = Kontrollgruppe, LP = Versuchsgruppe, IMF = intramuskulärer Fettgehalt, PUFA = mehrfach ungesättigte Fettsäuren, MUFA = einfach ungesättigte Fettsäuren, SFA = gesättigte Fettsäuren.

Einen Einfluss der N/P-Reduktion konnte auf das Fettsäuremuster im Fleisch beobachtet werden (Tab. 7). Unter der N/P-Reduktion kam es zu einer Verschiebung von mehrfach-ungesättigten (PUFA) zu gesättigten (SFA) Fettsäuren (Tab. 8). Dies kann als leichte Verbesserung technologischen Fleischeigenschaften, vor allem bei männlich-unkastrierten Mastschweinen betrachtet werden; je mehr gesättigte Fettsäuren sich in den Produkten befinden, desto besser können Fett und Fleisch verarbeitet werden (ROSENVOLD und ANDERSEN, 2003).

Die Veränderung im Fettsäuremuster des Fleisches könnte aus der Veränderung des Fettsäuremusters im Futter resultieren. Bei monogastrischen Tieren werden die im Futter befindlichen Fettsäuremuster im gleichen Verhältnis in die Körpergewebe umgesetzt, außer diese werden als Energiequellen in Stoffwechselprozessen verbraucht (MATTHES et al., 2014; NÜRNBERG et al., 1998).

Einen weiteren Einfluss hatte erwartungsgemäß das Geschlecht insbesondere auf die Ausprägung der Merkmale der Schlachtkörperzusammensetzung. Dazu zählten die Merkmale Ausschlagung, Magerfleischanteil, Rückenspeckdicke, Tropfsaftverlust, IMF sowie PUFA und MUFA (Tab. 7). Unterschiede zwischen unkastrierten Ebern und Sauen lassen sich in diesen Merkmalen durch den Einfluss der Sexualhormone auf eine Vielzahl an physiologischen Prozessen zurückführen (NÜRNBERG und ENDER, 1989; NÜRNBERG et al., 1998).

Ähnlich wie bei den Merkmalen der Mastleistung, lassen sich die Unterschiede zwischen den Durchgängen mit Hilfe von saisonalen Bedingungen während der Durchgänge erklären. Dies bestätigt damit Studien von CASTELL und FALK (1980) sowie NÜRNBERG et al. (1998).

### **3.3 Merkmale der Nährstoffnutzungseffizienz**

Die N/P-Nutzungseffizienz ist abhängig von der N/P-Aufnahme ( $N_{in}$  und  $P_{in}$ ), der Verdaulichkeit (AD) und der N/P-Ausscheidung. Die tierindividuelle Erfassung der aufgenommenen und ausgeschiedenen Menge an N/P gehören nicht zu den Merkmalen, die innerhalb einer Leistungsprüfung standardmäßig erfasst werden (BRS e.V., 2019). In unserer Studie wurden die N/P-Ausscheidungen ( $N_{ex}$  und  $P_{ex}$ ) in jeder Mastphase mit Hilfe des tierindividuell erfassten Futteraufwandes (ADFC) sowie der Konzentration des unverdaulichen Markers im Futter und im Kot (siehe Abschnitt 2.3.1, Seite 13) berechnet. Die N-Ausscheidung der Tiere über den Harn (UNE) konnte aus versuchstechnischen Gründen nicht direkt über die Analyse des Harns bestimmt werden. Hierfür verantwortlich sind der hohe technische Aufwand und die Vorgabe, dass der Versuch möglichst an die landwirtschaftliche Praxis angelehnt durchgeführt werden sollte. Aus diesem Grund wurden die N-Ausscheidungen im Harn (UNE) indirekt auf Grundlage der Blutharnstoffkonzentration nach Kohn et al. (2002) geschätzt.

Die Auswertung der Merkmale der Nährstoffnutzungseffizienz wurde mit Model 3 durchgeführt, welches neben den relevanten fixen und zufälligen Effekten aus Modell 2 auch

die Dreifach-Interaktion aus Mastphase×Durchgang×Fütterungsgruppe (M×D×FG) berücksichtigte. Diese wies einen signifikanten Einfluss auf alle sieben Merkmale auf (Tab. 9). Darüber hinaus waren von wenigen Ausnahmen abgesehen die Haupteffekte Mastphase (M), Durchgang (D) sowie die 2-fach Interaktionen Mastphase × Durchgang (Ausnahme UNE) sowie Mastphase × Geschlecht (Ausnahme UNE) signifikant. Ein genereller Effekt für die FG war bei den Merkmalen AD(N), AD(P) und P<sub>in</sub> und beim Faktor Geschlecht für UNE signifikant nachweisbar. Ein solcher Einfluss war auch bei der Zweifach-Interaktion Durchgang×FG für AD(P) und P<sub>ex</sub> erkennbar.

**Tabelle 9:** Einfluss von Mastphase, Gewicht, Geschlecht, Durchgang, Mastphase×Fütterung, Mastphase×Durchgang, Durchgang×Fütterung auf Verdaulichkeit, N/P-Aufnahme, N/P-Ausscheidung mit dem Kot und N-Ausscheidung mit dem Harn

	Modell	M	G	D	FG	b(W)	M×D	M×FG	D×FG	M×D×FG	MSE	CV
AD(N)	3	<0,001	0,351	<0,001	0,020	0,818	<0,001	<0,001	0,226	0,001	7,324	0,036
AD(P)	3	0,683	0,267	<0,001	0,015	0,463	<0,001	<0,001	0,006	<0,001	27,825	0,110
N <sub>in</sub>	3	<0,001	0,665	<0,001	0,256	<0,001	<0,001	<0,001	0,053	<0,001	19,717	0,079
P <sub>in</sub>	3	<0,001	0,576	0,026	0,035	<0,001	<0,001	<0,001	0,144	<0,001	0,601	0,079
N <sub>ex</sub>	3	<0,001	0,558	<0,001	0,352	0,456	<0,001	<0,001	0,088	<0,001	4,175	0,153
P <sub>ex</sub>	3	<0,001	0,278	<0,001	0,258	0,001	<0,001	<0,001	0,017	<0,001	0,501	0,137
UNE	3	<0,001	0,033	0,030	0,171	<0,001	0,071	0,071	0,266	0,016	13,142	0,181

M = Mastphase, b = Regressionskoeffizient Gewicht, G = Geschlecht, D = Durchgang, T = Fütterung, MSE = mean squared error, CV = Variationskoeffizient, N = Stickstoff, P = Phosphor, AD = Verdaulichkeit, in = Aufnahme, ex = Ausscheidung mit dem Kot, UNE = N-Ausscheidung mit dem Harn.

**Tabelle 10:** LSQ-Mittelwerte (±Standardfehler) für die C- und LP-Gruppen für verschiedene Mastphasen für Verdaulichkeit, N/P-Aufnahme, N/P-Ausscheidung mit dem Kot und N-Ausscheidung mit dem Harn

	Vormast (30 - 60 kg Lebendmasse)		Mittelmast (60 - 90 kg Lebendmasse)		Endmast (90 - 115 kg Lebendmasse)	
	C	LP	C	LP	C	LP
AD(N) (%)	72,28±0,81 <sup>a</sup>	74,19±0,79 <sup>a</sup>	79,86±0,55 <sup>a</sup>	77,13±0,53 <sup>b</sup>	78,24±0,60 <sup>a</sup>	75,09±0,59 <sup>b</sup>
AD(P) (%)	47,72±1,00 <sup>a</sup>	50,59±0,97 <sup>a</sup>	52,96±0,99 <sup>a</sup>	44,75±0,97 <sup>b</sup>	51,31±1,14 <sup>a</sup>	47,64±1,12 <sup>b</sup>
N <sub>in</sub> (g/d)	45,28±0,68 <sup>a</sup>	43,74±0,66 <sup>a</sup>	58,91±0,84 <sup>a</sup>	52,16±0,82 <sup>b</sup>	66,10±1,00 <sup>a</sup>	66,22±0,97 <sup>a</sup>
P <sub>in</sub> (g/d)	8,16±0,12 <sup>a</sup>	7,85±0,12 <sup>a</sup>	10,35±0,15 <sup>a</sup>	8,92±0,14 <sup>b</sup>	11,48±0,19 <sup>a</sup>	11,96±0,20 <sup>a</sup>
N <sub>ex</sub> (g/d)	12,42±0,41 <sup>a</sup>	11,38±0,40 <sup>a</sup>	12,06±0,40 <sup>a</sup>	12,11±0,39 <sup>a</sup>	14,29±0,50 <sup>a</sup>	16,28±0,50 <sup>b</sup>
P <sub>ex</sub> (g/d)	4,23±0,10 <sup>a</sup>	3,89±0,10 <sup>b</sup>	4,91±0,13 <sup>a</sup>	4,94±0,13 <sup>a</sup>	5,57±0,17 <sup>a</sup>	6,39±0,16 <sup>b</sup>
UNE (g/d)	/	/	18,08±0,66 <sup>a</sup>	15,28±0,66 <sup>b</sup>	29,30±1,40 <sup>a</sup>	28,57±1,38 <sup>a</sup>

C = Kontrollgruppe, LP = Versuchsgruppe, N = Stickstoff, P = Phosphor, AD = Verdaulichkeit, -in = Aufnahme, -ex = Ausscheidung mit dem Kot, UNE = N-Ausscheidung mit dem Harn, verschiedene Buchstaben kennzeichnen statistisch signifikante Unterschiede (p≤0.05) innerhalb einer Mastphase.

Auf Grund der Bedeutung dieses Effektes im Hinblick der Zielsetzung der Arbeit sind in Tab. 10 zunächst die LSQ-Mittelwerte der FG je Mastphase dargestellt. Die hier beobachteten Unterschiede zwischen den Fütterungsgruppen lassen sich auf Grund der Signifikanz von

Mastphase×Durchgang×FG bei allen Merkmalen nur eingeschränkt interpretieren. Ein vollständiges Bild ergibt sich erst bei Betrachtung der Unterschiede zwischen den C- und LP-Gruppen innerhalb der vier Durchgänge (Tab. 11).

**Tabelle 11:** LSQ-Mittelwerte ( $\pm$ Standardfehler) für die C- und LP-Gruppen der verschiedenen Durchgänge für verschiedene Mastphasen für Verdaulichkeit, N/P-Aufnahme, N/P-Ausscheidung mit dem Kot und N-Ausscheidung mit dem Harn

	Durchgang 1 (N=19)		Durchgang 2 (N=29)		Durchgang 3 (N=36)		Durchgang 4 (N=20)	
	C	LP	C	LP	C	LP	C	LP
<b>Vormast (30 - 60 kg Lebendmasse)</b>								
AD(N) (%)	74,94 $\pm$ 1,44 <sup>a</sup>	74,56 $\pm$ 1,33 <sup>a</sup>	74,48 $\pm$ 1,13 <sup>a</sup>	77,67 $\pm$ 1,15 <sup>a</sup>	65,66 $\pm$ 1,08 <sup>a</sup>	68,45 $\pm$ 1,01 <sup>a</sup>	74,26 $\pm$ 1,32 <sup>a</sup>	50,11 $\pm$ 1,66 <sup>a</sup>
Nin (g/d)	37,80 $\pm$ 1,85 <sup>a</sup>	37,20 $\pm$ 1,67 <sup>a</sup>	50,69 $\pm$ 1,45 <sup>a</sup>	45,97 $\pm$ 1,48 <sup>a</sup>	43,35 $\pm$ 1,36 <sup>a</sup>	41,76 $\pm$ 1,23 <sup>a</sup>	49,41 $\pm$ 1,65 <sup>a</sup>	50,11 $\pm$ 1,66 <sup>a</sup>
Nex (g/d)	9,23 $\pm$ 0,99 <sup>a</sup>	9,56 $\pm$ 0,91 <sup>a</sup>	12,96 $\pm$ 0,78 <sup>a</sup>	10,36 $\pm$ 0,79 <sup>a</sup>	14,91 $\pm$ 0,73 <sup>a</sup>	13,41 $\pm$ 0,68 <sup>a</sup>	12,75 $\pm$ 0,91 <sup>a</sup>	12,54 $\pm$ 0,91 <sup>a</sup>
AD(P) (%)	50,24 $\pm$ 2,23 <sup>a</sup>	52,84 $\pm$ 2,06 <sup>a</sup>	48,80 $\pm$ 1,78 <sup>a</sup>	56,68 $\pm$ 1,82 <sup>a</sup>	37,65 $\pm$ 1,67 <sup>a</sup>	45,90 $\pm$ 1,52 <sup>b</sup>	54,25 $\pm$ 2,04 <sup>a</sup>	46,92 $\pm$ 2,05 <sup>a</sup>
Pin (g/d)	7,09 $\pm$ 0,34 <sup>a</sup>	6,66 $\pm$ 0,30 <sup>a</sup>	9,85 $\pm$ 0,23 <sup>a</sup>	8,31 $\pm$ 0,27 <sup>b</sup>	7,49 $\pm$ 0,25 <sup>a</sup>	8,51 $\pm$ 0,22 <sup>a</sup>	8,24 $\pm$ 0,30 <sup>a</sup>	7,92 $\pm$ 0,30 <sup>a</sup>
Pex (g/d)	3,52 $\pm$ 0,30 <sup>a</sup>	3,15 $\pm$ 0,27 <sup>a</sup>	5,00 $\pm$ 0,24 <sup>a</sup>	3,58 $\pm$ 0,24 <sup>b</sup>	4,63 $\pm$ 0,22 <sup>a</sup>	4,62 $\pm$ 0,20 <sup>a</sup>	3,78 $\pm$ 0,27 <sup>a</sup>	4,19 $\pm$ 0,27 <sup>a</sup>
<b>Mittelmast (60 - 90 kg Lebendmasse)</b>								
AD(N) (%)	85,75 $\pm$ 1,43 <sup>a</sup>	84,82 $\pm$ 1,33 <sup>a</sup>	76,32 $\pm$ 1,08 <sup>a</sup>	73,31 $\pm$ 1,11 <sup>a</sup>	79,38 $\pm$ 1,02 <sup>a</sup>	78,16 $\pm$ 0,97 <sup>a</sup>	77,61 $\pm$ 1,33 <sup>a</sup>	72,45 $\pm$ 1,32 <sup>a</sup>
Nin (g/d)	49,43 $\pm$ 1,85 <sup>a</sup>	46,96 $\pm$ 1,67 <sup>a</sup>	59,83 $\pm$ 1,35 <sup>a</sup>	56,16 $\pm$ 1,40 <sup>a</sup>	64,49 $\pm$ 1,29 <sup>a</sup>	52,52 $\pm$ 1,20 <sup>b</sup>	61,42 $\pm$ 1,66 <sup>a</sup>	52,73 $\pm$ 1,66 <sup>b</sup>
Nex (g/d)	7,00 $\pm$ 0,99 <sup>a</sup>	7,32 $\pm$ 0,91 <sup>a</sup>	14,27 $\pm$ 0,74 <sup>a</sup>	15,09 $\pm$ 0,76 <sup>a</sup>	13,37 $\pm$ 0,70 <sup>a</sup>	11,45 $\pm$ 0,67 <sup>a</sup>	13,80 $\pm$ 0,91 <sup>a</sup>	14,54 $\pm$ 0,91 <sup>a</sup>
UNE (g/d)	14,60 $\pm$ 2,52 <sup>a</sup>	11,71 $\pm$ 2,46 <sup>a</sup>	17,16 $\pm$ 1,92 <sup>a</sup>	17,05 $\pm$ 1,95 <sup>a</sup>	18,10 $\pm$ 1,87 <sup>a</sup>	14,54 $\pm$ 1,78 <sup>a</sup>	22,28 $\pm$ 2,34 <sup>a</sup>	16,82 $\pm$ 2,35 <sup>a</sup>
AD(P) (%)	67,08 $\pm$ 2,27 <sup>a</sup>	64,11 $\pm$ 2,06 <sup>a</sup>	40,84 $\pm$ 1,67 <sup>a</sup>	28,54 $\pm$ 1,73 <sup>b</sup>	53,28 $\pm$ 1,59 <sup>a</sup>	49,21 $\pm$ 1,49 <sup>a</sup>	50,93 $\pm$ 2,05 <sup>a</sup>	37,11 $\pm$ 2,05 <sup>b</sup>
Pin (g/d)	9,21 $\pm$ 0,34 <sup>a</sup>	8,93 $\pm$ 0,30 <sup>a</sup>	10,31 $\pm$ 0,25 <sup>a</sup>	9,07 $\pm$ 0,26 <sup>a</sup>	11,16 $\pm$ 0,23 <sup>a</sup>	8,78 $\pm$ 0,22 <sup>b</sup>	10,63 $\pm$ 0,30 <sup>a</sup>	8,85 $\pm$ 0,30 <sup>b</sup>
Pex (g/d)	3,01 $\pm$ 0,30 <sup>a</sup>	3,20 $\pm$ 0,27 <sup>a</sup>	6,13 $\pm$ 0,22 <sup>a</sup>	6,50 $\pm$ 0,23 <sup>a</sup>	5,23 $\pm$ 0,21 <sup>a</sup>	4,46 $\pm$ 0,20 <sup>a</sup>	5,28 $\pm$ 0,27 <sup>a</sup>	5,59 $\pm$ 0,27 <sup>a</sup>
<b>Endmast (90 - 115 kg Lebendmasse)</b>								
AD(N) (%)	86,56 $\pm$ 1,43 <sup>a</sup>	84,76 $\pm$ 1,36 <sup>a</sup>	72,11 $\pm$ 1,08 <sup>a</sup>	74,07 $\pm$ 1,10 <sup>a</sup>	76,21 $\pm$ 1,01 <sup>a</sup>	70,86 $\pm$ 1,00 <sup>b</sup>	78,52 $\pm$ 1,35 <sup>a</sup>	71,10 $\pm$ 1,32 <sup>b</sup>
Nin (g/d)	68,45 $\pm$ 1,84 <sup>a</sup>	73,34 $\pm$ 1,80 <sup>a</sup>	51,33 $\pm$ 1,35 <sup>a</sup>	58,82 $\pm$ 1,40 <sup>a</sup>	62,79 $\pm$ 1,27 <sup>a</sup>	57,68 $\pm$ 1,20 <sup>a</sup>	71,91 $\pm$ 1,76 <sup>a</sup>	74,86 $\pm$ 1,66 <sup>a</sup>
Nex (g/d)	9,13 $\pm$ 0,99 <sup>a</sup>	11,93 $\pm$ 0,93 <sup>a</sup>	17,19 $\pm$ 0,74 <sup>a</sup>	15,23 $\pm$ 0,76 <sup>a</sup>	15,00 $\pm$ 0,69 <sup>a</sup>	16,60 $\pm$ 0,68 <sup>a</sup>	15,60 $\pm$ 0,92 <sup>a</sup>	21,08 $\pm$ 0,94 <sup>b</sup>
UNE (g/d)	29,68 $\pm$ 2,50 <sup>a</sup>	34,00 $\pm$ 2,39 <sup>a</sup>	23,27 $\pm$ 1,91 <sup>a</sup>	19,93 $\pm$ 1,95 <sup>a</sup>	29,26 $\pm$ 1,78 <sup>a</sup>	31,48 $\pm$ 1,75 <sup>a</sup>	35,34 $\pm$ 2,35 <sup>a</sup>	29,98 $\pm$ 2,35 <sup>a</sup>
AD(P) (%)	67,13 $\pm$ 2,27 <sup>a</sup>	66,80 $\pm$ 2,11 <sup>a</sup>	38,83 $\pm$ 1,67 <sup>a</sup>	43,04 $\pm$ 1,72 <sup>a</sup>	46,88 $\pm$ 1,57 <sup>a</sup>	35,90 $\pm$ 1,53 <sup>b</sup>	52,85 $\pm$ 2,09 <sup>a</sup>	45,27 $\pm$ 2,05 <sup>b</sup>
Pin (g/d)	11,23 $\pm$ 0,34 <sup>a</sup>	11,08 $\pm$ 0,31 <sup>a</sup>	10,90 $\pm$ 0,25 <sup>a</sup>	11,11 $\pm$ 0,25 <sup>a</sup>	11,00 $\pm$ 0,23 <sup>a</sup>	11,63 $\pm$ 0,22 <sup>a</sup>	12,76 $\pm$ 0,31 <sup>a</sup>	14,03 $\pm$ 0,38 <sup>a</sup>
Pex (g/d)	3,71 $\pm$ 0,30 <sup>a</sup>	3,78 $\pm$ 0,28 <sup>a</sup>	6,69 $\pm$ 0,22 <sup>a</sup>	6,34 $\pm$ 0,23 <sup>a</sup>	5,86 $\pm$ 0,21 <sup>a</sup>	7,38 $\pm$ 0,20 <sup>b</sup>	6,01 $\pm$ 0,28 <sup>a</sup>	8,05 $\pm$ 0,28 <sup>b</sup>

C = Kontrollgruppe, LP = Versuchsgruppe, N = Stickstoff, P = Phosphor, AD = Verdaulichkeit, in = Aufnahme, ex = Ausscheidung mit dem Kot, UNE = N-Ausscheidung mit dem Harn, verschiedene Buchstaben kennzeichnen statistisch signifikante Unterschiede ( $p \leq 0.05$ ) innerhalb einer Mastphase, hell blau (fein gepunktete Linie) = geplante XP/P-Reduktion war übererfüllt, rot (gestrichelte Linie) = geplante XP/P-Reduktion wurde nicht realisiert, hellgrün (durchgezogene Linie) = geplante XP/P-Reduktion wurde realisiert.

Signifikante Unterschiede in der N/P-Ausscheidung zeigten sich generell nur dort, wo die Absenkung in der LP-Gruppe deutlich größer war, als geplant. Dies war der Fall, wenn der Unterschied zwischen den C- und LP-Rationen bei XP den Wert -34 g/kg TM und bei P den Wert -0.8 g/kg TM überstieg. Dies war in zwei (XP) bzw. drei (P) Fällen der 12 Durchgang×Mastphase Gruppen der Fall. Dieses Ergebnis deutet darauf hin, dass der Unterschied zwischen „stark N/P-reduzierter Fütterung“ und „sehr stark N/P-reduzierter

Fütterung“ (DLG, 2019) vermutlich zu gering ist, um die N/P-Ausscheidung (über den Kot) deutlich zu vermindern (Tab. 11).

Darüber hinaus ist nochmals darauf hinzuweisen, dass auch die nicht realisierten Unterschreitungen und teilweise Umkehr des Vorzeichens der Differenzen im gesetzlichen Toleranzbereich lagen. Unter praktischen Bedingungen sind daher die oben angegebenen Minimaldifferenzen nicht unbedingt oder nur in Ausnahmefällen zu erwarten.

Bei der N/P-Aufnahme zeigten sich nur in der Mittelmast im Durchgang 3 und 4, bei deutlich ausgeprägter N/P-Reduktion, ein signifikanter Gruppenunterschied. Das heißt auch an dieser Stelle, dass nur bei Überschreitung der DLG-Vorgaben, eine eventuelle Kompensation des geringeren N-Gehaltes durch Futtermehraufnahme zu erwarten ist.

Innerhalb der drei Mastphasen gab es keinen generellen Unterschied zwischen den Fütterungsgruppen in der N-Verdaulichkeit. Trotz einer zum Teil deutlichen Absenkung des XP-Gehaltes, konnten nur vereinzelt signifikante Unterschiede (Endmast, Durchgang 3 und 4) in der N-Verdaulichkeit zwischen C- und LP-Gruppen beobachtet werden (Tab. 11). Die N-Verdaulichkeit wird hauptsächlich durch die verwendeten Futtermittel bestimmt. Die Reduktion im XP-Gehalt wurde in der vorliegenden Studie durch einen reduzierten Einsatz von Rapsextraktionsschrot erreicht, in welchem XP partiell in Tannin-XP- und Phytat-XP-Komplexen vorkommt. Durch diese Bindungen werden N-Verbindungen schlechter verdaut und weniger AS absorbiert (BELL, 1993; CHENG et al., 2022). Dieser verminderten Verdaulichkeit von XP steht eine durch den Zusatz von freien Aminosäuren erhöhte Verdaulichkeit von XP entgegen. Freie Aminosäuren müssen nicht verdaut werden, sondern werden direkt absorbiert (WEIJZEN et al., 2022).

Darüber hinaus könnte der erhöhte Anteil an Getreide (Weizen und Gerste) in der LP-Ration eine leichte verdaulichkeitsmindernde Wirkung haben, welche auf  $\beta$ -Glucane und Pentosane im Getreide zurückzuführen ist. Diese Verbindungen erhöhen die Viskosität des Verdauungsbreis und können dadurch die Nährstoffverdaulichkeiten vermindern (u.a. ADEOLA, 2000). Weizen und Gerste enthalten einen vergleichsweise hohen Anteil an Nicht-Stärke Polysacchariden, zu denen auch  $\beta$ -Glucane und Pentosane gehören, und damit auch einen erhöhten Anteil an löslicher und fermentierbarer Faser (RODEHUTSCORD et al., 2016). Lösliche Faser, welche im Dünndarm nicht verdaut wurde, kann im Dickdarm von Darmmikroben als Energiequelle genutzt werden, um mikrobielles Protein aus Ammoniak zu synthetisieren, welches dann mit dem Kot ausgeschieden wird (MORGAN und WHITTEMORE, 1988; MOSENTHIN et al., 1992). Sofern Ammoniak aus dem Dickdarm einströmendem endogenen Harnstoff stammt, wird die Verdaulichkeit von N reduziert, ohne dass unterschiedliche Qualitäten des Futterproteins dafür ausschlaggebend sind. Deshalb ist es wichtig zu beachten, dass die N-Verdaulichkeit im Gesamtdarmtrakt nur einen Teil der N-Bilanz widerspiegelt. Die Gesamtstickstoffausscheidung wird nämlich hauptsächlich über den Harn reguliert. Bei höherer



N-Aufnahme wird mehr N absorbiert, der bei bedarfsüberscheidender Versorgung ungenutzt über den Harn ausgeschieden wird. Dieser Effekt könnte zu einer Überbewertung der N-Effizienz in der vorliegenden Untersuchung führen.

Der positive Effekt der Erhöhung des löslichen Faseranteils, welche mit der Absenkung des N-Gehalts über die Absenkung von Rapsextraktionsschrot einhergeht, konnte in der vorliegenden Untersuchung gezeigt werden. Die Synthese von mikrobiellem Protein aus Ammoniak aus dem endogenen Harnstoffpool führt dazu, dass das Ammoniak nicht absorbiert und nicht als Harnstoff mit dem Harn ausgeschieden wird, sondern gebunden wird. Dies führt zu einer Verschiebung der N-Ausscheidung vom Harn zum Kot, welches somit auch einen positiven Effekt für Umwelt hat (MORGAN und WHITTEMORE, 1988; MOSENTHIN et al., 1992).

Hinsichtlich der P-Verdaulichkeit konnten in vier Fällen Unterschiede zwischen der C- und LP-Gruppe beobachtet werden, unabhängig davon, ob die P-Reduktion realisiert werden konnte, oder nicht (Tab. 11). Die Abweichungen waren aufgrund des Zusatzes von 500 FYT-6-Phytase/kg Futter unerwartet. Möglicherweise, wie bereits beschrieben, wurde die Phytase-Effizienz durch den erhöhten Getreide-Anteil in den LP-Rationen und die damit einhergehende Erhöhung der Viskosität des Verdauungsbreis beeinträchtigt (SCHMITZ et al., 2024). Es ist unwahrscheinlich, dass – wie im Falle von N – die Verdaulichkeit von P die P-Effizienz überbewertet, da die P-Absorption hormonell reguliert ist, und P nur bei einer starken Überversorgung über den Harn ausgeschieden wird (SCHRÖDER et al., 1996).

Die N-Ausscheidung über den Kot stand in direkter Beziehung zur N-Aufnahme und Verdaulichkeit von N, da beide Parameter die Grundlage für die Berechnung der Ausscheidung bilden. Theoretisch gibt es also keine Unterschiede, wenn N-Aufnahme und die N-Verdaulichkeit zwischen den Gruppen gleich sind, oder aber sich die Unterschiede ausgleichen. Unterschiede in der N-Ausscheidung über den Kot sind zu erwarten, wenn die Aufnahme und Verdaulichkeit sich in die gleiche Richtung ändern oder einander „überkompensieren“. So gab es in den meisten Fällen keine Unterschiede in der N-Ausscheidung über den Kot zwischen C- und LP-Gruppe. Es ist wichtig, an dieser Stelle zu betonen, dass die N-Ausscheidung über den Kot weniger Informationen liefert als eine N-Bilanzierung. Für die Bestimmung der N-Nutzungseffizienz in der vorliegenden Untersuchung stellte sie die geeignetste Methode dar. Wie bereits erwähnt, wird die N-Bilanz im Wesentlichen durch die N-Ausscheidung über den Harn (UNE) beeinflusst. Diese, über die Formel von KOHN et al. (2005) geschätzt, steht direkt mit der N-Aufnahme in Verbindung. Eine Reduktion der N-Aufnahme führte im Allgemeinen zu einer Verringerung in der N-Ausscheidung mit dem Harn.

Die P-Ausscheidung über den Kot, geschätzt aus P-Aufnahme und P-Verdaulichkeit, stand – ähnlich wie die N-Ausscheidung – in direkter Verbindung mit eben diesen Merkmalen. So waren die meisten Unterschiede zwischen C- und LP-Gruppe statistisch nicht nachweisbar. In Durchgang 2 (Vormast) war die P-Ausscheidung über den Kot in der LP-Gruppe reduziert,

möglicherweise durch die Reduktion in der P-Aufnahme, die mit der deutlichen P-Reduktion in der entsprechenden Ration zusammenhängen könnte. In Durchgang 3 und 4 (Endmast) war die P-Ausscheidung in der LP-Gruppe ungeplant erhöht. Dies lässt sich mit der Verringerung in der Verdaulichkeit und Erhöhung der P-Aufnahme aufgrund des ungeplanten höheren P-Gehaltes in der LP- im Vergleich zur C-Ration begründen.

### 3.4 Schätzung der Varianzkomponenten

Tabelle 12 gibt einen Überblick über die Erblchkeiten für die Mastleistungs- und N/P-assozierten Merkmale. Diese liegen in den Bereichen, wie sie in der Literatur beschrieben werden (SAINTILAN et al., 2013; DÉRU et al., 2021).

**Tabelle 12:** Heritabilität, Wiederholbarkeit und anteilige Varianz von KB-Eber×Fütterung für Mastleistungsmerkmale, Verdaulichkeit, N/P-Aufnahme, N/P-Ausscheidung über Kot und N-Ausscheidung über Harn

	Vormast (30 - 60 kg Lebendmasse)		Mittelmast (60 - 90 kg Lebendmasse)		Endmast (90 - 115 kg Lebendmasse)		Gesamtmast (30 - 115 kg Lebendmasse)		
	h <sup>2</sup>	gi <sup>2</sup>	h <sup>2</sup>	gi <sup>2</sup>	h <sup>2</sup>	gi <sup>2</sup>	h <sup>2</sup>	gi <sup>2</sup>	pe <sup>2</sup>
ADFC	0,13	0,03	0,18	0,12	0,16	0,09	0,00	0,01	0,10
ADG	0,25	0,00	0,13	0,00	0,07	0,00	0,04	0,00	0,00
FCR	0,28	0,00	0,17	0,00	0,48	0,00	0,17	0,00	0,00
AD(N)	0,35	0,17	0,11	0,19	0,15	0,28	0,24	0,08	0,00
AD(P)	0,00	0,02	0,00	0,19	0,39	0,15	0,05	0,03	0,00
N <sub>in</sub>	0,14	0,03	0,27	0,10	0,09	0,04	0,00	0,02	0,06
P <sub>in</sub>	0,15	0,02	0,29	0,07	0,18	0,11	0,01	0,02	0,08
N <sub>ex</sub>	0,24	0,08	0,22	0,09	0,00	0,24	0,08	0,12'	0,01
P <sub>ex</sub>	0,04	0,00	0,06	0,21	0,26	0,02	0,00	0,05	0,00
UNE	/	/	0,51	0,00	0,77**	0,00	0,57**	0,00	0,16*

h<sup>2</sup> = Heritabilität, pe<sup>2</sup> = permanenter Umwelteffekt, gi<sup>2</sup> =  $\sigma^2(\text{KB-Eber} \times \text{Fütterung}) / (\sigma^2(\text{KB-Eber}) + \sigma^2(\text{KB-Eber} \times \text{Fütterung}) + \sigma^2(\text{Rest}))$ ,  $\sigma^2$  = Varianz, ADFC = mittlerer täglicher Futtermittelverbrauch, ADG = mittlere tägliche Zunahme, FCR = Futteraufwand, FFW = Mastendgewicht, RFI = Restfuturaufnahme N = Stickstoff, P = Phosphor, AD = Verdaulichkeit, in = Aufnahme, ex = Ausscheidung mit dem Kot, UNE = N-Ausscheidung mit dem Harn, Signifikanzgrenzen: ' = p ≤ 0.1, \* = p ≤ 0.05, \*\* = p ≤ 0.01, \*\*\* = p ≤ 0.001.

Bei Betrachtung der Heritabilitäten (h<sup>2</sup>) über die gesamte Mastphase sind relativ niedrige Werte feststellbar (Tab. 12). Diese h<sup>2</sup> liegen nur bei den Merkmalen FCR, AD(N) und UNE über 0,1. In Arbeiten von SAINTILAN et al. (2013) wurden höhere h<sup>2</sup> von 0,35 bis 0,40 für FCR, 0,21 bis 0,48 für ADFI und 0,05 bis 0,48 für ADG beschrieben. Die h<sup>2</sup> für N/P-Ausscheidung wurden in deren Studie ebenfalls mit 0,31 bis 0,37 sowie 0,29 bis 0,40 höher als in unserer Studie geschätzt. Auch DÉRU et al. (2021) berichteten eine h<sup>2</sup> für die Verdaulichkeit von N von 0,27 bis 0,56 in Abhängigkeit vom Rohfasergehalt der Futtermitteln, die über unseren Ergebnissen liegt.

Die Besonderheit der vorliegenden Untersuchung liegt darin, dass für jeden Mastabschnitt  $h^2$  geschätzt werden konnten. Generell ließ sich feststellen, dass in den einzelnen Mastphasen die  $h^2$  tendenziell größer waren als über die Gesamtmast.

Eine Ausnahme ist die  $h^2$  für die N-Ausscheidung über den Harn (UNE), die jedoch nur in der Mittel- und Endmast geschätzt wurde. Die  $h^2$  innerhalb der Mastphasen lagen in der Regel in einem Bereich zwischen 0,10 und 0,30, der auf dem Niveau der Ergebnisse der oben angegebenen Literaturquellen liegt. Eine Tendenz innerhalb der Mastphasen ist nicht ableitbar. Auffällig gering sind jedoch die  $h^2$  für P-Verdaulichkeit (AD(P)) und P-Ausscheidung über den Kot ( $P_{ex}$ ) in der Anfangs- und Mittelmast sowie N-Ausscheidung über den Kot ( $N_{ex}$ ) in der Endmast.

Als Ursache für die Variation der Erbllichkeit über die Phasen können verschiedene physiologische Prozesse herangezogen werden. Die sich im Laufe der verschiedenen Mastphasen veränderten Anforderungen an Energie- und Nährstoffgehalte sind den Veränderungen im Erhaltungs- und Leistungsbedarf der Tiere geschuldet. Die daran beteiligten Prozesse sind in den jeweiligen Wachstumsphasen mit hoher Wahrscheinlichkeit nicht vollständig überlappend und werden vermutlich durch unterschiedliche Gene beeinflusst. Daher sind Unterschiede zwischen den  $h^2$  zu erwarten. Die genetische vorbestimmte Grenze für den täglichen Proteinansatz im Tier wird durch die Verfügbarkeit von Aminosäuren und/oder die Verfügbarkeit von Energie limitiert und verändert sich geschlechtsabhängig während der Mast (CAMPBELL und TAVERNER, 1988). Zum Ende der Mast wird weniger Protein angesetzt, wodurch der N-Bedarf im Vergleich zur Vor- und Mittelmast sinkt. Der Ansatz an Fett, welcher durch die Genetik, die Energieaufnahme und den Proteinansatz beeinflusst wird, wird zu einer wichtigen Stellgröße bei der Gewichtszunahme. Wenn weniger Protein im Körper angelagert wird, führt dies, gerade in der Endmastphase, zu einer Erhöhung des Fettansatzes (WHITTEMORE und KYRIAZAKIS, 2008).

Vergleichbar mit den  $h^2$ , waren die Varianzverhältnisse der GUI ( $g_i^2$ ) über die Gesamtmast auf einem sehr niedrigen Niveau mit Werten zwischen 0,00 und 0,12 (Tab. 13). Höhere Werte sind teilweise innerhalb der Mastphase zu beobachten. Dies gilt insbesondere für die Mittel- und Endmast mit Werten von über 0,15 für die P- und N-Verdaulichkeit, aber auch für die  $N_{ex}$  (Endmast) und  $P_{ex}$  (Mittelmast). Diese Ergebnisse können als Indikator für das Vorliegen von möglichen GUI interpretiert werden.

Bei der Analyse über die Mastphasen, wurden von jedem Tier drei Messungen berücksichtigt, die den Effekt der permanenten Umwelt ( $pe^2$ ) beschreiben. Die in Tab. 13 angegebenen  $pe$ -Effekte liegen mit Ausnahme von UNE und ADFC unterhalb von 0,10. Dieses Ergebnis deutet darauf hin, dass es sich bei den Messungen innerhalb der Mastphase nicht um Merkmale handelt, die von gleichen Genen beeinflusst werden. Wie bereits oben beschrieben, sind

innerhalb der Mastphasen vermutlich unterschiedliche Gene beteiligt, die zu solch niedrigen permanenten Umwelteffekten führen.

Um diese Ergebnisse weiter zu verifizieren bzw. auf praktische Relevanz zu untersuchen, wurden die Zuchtwerte für die KB-Eber über und innerhalb der Mastphasen geschätzt. Das Modell beinhaltet die zufälligen Effekte KB-Eber (Vorhergesagte Überlegenheit der Nachkommen = Predicted Difference (PD) über alle Mastphasen,  $PD_G$ ) und KB-Eber  $\times$  Fütterungsgruppe (PD innerhalb der Fütterungsgruppen C und LP,  $PD_C$  bzw.  $PD_{LP}$ ). Die Berechnungen basierten auf den genetischen Parametern ( $h^2$ ,  $g_i^2$ ) aus Tab. 13.

Von jedem KB-Eber lagen demnach drei PD vor:  $PD_G$ ,  $PD_C$  und  $PD_{LP}$  vor. Relevante GUI liegen vor, wenn die Rangkorrelation ( $r_{PD}$ ) zwischen ( $PD_G + PD_C$ ) und ( $PD_G + PD_{LP}$ ) der KB-Eber wesentlich niedriger als 0,80 (ROBERTSON, 1959) ist.

**Tabelle 13:** Rang-Korrelationen von KB-Ebern zwischen C- und LP-Gruppe basierend auf predicted values (PD) (nach Spearman)

	Vormast (30 - 60 kg Lebendmasse)	Mittelmast (60 to 90 kg Lebendmasse)	Endmast (90 - 115 kg Lebendmasse)	Gesamtmast (30 - 115 kg Lebendmasse)
ADFC	0,92	0,66	0,64	0,01
ADG	1,00	1,00	1,00	1,00
FCR	1,00	1,00	1,00	1,00
AD(N)	0,61	0,33	0,34	0,58
AD(P)	-0,36	-0,16	0,84	0,60
$N_{in}$	0,92	0,80	0,76	-0,12
$P_{in}$	0,97	0,89	0,66	0,36
$N_{ex}$	0,79	0,79	-0,10	0,26
$P_{ex}$	0,97	0,15	0,98	0,04
UNE	/	1,00	1,00	1,00

ADFC = mittlerer täglicher Futtermittelverbrauch, ADG = mittlere tägliche Zunahme, FCR = Futteraufwand, FFW = Mastendgewicht, RFI = Restfutteraufnahme N = Stickstoff, P = Phosphor, AD = Verdaulichkeit, in = Aufnahme, ex = Ausscheidung mit dem Kot, UNE = N-Ausscheidung mit dem Harn.

Erwartungsgemäß waren die in Tab. 13 dargestellten Korrelationen gleich 1, wenn die Varianzkomponente  $g_i^2$  den Wert 0 aufwies. In diesem Fall war für die Variabilität der KB-Eber nur die  $h^2$  verantwortlich, die für beide Fütterungsgruppen gelten. Mit anderen Worten, die relevanten merkmals-beeinflussenden Gene sind von den Fütterungsgruppen unabhängig. Wenn die  $h^2$  nahe 0 liegt oder deutlich niedriger als  $g_i^2$  ist, ist die Variation zwischen den  $PD_G$  sehr klein. Die Korrelation  $r_{PD}$  wird in diesen Fällen nur durch  $PD_{C/LP}$  bestimmt und die Wahrscheinlichkeit für das Auftreten von Rangverschiebungen steigt deutlich an. Dies führt zu kleinen oder sogar negativen Korrelationen. In solchen Fällen ist  $r_{PD}$  vermutlich deutlich unterschätzt und lässt somit kaum eine Interpretation zu.

Nur wenn  $h^2$  und  $gi^2 > 0.1$ , können Beziehungen beobachtet werden, die eine Beurteilung der Relevanz von GUI zulässt. So konnten relevante GUI für ADFC in Mittel- und Endmast, für P-Aufnahme in der Mittelmast und über die Gesamtmast, sowie für  $P_{ex}$  in der Mittelmast gefunden werden. Besonders hervorzuheben sind außerdem die Ergebnisse für die N-Ausscheidung über den Kot in der Mittelmast und die N-Verdaulichkeit in allen Mastabschnitten, welche ebenfalls in der Literatur beschrieben wurden (GEICSNEK-KOLTAY et al., 2022). Die zu beobachtende Variation und die Bedeutung der  $gi^2$  für das Merkmal N-Verdaulichkeit lässt sich auf unterschiedliche Verdaulichkeitsraten oder auch sich verändernde Aktivitäten der Mikroflora und Verdauungsenzyme zurückführen. Dies wurde in Studien bei einem Vergleich von lokalen, fettreichen mit fleischreichen Schweinerassen beschrieben (DÉRU et al., 2021; VAREL et al., 1988). Bei dem Vergleich solcher Rassen konnte GUI beobachtet werden, die einen Einfluss auf für die N-Retention, Futtereffizienz und die Nutzung von Lysin hatten (FABIAN et al., 2002; BAREA et al., 2011).

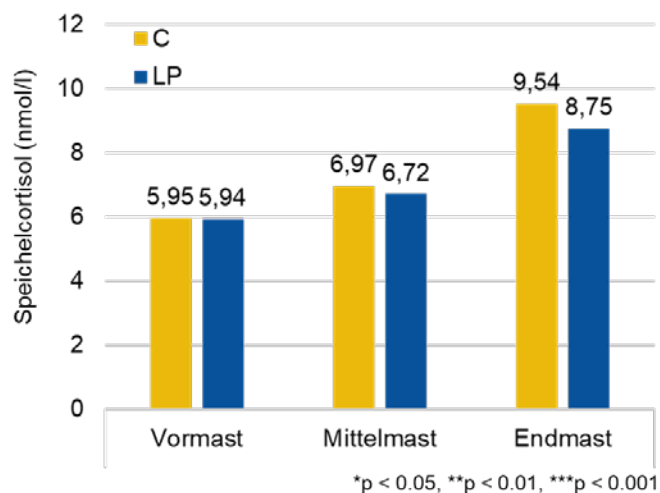
Aus physiologischer Sicht, liegen die Ursachen im Auftreten von GUI im unterschiedlichen genetischen Potential der effizienteren Nutzung von Nährstoffen (vor allem von N- und P-Nährstoffen) (RUIZ-ASCACIBAR et al., 2017). Die bezieht sich z.B. auf die genetische Variation im Fleischansatz, welche einen Effekt auf den Bedarf an Aminosäuren haben kann (SCHINCKEL und LANGE, 1996). Zugrunde liegende Mechanismen könnten sich auch in der Variation der Expression von Genen zeigen, die mit dem mitochondrialen Stoffwechsel oder spezifischen Enzymen assoziiert sind, wie Vergleiche von Tieren mit niedriger und hoher Futtereffizienz gezeigt haben (GILBERT et al., 2017). Darüber hinaus zeigten sich anatomische Veränderungen bei diesen Tieren; Effizientere Schweine wiesen strukturelle Veränderungen im Dünndarm in Bezug zur Absorptionskapazität auf (BAREA et al., 2011). Ebenfalls kann die tierindividuelle Variabilität der Darmmikrobiota eine entscheidende Rolle für die Anpassungsfähigkeit an eine N/P-reduzierte Versorgung spielen (ALIAKBARI et al., 2022).

Es bleibt anzumerken, dass nicht in jeder Studie relevante GUI, welche zu einer Neurangierung der Zuchttiere führte, nachgewiesen werden konnten. In Untersuchungen mit hoch- und wenig-verdaulichen Futtermitteln konnten keine GUI beobachtet werden (GODINHO et al., 2018; SCHIAVON et al., 2019). Außerdem muss darauf hingewiesen werden, dass die in der vorliegenden Untersuchung geschätzten Varianzkomponenten und Rangkorrelationen auf einer vergleichsweise geringen Anzahl an Beobachtungen basieren. Nichtsdestotrotz zeigen sich deutliche Hinweise auf die Relevanz der Genetik und möglicher GUI für die N/P-Ausscheidung von Mastschweinen.

### 3.5 Einfluss der N/P-Reduktion auf Gesundheitsparameter

Die Ergebnisse des Differenzialblutbildes lagen, unabhängig des Messzeitpunktes und der Fütterungsgruppe, innerhalb der Referenzbereiche. Es konnten keine Unterschiede sowohl zwischen den Fütterungsgruppen als auch zwischen den Durchgängen beobachtet werden.

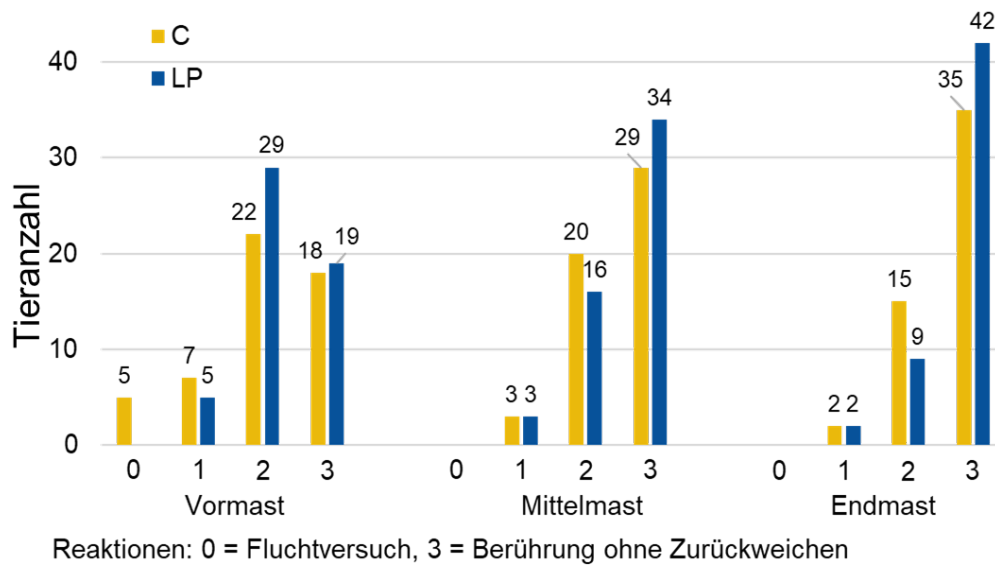
Auch bei weiteren tierschutzrelevanten Indikatoren konnte kein Einfluss der N/P-Reduktion beobachtet werden. Ein möglicher Einfluss der N/P-Reduktion auf das Stresslevel der Tiere wurde mithilfe des Gehaltes des Stressbewältigungshormons Cortisol im Speichel überprüft. Dazu war es erforderlich, die Tiere auf die Probennahme vorzubereiten und auch zu trainieren, damit sie die Speichelprobe freiwillig nehmen ließen. Dies erlaubt es, den reinen Einfluss der Fütterung zu identifizieren und weitere Faktoren, wie durch die Probennahme oder die Haltungsumwelt, weitestgehend auszuschließen. In Abb. 9 sind die Ergebnisse der Speichelcortisol-Gehalte dargestellt. Es konnte keine Veränderung im Stresslevel durch die N/P-Reduktion innerhalb der Fütterungsgruppen festgestellt werden.



**Abbildung 9:** Ergebnisse der Speichelcortisolgehalte bei einer N-/P-reduzierten Fütterung innerhalb der verschiedenen Mastphasen

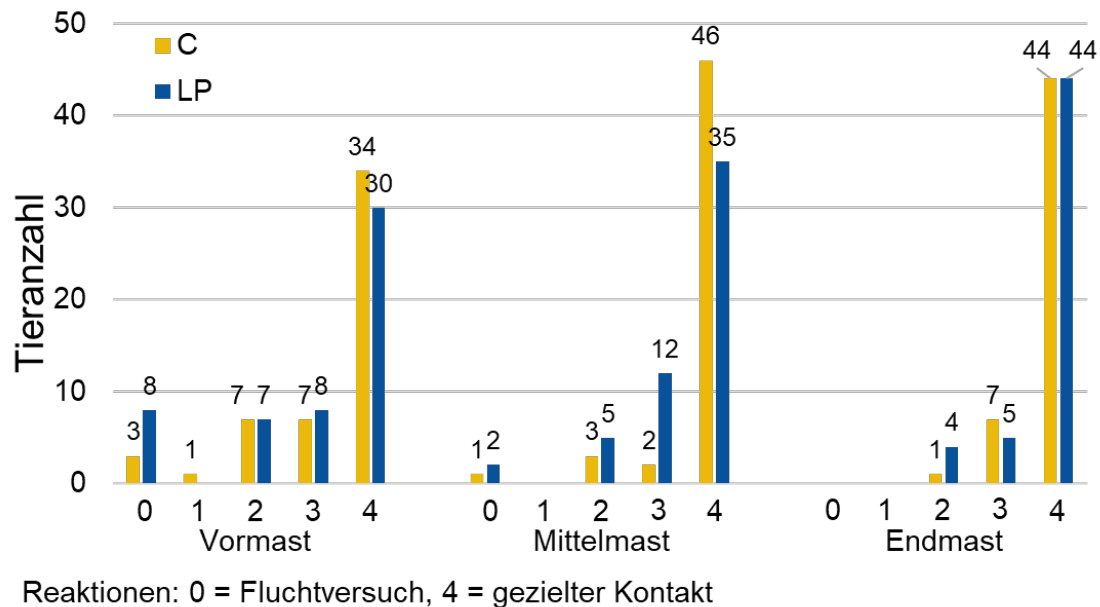
C = Kontrollgruppe, LP = Versuchsgruppe.

Darüber hinaus wurden Verhaltenstests durchgeführt. Weder der Test S (nach SCOTT et al., 2009), noch Novel Object Test (nach MIELOCH et al., 2020) zeigten Veränderungen im Verhalten der Tiere, welche auf die N/P-Reduktion zurückzuführen sein könnten (Abb. 10, Abb. 11). Die Tests wurden innerhalb jeder Mastphase durchgeführt. Grundsätzlich konnte beobachtet werden, dass die Tiere unabhängig von der Fütterungsgruppe im Verlaufe der Mast immer zutraulicher und neugieriger wurden.



**Abbildung 10:** Ergebnisse des Test S (Test zur Bewertung des Verhaltens der Schweine gegenüber Menschen) bei einer N-/P-reduzierten Fütterung innerhalb der verschiedenen Mastphasen

C = Kontrollgruppe, LP = Versuchsgruppe.



**Abbildung 11:** Ergebnisse des Novel Object Tests (NOT) (Test zur Bewertung des Verhaltens von Schweinen gegenüber unbekanntem Objekten) bei einer N-/P-reduzierten Fütterung innerhalb der verschiedenen Mastphasen

C = Kontrollgruppe, LP = Versuchsgruppe.

Ein weiteres Merkmal, welches am Tier erfasst wurde, waren Nekrosen. Grundsätzlich traten Nekrosen an Ohren und Schwänzen nur in seltenen Fällen auf. Es zeigten sich keine Unterschiede zwischen C- und LP-Gruppe innerhalb der verschiedenen Mastphasen.

Es lässt sich schlussfolgern, dass die sehr stark N/P-reduzierte Fütterung der Versuchsgruppe keine negativen Auswirkungen auf die Gesundheit und tierschutzrelevante Merkmale der Mastschweine hatte. Dies zeigt ebenfalls, dass die Mastschweine nicht unter ihrem Erhaltungs- und Leistungsbedarf versorgt wurden.

### **3.6 Bedeutung der Fütterungsgruppe auf Knochenmerkmale**

Im Rahmen der ersten Projektbesprechung wurde das Projekt um die Analyse der Zusammensetzung und Dichte eines Knochens ergänzt. Die Entscheidung für die Analyse der Knochen der rechten Vorderpfote basiert vor allem auf den Aspekten der Verfügbarkeit und Repräsentativität der Proben. Ein ergänzendes Ziel war es, eine umsetzbare Probensammlung in einer kommerziellen Schlachtstätte etablieren zu können.

Während der Schlachtung, vor allem in kommerziellen Schlachthäusern, muss sichergestellt werden, dass die Pfoten eindeutig tierindividuell gesammelt und zugeordnet werden können. Das Abtrennen der Vorderpfoten erfolgt bei einigen Schlachtungen im Rahmen eines Routineprozesses, so dass die Pfote recht einfach zu kennzeichnen und auch zu sammeln ist. Die Sammlung anderer Knochen ist hingegen arbeits- und kostenaufwendig, da der Schlachthof vielfach die Forderung hat, dass der Schlachtkörper vor der Zerlegung nicht angeschnitten bzw. beschädigt werden darf. Ansonsten würde dieser von einer effizienten Vermarktung ausgeschlossen werden. Alternativ müsste der Schlachtkörper in Gänze vergütet werden, um entsprechende Knochen herausextrahieren zu können.

Unter praktischen Bedingungen einer Leistungsprüfung ist der Erwerb des Schlachtkörpers nicht finanzierbar. Eine Knochenprobe muss demzufolge so ausgewählt werden, dass sie zum einen repräsentativ für den Schlachtkörper ist und zum anderen nur einen geringen Wertverlust zur Folge hat. In einer Studie von LEE et al. (2021) wurde gezeigt, dass die Konzentrationen an Rohasche und auch die Mengen an P und Ca, in den Knochen MC3 und MC4 gute Korrelationen zum Gesamtkörper aufwiesen. Phosphor und Ca bilden die Grundlage für die Mineralisierung von Knochengewebe (LÉTOURNEAU-MONTMINY et al., 2015) und können beim Schwein durch die Versorgung mit P und Ca über die Futtermittelration beeinflusst werden (LAGOS et al., 2019; VIER et al., 2019). Das Verhältnis von verdaulichem P und Ca ist dabei essentiell, um die Wachstumsleistung und auch die Knochenmineralisierung sicher zu stellen (GONZÁLEZ-VEGA et al., 2016). Eine übermäßige Versorgung mit Ca führt zu einer schlechteren Verdaulichkeit von P und kann dadurch die Verfügbarkeit von P weiter verschärfen (LEE et al., 2021; STEIN et al., 2011).



Im vorliegenden Projekt lag der Gehalt an P auch in der sehr stark N/P-reduzierten Fütterung nicht unter dem Bedarf der Tiere. Darüber hinaus wurde der Gehalt an Ca an die Reduktion von P angepasst. Es konnte auch bei den Merkmalen der Zusammensetzung des Knochens und der Knochendichte keine signifikanten Unterschiede zwischen den Fütterungsgruppen beobachtet werden (Tab. 14).

**Tabelle 14:** Einfluss von Gewicht, Geschlecht, Durchgang, Fütterung auf die Merkmale der Knochenzusammensetzung und der Knochendichte

	Modell	b	G	D	FG	D × FG	MSE	CV
Länge MC 3	1	0,037	<0,001	<0,001	0,595	0,155	0,067	0,033
Durchmesser MC3	1	0,856	<0,001	<0,001	0,493	0,870	0,020	0,108
Gewicht MC3	1	<0,001	<0,001	0,293	0,452	0,803	2,872	0,055
Länge MC4	1	0,210	<0,001	<0,001	0,837	0,202	0,088	0,038
Durchmesser MC4	1	0,413	<0,001	<0,001	0,669	0,916	0,021	0,111
Gewicht MC4	1	<0,001	<0,001	<b>0,046</b>	0,891	0,389	3,108	0,056
Trockenmasse	1	0,556	0,888	0,958	0,079	0,873	2279	0,063
Rohasche	1	0,428	0,480	0,483	0,529	0,642	605,0	0,072
Phosphor	1	0,751	0,758	0,438	0,193	0,622	15,94	0,066
Calcium	1	0,952	0,379	0,728	0,344	0,190	98,12	0,077
Magnesium	1	0,433	0,345	<b>0,051</b>	0,802	0,199	0,031	0,063
Stickstoff (N)	1	0,500	0,579	0,197	0,382	0,163	1,748	0,044
Knochenfläche (CT)	1	<b>0,042</b>	<0,001	0,354	0,646	0,711	237,0	0,074
Fläche Knochen- hülle (CT)	1	<b>0,034</b>	<0,001	0,956	0,482	0,282	30,02	0,080
Knochendichte (CT)	1	0,581	<0,001	0,722	0,657	0,874	0,0004	0,012

b = Regressionskoeffizient Gewicht, G = Geschlecht, D = Durchgang, FG = Fütterung, MSE = mean squared error, CV = Variationskoeffizient

Diese Ergebnisse folgen dem Design des Versuches, in welchen die Tiere auch in der LP-Gruppe bedarfsgerecht versorgt wurden. Zudem wurde bei den eingesetzten Rationen darauf geachtet, dass das Verhältnis von Ca und P dem Entwicklungsstand der Tiere in den verschiedenen Mastphasen entspricht. In Arbeiten von SCHLEGEL und GUTZWILLER (2020) konnte gezeigt werden, dass gerade dieses Verhältnis einen Einfluss auf das Wachstum und die Zusammensetzung des Knochens hat.

Die Ergebnisse der Korrelationsanalyse zwischen den subjektiven und chemischen Merkmalen des Knochens mit den Merkmalen des CTs können Tab. 15 entnommen werden. Das Merkmal der Querschnitts-Aufnahme des Knochens war wie zu erwarten positiv mit den subjektiven Merkmalen (Länge, Durchmesser und Gewicht) korreliert. Die Knochenminerale P und Ca wiesen hingegen eine negative Korrelation zur Knochenfläche auf. Hohe Gehalte an Mineralien führen zu hohen Knochendichten und einer damit einhergehenden höheren Stabilität des Knochens (MAGRINI et al., 2023). In der vorliegenden Arbeit konnten mittlere positive Korrelationen zwischen P, Ca und Mg zur Knochendichte beobachtet werden. Allerdings wurde

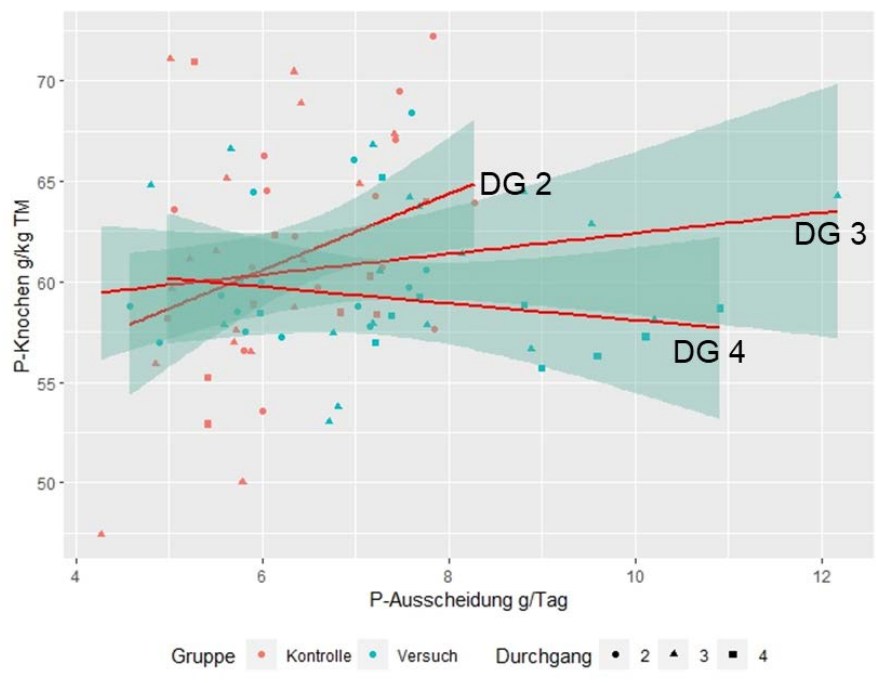
die Knochenfläche mit zunehmendem Gehalt an Mineralien ab. Außerdem wiesen auch Knochenfläche und -dichte eine negative Korrelation auf. Hierbei könnte das Verhältnis der Knochenhülle zur Knochenfläche von Bedeutung sein, welches einen guten Ansatz für weitere Auswertungen liefert.

**Tabelle 15:** Ergebnisse der Korrelationsanalyse zwischen den subjektiven und chemischen Merkmalen und den Merkmalen der Computertomographie

	<b>Fläche Knochenhülle (CT)</b>	<b>Knochenfläche (CT)</b>	<b>Knochendichte (CT)</b>
Länge MC 3	0,08	<b>0,42</b>	-0,20
Durchmesser MC3	0,10	<b>0,32</b>	-0,03
Gewicht MC3	<b>0,36</b>	<b>0,74</b>	<b>-0,47</b>
Länge MC4	0,12	<b>0,40</b>	-0,18
Durchmesser MC4	0,12	<b>0,37</b>	-0,07
Gewicht MC4	<b>0,40</b>	<b>0,81</b>	<b>-0,42</b>
Trockenmasse	-0,01	-0,12	0,12
Rohasche	0,12	<b>-0,36</b>	0,25
Phosphor	0,20	<b>-0,38</b>	0,16
Calcium	0,00	<b>-0,34</b>	0,17
Magnesium	0,12	-0,21	0,26
Stickstoff (N)	0,02	<b>-0,51</b>	0,13
Fläche Knochenhülle (CT)		<b>0,30</b>	-0,07
Knochenfläche (CT)			<b>-0,53</b>

FETT: signifikante Korrelation; Korrelationskoeffizient berechnet nach Spearman

In einem weiteren Schritt wurde die Beziehung zwischen der P-Ausscheidung im Kot und dem Gehalt an P im Knochen untersucht (Abb. 12). Es konnten keine signifikanten Beziehungen zwischen den beiden Merkmalen, aber deutliche Unterschiede zwischen den Durchgängen beobachtet werden. Zudem zeigte sich eine hohe Variation zwischen den Nachkommen der eingesetzten KB-Eber. Auf Grund der begrenzten Menge an Daten sind genetische und umweltbedingte Einflüsse durch die Rationsgestaltung nicht klar voneinander abzugrenzen.



**Abbildung 12:** Beziehung zwischen P-Ausscheidung und Gehalt an P im Knochen je Versuchsdurchgang

### 3.7 Auswertung der Analyse des Darm-Mikrobioms

Zur Analyse des Mikrobioms standen Proben aus ausgewählten Abschnitten des Dünndarm (Jejunum und Ileum) und Dickdarms (Caecum und Colon) zur Verfügung, die unmittelbar nach dem Schlachtprozess gesammelt wurden. Die Beprobung fand im Versuchsschlachthof der LSZ Boxberg statt. Im Gegensatz zu einem konventionellen Schlachthof war in Boxberg die Sicherstellung der Zuordnung der Proben zu dem individuellen Tier sowie die zeitnahe Probenkonservierung möglich.

In vorangegangenen Studien wurden der Zusammensetzung des Mikrobioms verschiedener Darmabschnitte untersucht (YANG et al., 2016; HOLMAN et al., 2017; LOOFT et al., 2014). CAMARINHA-SILVA et al. (2017) und (ALIAKBARI et al., 2022) analysierten hingegen das Mikrobiom in Kotproben und schätzten anschließend die Erbllichkeit sowie die Bedeutung der mikrobiellen Varianz für die phänotypische Varianz des Wirts, die sog. Mikrobiability ( $m^2$ ). Solch eine Varianzkomponentenschätzung fand bisher noch nicht auf Basis spezifischer Darmabschnitte statt. So war es ein weiteres Ziel dieses Projektes, die mikrobielle Gemeinschaft in den einzelnen Darmabschnitten zu untersuchen und Abschnitts-spezifische  $h^2$  und  $m^2$  zu schätzen.

Dünndarm und Dickdarm unterscheiden sich sowohl in Anatomie, als auch in Physiologie und Funktion. Der Dünndarm dient als primärer Ort für die Verdauung und Absorption von Nährstoffen, während der Dickdarm entscheidend für das Immunsystem des Wirts und die Aufrechterhaltung der Gesundheit ist (YANG et al., 2016; SZABÓ et al., 2023). In Studien an

Menschen und Mäusen konnte gezeigt werden, dass der Dünndarm im Vergleich zum Dickdarm durch einen höheren Sauerstoffgehalt (HE et al., 1999), eine schnellere Transitzeit des Chyms (SCHWARZ et al., 2002) und das Vorhandensein von antimikrobiellen Peptiden (BEVINS und SALZMAN, 2011) gekennzeichnet ist. Diese physiologischen Unterschiede können zu Variationen in der Zusammensetzung und Vielfalt der mikrobiellen Gemeinschaft führen.

### 3.7.1 Charakterisierung der mikrobiellen Gemeinschaft

Die Charakterisierung der mikrobiellen Gemeinschaft basierte auf aufbereiteten 16S rRNA Daten (siehe Abschnitt. 2.5.3) mit deren Hilfe die Familien der Mikroben phylogenetisch bestimmt wurden. In Tab. 14 ist die prozentuale Verteilung der Phyla, Families und Genera über alle 208 Proben und innerhalb der einzelnen Darmabschnitte dargestellt. Es zeigten sich klare Unterschiede zwischen Dünn- und Dickdarmabschnitte. Dieses Ergebnis war zu erwarten und wurde auch in vorangegangenen Forschungsarbeiten beschrieben (LOOFT et al., 2014; HOLMAN et al., 2017; YANG et al., 2016).

**Tabelle 14:** Relative Häufigkeit der häufigsten Phyla, Families und Genera über alle Proben und in den Darmabschnitten Jejunum, Ileum, Caecum und Colon

Phylum (Stamm)	Relative Häufigkeit (%)				
	all samples (n = 208)	Jejunum (n = 52)	Ileum (n = 52)	Caecum (n= 52)	Colon (n= 52)
Firmicutes	68,6	79,3	31,1	67,3	66,0
Bacteroidetes	14,9	n.p.	3,4	27,7	24,2
Proteobacteria	13,2	20,0	32,0	3,3	2,9
Campilobacterodetes	1,2	n.p.	n.p.	n.p.	2,9
<b>Family</b>					
Clostridiaceae	11,7	19,3	16,2	9,0	8,9
Peptostreptococcaceae	11,4	18,0	15,1	n.p.	n.p.
Lactobacillaceae	10,3	35,5	17,0	12,6	8,9
Lachnospiraceae	10,1	n.p.	n.p.	14,3	11,3
Enterobacteriaceae	7,8	19,3	28,0	n.p.	n.p.
Prevotellaceae	2,4	n.p.	n.p.	23,1	16,9
<b>Genus (Gattung)</b>					
Lactobacillus	18,5	35,5	17,0	13,0	9,1
Clostridium_sensu_strictol	12,4	18,0	15,0	8,9	8,5
Shigella	11,9	19,3	28,1	n.p.	n.p.
Terrisporobacter	7,2	13,8	9,1	3,6	3,4
Prevotella	6,9	n.p.	n.p.	13,0	10,8

n.p. = Phylum, Family, Geuns ist im entsprechenden Darmabschnitt nicht präsent.

Die drei am häufigsten vorkommenden Stämme (Phyla) in der hier vorliegenden Untersuchung waren Firmicutes, Bacteroidetes und Proteobacteria. Sie zählen zum sogenannten "Kernmikrobiom" von Schweinen, dessen Zusammensetzung während des gesamten Lebens des Wirts weitestgehend konstant bleibt (HOLMAN et al., 2017). Die am häufigsten vorkommenden Familien (Tab. 14) können den drei genannten Stämmen zugeordnet werden, wobei die Mehrheit zu den Firmicutes gehört. Zu den häufigsten Gattungen Clostridium, Lactobacillus, Terrisporobacter, Prevotella und Escherichia-Shigella könne wiederum diesen Familien zugeordnet werden.

Darüber hinaus konnten erwartungsgemäß klare Unterschiede in der Charakterisierung der mikrobiellen Gemeinschaft zwischen den Proben des Dünndarm- und Dickdarms beobachtet werden. In Übereinstimmung mit früheren Studien waren Proteobacteria im Dünndarm angereichert, Bacteroidetes im Dickdarm (HOLMAN et al., 2017; LOOFT et al., 2014; YANG et al., 2016). Entsprechend war Escherichia-Shigella (Stamm Proteobacteria) ausschließlich im Dünndarm vorhanden, während Prevotella (Stamm Bacteroidetes) im Dickdarm lokalisiert war. Dies könnte auf ihre sauerstoffbedingten Eigenschaften zurückzuführen sein: Während Proteobacteria aerobe, anaerobe und fakultativ anaerobe Arten sind (KERSTERS et al., 2006), sind Bacteroidetes obligat anaerob (SPENCE et al., 2006).

#### *Alpha-Diversität*

Die Alpha-Diversität charakterisiert die effektive Anzahl der Spezies (Artenvielfalt von Organismen) in den jeweiligen Darmproben (BEULE, 2018). Die Herkunft der Proben (Jejunum, Ileum, Caecum, Colon) zeigte einen deutlich signifikanten Einfluss auf die Alpha-Diversität (Tab.15). Unabhängig von der verwendeten Metrik (Observed Richness oder Shannon-Entropy) zeigte die ANOVA einen signifikanten Einfluss der Probenherkunft auf die Artenvielfalt. Die Alpha-Diversität nahm von Jejunum, über Ileum, und Caecum bis hin zum Colon zu (Tab. 16). Die größere Artenvielfalt im Colon im Vergleich zum Jejunum und Ileum wurde auch in weiteren Forschungsarbeiten beschrieben (LOOFT et al., 2014; YANG et al., 2016; HOLMAN et al., 2017).

Im Vergleich zum Dickdarm ist die Alpha-Diversität in den Dünndarmabschnitten auf Grund von physiologischen Unterschieden deutlich geringer (SCHWARZ et al., 2002; BEVINS und SALZMAN, 2011; KELLY et al., 2017). Dies könnte auf die genannte geringere Passagerate des Chymus im Dickdarm (SCHWARZ et al., 2002), eine geringere Menge an antimikrobiellen Faktoren (BEVINS und SALZMAN, 2011) sowie einer erhöhten Zufuhr nicht absorbierter, fermentierbarer Substrate (KELLY et al., 2017) zurückgeführt werden. Besonderes betont wird von KELLY et al. (2017) die Bedeutung des Anteils löslicher Faser im Futter.

**Tabelle 15:** Einfluss von Mastendgewicht, Geschlecht, Fütterung, Durchgang und Probenherkunft auf die Alpha-Diversität (Observed richness und Shannon entropy) über alle Proben und für die einzelnen Darmabschnitte Jejunum, Ileum, Caecum und Colon

	FFW	G	T	R	O	MSE	CV
<b>Alle Proben (n= 192)</b>							
Observed richness	0,563	0,148	0,603	0,234	≤ <b>0,001</b>	8198,38	0,30
Shannon entropy	0,517	0,374	0,408	0,517	≤ <b>0,001</b>	0,474	0,19
<b>Jejunum (n = 47)</b>							
Observed richness	0,831	0,200	0,278	0,792	/	450,29	0,32
Shannon entropy	0,622	0,372	0,827	0,802	/	2,21	0,41
<b>Ileum (n = 41)</b>							
Observed richness	0,645	0,603	0,726	0,260	/	12763,18	0,63
Shannon entropy	0,953	0,630	0,745	0,701	/	0,82	0,35
<b>Caecum (n = 52)</b>							
Observed richness	0,947	0,247	0,917	0,864	/	11521,69	0,24
Shannon entropy	0,394	0,966	0,306	0,945	/	0,05	0,05
<b>Colon (n = 52)</b>							
Observed richness	0,303	0,463	0,561	0,463	/	9092,83	0,18
Shannon entropy	0,183	0,600	0,355	0,786	/	0,23	0,09

FFW = Mastendgewicht, G = Geschlecht, T = Fütterung, R = Durchgang, O = Probenherkunft.

**Tabelle 16:** LSQ-Mittelwerte ( $\pm$ Standardfehler) der einzelnen Darmabschnitte für die Alpha-Diversität (Observed richness und Shannon entropy)

	Jejunum	Ileum	Caecum	Colon
Observed richness	70,8 $\pm$ 16,9 <sup>a</sup>	139,0 $\pm$ 17,8 <sup>b</sup>	447,0 $\pm$ 15,8 <sup>c</sup>	517,4 $\pm$ 15,8 <sup>d</sup>
Shannon entropy	1,91 $\pm$ 0,12 <sup>a</sup>	2,66 $\pm$ 0,12 <sup>b</sup>	4,76 $\pm$ 0,11 <sup>c</sup>	4,89 $\pm$ 0,11 <sup>c</sup>

Verschiedene Buchstaben kennzeichnen statistisch signifikante Unterschiede ( $p \leq 0,05$ ).

Im Gegensatz zum Faktor Darmabschnitt konnten zwischen den Fütterungsgruppen keine Unterschiede in der Alpha-Diversität beobachtet werden (Tab. 15 und Tab 17). Grund hierfür könnten die zum Teil nur marginalen Unterschiede im N/P-Gehalt der C- und LP-Rationen sein. Weitere untersuchten Einflussfaktoren (Geschlecht, Durchgang, Mastendgewicht) zeigten ebenfalls keine statistisch signifikanten Auswirkungen auf die Artenvielfalt der untersuchten Proben.

**Tabelle 17:** LSQ-Mittelwerte ( $\pm$ Standardfehler) der C- und LP-Gruppe für die Alpha-Diversität (Observed richness and Shannon entropy)

	C	LP
<b>Alle Proben (n = 192)</b>		
Observed richness	298 $\pm$ 12,5 <sup>a</sup>	289 $\pm$ 12,8 <sup>a</sup>
Shannon entropy	3,59 $\pm$ 0,08 <sup>a</sup>	3,49 $\pm$ 0,09 <sup>a</sup>
<b>Jejunum (n = 47)</b>		
Observed richness	71,2 $\pm$ 7,04 <sup>a</sup>	60,0 $\pm$ 7,53 <sup>a</sup>
Shannon entropy	3,67 $\pm$ 0,16 <sup>a</sup>	3,62 $\pm$ 0,17 <sup>a</sup>
<b>Ileum (n = 41)</b>		
Observed richness	137 $\pm$ 29,8 <sup>a</sup>	123 $\pm$ 31,4 <sup>a</sup>
Shannon entropy	2,67 $\pm$ 0,34 <sup>a</sup>	2,58 $\pm$ 0,25 <sup>a</sup>
<b>Caecum (n = 52)</b>		
Observed richness	447 $\pm$ 24,3 <sup>a</sup>	4451 $\pm$ 24,3 <sup>a</sup>
Shannon entropy	4,83 $\pm$ 0,16 <sup>a</sup>	4,59 $\pm$ 0,16 <sup>a</sup>
<b>Colon (n = 52)</b>		
Observed richness	537 $\pm$ 25,8 <sup>a</sup>	515 $\pm$ 25,8 <sup>a</sup>
Shannon entropy	4,98 $\pm$ 0,17 <sup>a</sup>	4,75 $\pm$ 0,17 <sup>a</sup>

C = Kontrollgruppe, LP = Versuchsgruppe, verschiedene Buchstaben kennzeichnen statistisch signifikante Unterschiede ( $p \leq 0,05$ ).

Hinsichtlich der Untersuchung der genetischen Einflussfaktoren auf die Alpha-Diversität und seinen Indikatoren zeigte sich, dass die Heritabilität ( $h^2$ ) in keinem Fall und die Interaktionskomponente ( $gi^2$ ) nur in vier Fällen den Wert 0,01 überstieg (Tab. 18).

Das Ergebnis der  $h^2$ -Schätzung steht im Widerspruch zu den Ergebnissen von LU et al. (2018), die von  $h^2$  für die Alpha-Diversität in Kotproben im Bereich von bis zu 0,20 berichteten. Dabei stellten die Autoren einen Anstieg der  $h^2$  mit zunehmendem Alter des Wirts fest. Ursache für diese Diskrepanzen könnten verschiedene Rassen (Piétrain-Väter (vorliegende Studie) versus Duroc-Väter (Lu et al., 2018) sowie die unterschiedlich große Anzahl an Beobachtungen (52 Tiere von 20 Vätern (vorliegende Studie) versus ~1.000 Tiere von 28 Vätern (LU et al., 2018)) sein.

Die zum Teil deutlich von 0 abweichenden Werte für die Interaktionskomponente  $gi^2$ , insbesondere im Jejunum (Observed Richness), im Caecum (Shannon-Entropy) und im Colon (Observed Richness und Shannon-Entropy), suggerieren einen genetischen Einfluss abhängig von der Fütterungsgruppe auf die Alpha-Diversität. Aufgrund der vergleichsweise geringen Unterschiede im Futter sowie der geringen Anzahl an Beobachtungen ist dieses Ergebnis jedoch mit größeren Tierzahlen zu verifizieren.

**Tabelle 18:** Heritabilität, permanente Umwelt und anteilige Varianz von KB-Eber×Fütterung für die Alpha-Diversität (Observed richness und Shannon entropy)

	$h^2$	$pe^2$	$gi^2$
<b>Alle Proben (n = 192)</b>			
Observed richness	0,00	0,02	0,00
Shannon entropy	0,01	0,00	0,00
<b>Jejunum (n = 47)</b>			
Observed richness	0,00	/	<b>0,18</b>
Shannon entropy	0,00	/	0,00
<b>Ileum (n = 41)</b>			
Observed richness	0,00	/	0,00
Shannon entropy	0,00	/	0,00
<b>Caecum (n = 52)</b>			
Observed richness	0,00	/	0,00
Shannon entropy	0,00	/	<b>0,73*</b>
<b>Colon (n = 52)</b>			
Observed richness	0,00	/	<b>0,15</b>
Shannon entropy	0,00	/	<b>0,34</b>

$h^2$  = Heritabilität,  $pe^2$  = permanenter Umwelteffekt,  $gi^2$  = anteilige Varianz von KB-Eber×Fütterung, \* =  $p \leq 0.05$ .

### *Beta-Diversität*

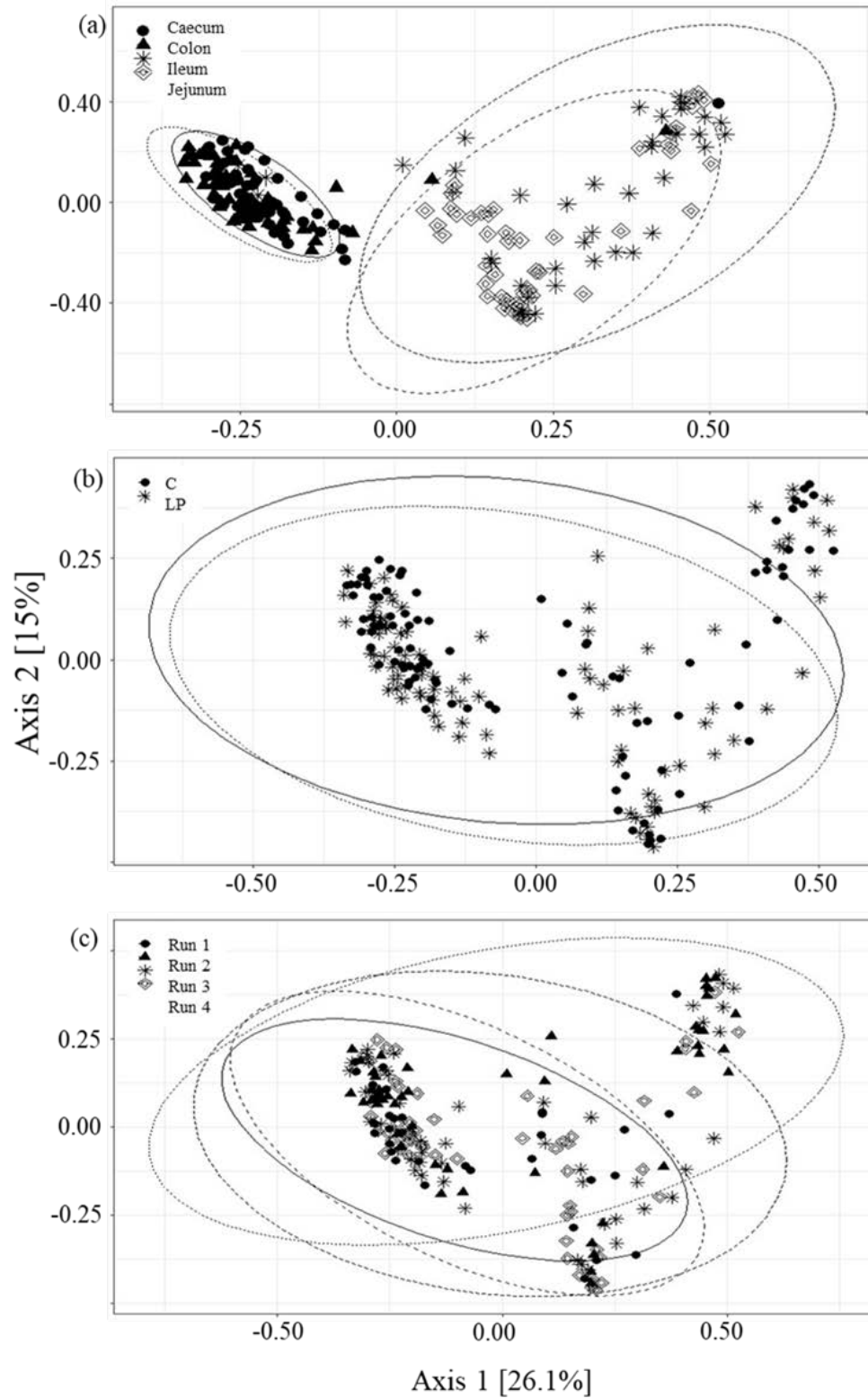
Mit dem berechneten Werten für die Beta-Diversität wird die Ähnlichkeit bzw. Variabilität zwischen Individuen im gleichen Lebensraum in Bezug auf die nachgewiesenen Mikroorganismen charakterisiert (BEULE, 2018). Mit anderen Worten, die Beta-Diversität innerhalb einer Kohorte (z.B. Darmabschnitt) beschreibt die Ähnlichkeit der tier-individuell erfassten Proben innerhalb dieser Gruppe. Die berechneten Beta-Diversität Indikatoren Bray-Curtis bzw. UniFrac lassen sich als Distanzindikatoren zwischen den Proben interpretieren. Mit Hilfe der Principle Coordinates Analysis (PCoA) ist es möglich, die hochdimensionale Struktur der tier-individuell berechneten Beta-Diversität Indikatoren auf eine beschränkte Anzahl von (2) Hauptkomponenten zu komprimieren. Die Struktur der Proben lässt sich anschließend zweidimensional darstellen und in Form von Clustern bildlich abgrenzen (siehe Abb. 13). Darüber hinaus wurde eine multivariate Varianzanalyse (PerMANOVA) mit den in Tab. 19 angegeben Modellfaktoren und allen möglichen zweifach Interaktionen durchgeführt. Es zeigte sich, dass von diesen Interaktionen nur die Kombination Durchgang × Fütterungsgruppe einen signifikanten Einfluss ausübte und als einzige Interaktion im endgültigen Auswertungsmodell verblieb.



Aufgrund der im Sinne des Projektziels hohen Bedeutung der Fütterungsgruppe, wurde, trotz fehlender Signifikanz der beteiligten zweifach Interaktionen innerhalb der Darmabschnitte, die Varianzanalysen auch innerhalb der Darmabschnitte als auch innerhalb der Durchgänge durchgeführt. Die in unserer Studie geschätzten Beta-Diversitäten zeigten deutliche Unterschiede zwischen den Dünn- und Dickdarmabschnitten. Die Proben der Dickdarmabschnitte sind sich dabei erkennbar ähnlicher, als die der Dünndarmabschnitte (Abb. 13a). Dieses Ergebnis zeigt sich auch in der Signifikanz des Modellfaktors Darmabschnitt (Tab. 19). Eine ähnlich abgrenzbare Clusterbildung von Jejunum und Ileum sowie Caecum und Colon ist der Arbeit von YANG et al. (2016) zu entnehmen. Wie bereits oben erwähnt, kann diese Abgrenzung auf die anatomischen, funktionalen und physiologischen Unterschiede zwischen Dünn- und Dickdarm zurückgeführt werden.

Zwischen den Fütterungsgruppen deuteten sich ebenfalls abgrenzbare Clusterunterschiede an (Abb. 13b), die sich zum Teil statistisch signifikant über das gesamte Datenmaterial und in den Darmabschnitten Jejunum und Colon absichern ließen. Im Vergleich zu den Clustern der Darmabschnitte waren diese Unterschiede jedoch weit weniger ausgeprägt bzw. abgrenzbar. Deutlich erkennbare (Abb. 13c) und Unterschiede zeigten sich bei Betrachtung der vier Durchgänge. Die hierbei festgestellten Unterschiede könnten sich durch die Variationen der C- und LP-Rationen erklären lassen.

Neben dem allgemeinen Durchgangseffekt hatte auch die Interaktion Durchgang  $\times$  Fütterungsgruppe (D $\times$ FG) einen Einfluss auf die Bray-Curtis-Distanzmaß. Besonders deutliche Unterschiede zwischen C- und LP-Gruppe traten zwischen Durchgang 1 und 4 auf. In Durchgang 3 konnte lediglich ein Trend beobachtet werden und in Durchgang 2 wurde kein signifikanter Unterschied zwischen den Fütterungsgruppen festgestellt. In diesem Durchgang wich die tatsächliche N/P-Reduktion am deutlichsten von der beabsichtigten Reduktion ab, die C- und LP-Rationen waren sich hier sehr ähnlich. Variationen in der Bray-Curtis-Distanzmaß zwischen den Fütterungsgruppen in den Durchgängen 1, 3 und 4 könnten auf Unterschiede im XP- und Fasergehalt zwischen C- und LP-Rationen zurückgeführt werden. ZHANG et al. (2020) berichteten, dass XP-reiche Rationen zu einer höheren Menge an unverdaulichem Protein im Dickdarm führen können, welches als Nahrungsquelle für oftmals pathogene Mikroben dienen kann. Die Reduktion des XP-Gehalts ging mit dem Anstieg des Anteils löslicher Faser in der Ration einher. Diese lösliche Faser kann von nützlichen Mikroben als Substrat genutzt werden, was zur Gesunderhaltung des Darms beiträgt (SZABÓ et al., 2023). Zusammengefasst bedeutet dies, dass eine Verringerung im XP-Gehalt bei gleichzeitiger Erhöhung des Gehaltes an löslicher Faser einen günstigen Effekt auf die Entwicklung der bakteriellen Gemeinschaft und die Darmgesundheit des Wirts haben kann.



**Abbildung 13:** Beta-Diversität (Bray-Curtis) des intestinalen Mikrobioms (principal coordinates analysis (PCoA))

(a) für die einzelnen Darmabschnitte (Jejunum, Ileum, Caecum, Colon); (b) für die Fütterungsgruppen (C- und LP-Gruppe); (c) für die einzelnen Durchgänge (1,2,3,4).

(Unifrac mit stark ähnlichen Ergebnissen, deshalb hier nicht gezeigt)

**Tabelle 19:** Einfluss von Mastendgewicht, Probenherkunft, Durchgang, Fütterung, Geschlecht und Durchgang×Fütterungsgruppe auf die Beta-Diversität (Bray-Curtis und UniFrac) über alle Proben und in Jejunum, Ileum, Caecum und Colon, sowie in den Durchgängen 1,2,3, und 4

	FFW	O	Durchgang	FG	Geschlecht	D×FG
<b>Alle Proben (n = 192)</b>						
Bray-Curtis	0,909	<b>0,001</b>	<b>0,001</b>	<b>0,048</b>	0,059	<b>0,005</b>
UniFrac	0,183	<b>0,001</b>	<b>0,001</b>	0,097	<b>0,031</b>	0,217
<b>Darmabschnitte</b>						
<b>Jejunum (n = 42)</b>						
Bray-Curtis	0,475	/	0,173	0,152	0,307	0,414
UniFrac	0,545	/	0,527	0,046	0,242	0,786
<b>Ileum (n = 41)</b>						
Bray Curtis	0,693	/	0,544	0,815	0,901	0,738
UniFrac	0,979	/	0,437	0,986	0,970	0,885
<b>Caecum (n = 52)</b>						
Bray Curtis	0,890	/	0,208	0,176	<b>0,049</b>	0,372
UniFrac	0,216	/	0,293	0,406	<b>0,018</b>	0,689
<b>Colon (n = 52)</b>						
Bray-Curtis	0,898	/	0,547	<b>0,039</b>	0,447	0,783
UniFrac	0,599	/	0,682	0,071	0,181	0,448
<b>Durchgänge</b>						
<b>Durchgang 1 (n=31)</b>						
Bray-Curtis	0,377	<b>0,001</b>	/	<b>0,020</b>	<b>0,004</b>	/
UniFrac	0,284	<b>0,001</b>	/	0,173	0,137	/
<b>Durchgang 2 (n=50)</b>						
Bray-Curtis	0,523	<b>0,001</b>	/	0,567	0,292	/
UniFrac	<b>0,006</b>	<b>0,001</b>	/	0,164	0,092	/
<b>Durchgang 3 (n=49)</b>						
Bray-Curtis	0,613	<b>0,001</b>	/	0,065	0,376	/
UniFrac	<b>0,025</b>	<b>0,001</b>	/	0,099	0,098	/
<b>Durchgang 4 (n=61)</b>						
Bray-Curtis	0,153	<b>0,001</b>	/	<b>0,011</b>	<b>0,028</b>	/
UniFrac	<b>0,039</b>	<b>0,001</b>	/	0,189	<b>0,019</b>	/

FFW = Mastendgewicht, O = Probenherkunft, D = Durchgang, FG = Fütterung

Zwischen männlichen und weiblichen Tieren zeigten sich nur zum Teil Unterschiede in der Beta-Diversität (Tab. 19). Diese Unterschiede waren insbesondere im Caecum sehr deutlich. Generell entsprechen solche Unterschiede zwischen Geschlechtern früheren Erkenntnissen. So berichteten beispielsweise HE et al. (2019), dass das Fäkalmikrobiom von weiblichen Tieren von Arten dominiert wurde, die mit Fettleibigkeit und dem Energiestoffwechsel assoziiert werden, während das Mikrobiom von männlichen Schweinen von Arten dominiert wurde, die mit dem Kohlenhydratstoffwechsel assoziiert werden. Im Zuge dessen wurde eine signifikante Interaktion zwischen Darmmikrobiom und Sexualhormonstoffwechsel identifiziert (HE et al., 2019).

In den Durchgängen 2, 3 und 4 hatte auch das Mastendgewicht einen signifikanten Einfluss auf die Beta-Diversität, gemessen anhand des UniFrac-Distanzmaßes. Eine mögliche Erklärung dafür könnte die Assoziation bestimmter Stoffwechselwege mit verschiedenen bakteriellen Stämmen sein: Es ist bekannt, dass das Verhältnis von Firmicutes zu Bacteroidetes mit dem Auftreten von Fettleibigkeit in Zusammenhang steht. Firmicutes spielen eine entscheidende Rolle in der Regulation von Hunger, während Bacteroidetes mit der Immunmodulation assoziiert werden (STOJANOV et al., 2020). Auch PEDERSEN et al. (2013) zeigte eine positive Korrelation zwischen dem Mastendgewicht von Schweinen und dem Anteil an Firmicutes und eine negative Korrelation zwischen Mastendgewicht und dem Anteil an Bacteroidetes.

Der zufällige Effekt des KB-Ebers wurde in dieser Analyse nicht berücksichtigt. Es ist nicht auszuschließen, dass dieser Effekt mit dem des Durchgangs zusammenhängt, da jeder KB-Eber nun in je einem Durchgang eingesetzt wurde. Weitergehende Untersuchungen sind dafür erforderlich, um zwischen diesen Effekten in Bezug zur Beta-Diversität differenzieren zu können.

### 3.7.2 Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzung

Nach der Charakterisierung der bakteriellen Gemeinschaft umfasste der nächste Schritt die Schätzung der Varianzkomponenten einschließlich  $h^2$  und  $m^2$  für Mastleistungs-, Futtereffizienz- und N/P-assoziierte Merkmale (Tab. 20). Dabei wurden die additive genetischen und Darm-mikrobiellen Ähnlichkeiten zwischen den Proben bei Modellierung der entsprechenden zufälligen Effekte berücksichtigt.

Die Schätzwerte für  $h^2$  waren im Vergleich zu den für  $m^2$ , mit einer Ausnahme (ADG im Colon), höher. Das heißt, dass die genetische Veranlagung des Wirts in der Regel einen größeren Einfluss auf die Merkmale hatte als die Variation innerhalb des Mikrobioms. ALIAKBARI et al. (2022) berichteten ebenfalls über  $h^2 > m^2$ -Ergebnisse für Merkmale im Zusammenhang mit Wachstumsleistung und Futtereffizienz. CAMARINHA-SILVA et al. (2017) konnten dies für ADG bestätigen, jedoch nicht für ADFC und FCR. In Bezug auf die N/P-

assoziierten Merkmale liegen nach unserem Kenntnisstand bisher keine vergleichbaren Daten mit  $m^2$ -Schätzungen vor.

**Tabelle 20:** Heritabilität und Mikrobiability für Merkmale der Mastleistung, der Futtereffizienz und der N/P-Ausscheidung für Jejunum, Ileum, Caecum und Colon

		Jejunum	Ileum	Caecum	Colon
ADG	$h^2$	0,07±0,39	0,07±0,37	0,07±0,39	0,00±0,37
	$m^2$	0,00±0,22	0,00±0,15	0,00±0,44	0,17±0,66
ADFC	$h^2$	0,32±0,42	0,32±0,42	0,32±0,42	0,32±0,42
	$m^2$	0,00±0,23	0,00±0,15	0,00±0,42	0,00±0,62
FCR	$h^2$	0,77±0,40	0,77±0,40	0,77±0,37	0,79±0,41
	$m^2$	0,00±0,19	0,00±0,13	0,61±0,43	0,27±0,51
RFI	$h^2$	0,67±0,41	0,67±0,41	0,72±0,40	0,67±0,41
	$m^2$	0,00±0,20	0,00±0,13	0,26±0,43	0,04±0,57
ADN	$h^2$	0,23±0,39	0,15±0,40	0,15±0,40	0,15±0,40
	$m^2$	0,27±0,31	0,00±0,15	0,00±0,44	0,00±0,63
$N_{in}$	$h^2$	0,39±0,42	0,38±0,42	0,38±0,42	0,38±0,41
	$m^2$	0,00±0,22	0,00±0,14	0,00±0,42	0,00±0,61
$N_{ex}$	$h^2$	0,00±0,35	0,00±0,38	0,00±0,38	0,00±0,38
	$m^2$	0,00±0,23	0,00±0,15	0,00±0,44	0,00±0,63
UNE	$h^2$	0,68±0,07	0,67±0,13	0,67±0,14	0,68±0,13
	$m^2$	0,00±0,12	0,06±0,12	0,03±0,22	0,10±0,35
ADP	$h^2$	0,63±0,40	0,67±0,41	0,68±0,41	0,68±0,41
	$m^2$	0,22±0,27	0,00±0,13	0,00±0,37	0,18±0,59
$P_{in}$	$h^2$	0,35±0,42	0,35±0,42	0,34±0,42	0,34±0,42
	$m^2$	0,00±0,22	0,00±0,14	0,00±0,42	0,00±0,61
$P_{ex}$	$h^2$	0,01±0,38	0,02±0,38	0,02±0,39	0,02±0,38
	$m^2$	0,001±0,23	0,00±0,15	0,00±0,44	0,00±0,63

$h^2$  = Heritabilität,  $m^2$  = Mikrobiability, ADG = mittlere tägliche Zunahme, ADFC = mittlerer täglicher Futterverbrauch, FCR = Futteraufwand, RFI = Restfutteraufnahme, N = Stickstoff, P = Phosphor, ADN = N-Verdaulichkeit,  $N_{in}$  = N-Aufnahme,  $N_{ex}$  = N-Ausscheidung mit dem Kot, UNE = N-Ausscheidung mit dem Harn, ADP = P-Verdaulichkeit,  $P_{in}$  = P-Aufnahme,  $P_{ex}$  = P-Ausscheidung mit dem Kot.

Die  $h^2$  für ADG (0,00 bis 0,07) war niedriger verglichen mit den Angaben aus der Literatur (0,42-0,47). Im Gegensatz dazu konnten für FCR ( $h^2$ : 0,77 - 0,79) und RFI ( $h^2$ : 0,67-0,72) deutlich höher  $h^2$  verglichen mit Literaturwerten (FCR: 0,19-0,35; RFI: 0,30-0,32) beobachtet werden (CAMARINHA-SILVA et al., 2017; ALIAKBARI et al., 2022). Diese Unterschiede könnten durch Unterschiede im Versuchsdesign (Stichprobengröße, Herkunft der Proben, Geschlecht des Wirts und Rasse) erklärbar sein. In der vorliegenden Studie wurden Proben aus Jejunum, Ileum, Caecum und Colon von 52 weiblichen und männlichen Piétrain × Deutschen Landrasse-Mastschweinen untersucht. In den beiden zitierten Studien handelte es sich um Kotproben von

207 weiblichen Piétrain-Schweinen (CAMARINHA-SILVA et al., 2017) und 604 weiblichen und kastrierten männlichen Large White-Schweinen (ALIAKBARI et al., 2022). Beinahe alle  $h^2$ -Schätzer waren vergleichbar mit den entsprechenden  $h^2$ -Werten, die bereits unter dem Punkt 3.4 dieser Arbeit vorgestellt wurden, mit einer Ausnahme: die  $h^2$  für die P-Verdaulichkeit lag in unerwartet hohen Bereichen.

Wie erwartet unterschieden sich  $h^2$ -Schätzungen in der vorliegenden Studie nur in sehr geringem Maße zwischen den Darmabschnitten. Die  $h^2$ -Differenzen bewegen sich je Merkmal i.d.R. zwischen 0,01 und 0,02 (Tab. 20). Im Gegensatz dazu sind die Unterschiede zwischen den geschätzten  $m^2$  deutlich stärker ausgeprägt. Das Mikrobiom des Dünndarms (Jejunum und Ileum) schien generell keinen Einfluss auf die Variation der Merkmale zu haben ( $m^2=0,00$ ), mit der Ausnahme der  $m^2$  für die N/P-Verdaulichkeit im Jejunum. Angesichts der Rolle des Jejunums als primärer Ort für die Nährstoffverdauung und -absorption (SZABÓ et al., 2023), könnten die bemerkenswerten  $m^2$ -Werte von 0,27 und 0,22 durch einen möglichen Einfluss des Mikrobioms unterschiedliche Stoffwechselprozesse erklärt werden (WANG und QIAN, 2009).

Die  $m^2$ -Werte für ADFC im gesamten Dickdarm und ADG im Caecum lagen bei 0,00. Diese Beobachtungen entsprechen den Ergebnissen von ALIAKBARI et al. (2022), während in der Arbeit von CAMARINHA-SILVA et al. (2017) höhere  $m^2$  beobachtet werden konnten. Beide Studien basieren aber auf den Daten des Mikrobioms, welches in Kotproben erfasst wurde. Die moderate  $m^2$  von 0,17 für ADG im Colon deutet auf einen Einfluss des Mikrobioms auf das Merkmal hin und liegt im Bereich der in der Literatur berichteten  $m^2$  von 0,03 bis 0,28 (CAMARINHA-SILVA et al., 2017; ALIAKBARI et al., 2022).

Die Futtereffizienzmerkmale FCR und RFI wiesen hohe  $m^2$ -Werte in den Dickdarmabschnitten auf. Im Colon lagen diese im Bereich der Literaturwerte für  $m^2$  im Kot (CAMARINHA-SILVA et al., 2017; ALIAKBARI et al., 2022), während sie im Caecum sogar darüber lagen. Die signifikante Rolle des Mikrobioms für die Futtereffizienz steht im Einklang mit den Ergebnissen von BERGAMASCHI et al. (2020), welche bestimmte Gattungen (z. B. *Lactobacillus*) mit Futtereffizienzmerkmalen in Beziehung bringen konnten. Die Ursache lässt sich physiologischer Sicht erklären: Wie bereits beschrieben, stellt der Dickdarm den zentralen Ort für die mikrobielle Fermentation dar, die unter anderem durch Produktion von kurzkettigen Fettsäuren (SCFAs) zahlreiche Vorteile für den Wirt bringt und somit die Futtereffizienz beeinflussen kann (SZABÓ et al., 2023; YANG et al., 2016).

Hinsichtlich der N/P-assozierten Merkmale deuten die  $m^2$ -Werte im Dickdarm, insbesondere im Colon, auf einen mikrobiellen Einfluss auf die P-Verdaulichkeit und die N-Ausscheidung

über den Harn hin, jedoch nicht auf die N/P-Aufnahme und die N/P-Ausscheidung über den Kot. Interessanterweise konnte auch kein mikrobieller Einfluss auf die N-Verdaulichkeit nachgewiesen werden, obwohl das Mikrobiom durch Synthese von mikrobiellem Protein im Dickdarm wie bereits mehrfach erwähnt erheblichen Einfluss auf die N-Verdaulichkeit haben kann (MORGAN und WHITTEMORE, 1988; MOSENTHIN et al., 1992). Die vergleichsweise kleine Stichprobengröße, die den Schätzungen zugrunde liegt, könnte mögliche Diskrepanzen und die recht hohen Standardfehler in Tab. 20 erklären. Trotz allem legt die vorliegende Untersuchung nahe, dass das Mikrobiom, wie erwartet, wichtige Zielmerkmale in der Schweineproduktion beeinflussen kann, darunter Futtereffizienz und N/P-Verdaulichkeit.

### 3.7.3 Ergebnisse der mikrobiellen Assoziationsanalyse (MWAS)

Im Rahmen der mikrobiomweite Assoziationsstudien (MWAS) wurde der Einfluss einzelner bakterieller Spezies, sogenannter Amplikon-Sequenzvarianten (ASVs), die durch die 16S rRNA-Analyse identifiziert wurden, auf die Mastleistungs-, Futtereffizienz- und N/P-assoziierte Merkmale untersucht. Die mittels der MWAS geschätzten Regressionskoeffizienten geben an, um wieviel verändert sich ein Produktionsmerkmal, wenn der prozentuale Anteil eines ASVs um 1% ansteigt.

Nach unserem Kenntnisstand basierten bisherige MWAS auf Kotproben und konzentrierten sich auf Merkmale der Mastleistung und Futtereffizienz (CAMARINHA-SILVA et al., 2017; ALIAKBARI et al., 2022). In der vorliegenden Studie wurde die MWAS für einzelne Darmabschnitte durchgeführt und untersucht dabei nicht nur Leistungsmerkmale, sondern auch N/P-assoziierte Merkmale. Es ist wichtig zu beachten, dass nach der eher konservativen (strengen) Korrektur des Signifikanzniveaus auf Grund des multiplen Testens, keine ASV gefunden wurde, die signifikant ( $p \leq 0,001$ ) mit einem der Merkmale assoziiert war (Tab. 21, Abb. A1). Dies ist wahrscheinlich auf die geringe Stichprobengröße ( $n = 52$  pro Darmabschnitt) und die hohe Anzahl der getesteten ASVs zurückzuführen. Detektierte Mikroben zeigten jedoch nominale Signifikanz ( $p \leq 0,05$ ) oder einen nominalen Trend ( $p \leq 0,01$ ).

In sowohl Dünn- als auch Dickdarmproben wurden jeweils vergleichbare Anzahl nominal oder tendenziell nominal signifikanten darmspezifische ASVs für die Merkmale  $P_{ex}$ , UNE und ADG gefunden (Tab. 21). Die im Jejunum identifizierten ASVs waren mit  $P_{ex}$  im Kot assoziiert, während die im Ileum gefundenen ASVs entweder mit der N-Verdaulichkeit oder der UNE in Verbindung standen. Letztere war auch mit den im Caecum identifizierten ASVs assoziiert, während die im Colon gefundenen ASVs eine Beziehung zur ADG oder zur P-Verdaulichkeit zu haben schienen. Die entsprechenden Regressionskoeffizienten waren niedrig, was darauf

hinweist, dass eine große Anzahl von ASVs nur einen sehr geringen Einfluss auf die entsprechenden Ausscheidungsmerkmale hat. Aufgrund fehlender Informationen sind derzeit keine weiteren Vergleiche mit der Literatur möglich.

Weitere Studien detektierten ASVs, die mit ADFC und den Futtereffizienzmerkmalen FCR und RFI assoziiert waren (CAMARINHA-SILVA et al., 2017). Solche Assoziationen konnten in der vorliegenden Studie nicht beobachtet werden. Aufgrund der  $m^2$  von null (Tab. 20, Abschnitt 3.7.2) für ADFC war auch nicht zu erwarten, dass einzelne ASVs einen signifikanten Einfluss haben würden. Angesichts der hohen  $m^2$  für FCR und RFI im Caecum und Colon hätten Assoziationen zwischen ASVs und Futtereffizienz erwartet werden können. Ursache hierfür könnte möglicherweise die begrenzte Probenanzahl sein.



**Tabelle 21:** Taxonomie und geschätzte Regressionskoeffizienten (aus back solving BLUP solutions) für ASVs mit nominal signifikanten ( $p \leq 0.05$ ) oder tendenziell nominal signifikanten ( $p \leq 0.1$ ) Assoziationen mit Leistungs- und Nährstoffnutzungseffizienzmerkmalen

Ort	Merkmal	ASV	p-Wert	Phylum	Klasse	Ordnung	Familie	Gattung	Regressionskoeffizient
Jejunum	P <sub>EX</sub>	ASV0505	0,017	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Muribaculaceae</i>	<i>undefined</i>	0,00002
		ASV2178	0,017	<i>Firmicutes</i>	<i>Negativicutes</i>	<i>Selenomonadales</i>	<i>Selenomonadaceae</i>	<i>undefined</i>	0,00002
		ASV2285	0,019	<i>Firmicutes</i>	<i>Negativicutes</i>	<i>Veillonellales</i>	<i>Veillonellaceae</i>	<i>Megasphaera</i>	0,00002
		ASV3534	0,019	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Prevotellaceae</i>	<i>Alloprevotella</i>	0,00002
		ASV4383	0,018	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Oscillospirales</i>	<i>Oscillospiraceae</i>	<i>undefined</i>	0,00002
Ileum	ADN	ASV4523	0,026	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Oscillospirales</i>	<i>Oscillospiraceae</i>	<i>UCG-005</i>	0,00004
		ASV0398	0,026	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Muribaculaceae</i>	<i>undefined</i>	0,00004
		ASV2100	0,026	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Peptococcales</i>	<i>Peptococcaceae</i>	<i>undefined</i>	0,00004
		ASV4528	0,026	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Oscillospirales</i>	<i>Oscillospiraceae</i>	<i>UCG-005</i>	0,00004
		ASV5370	0,026	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Lachnospirales</i>	<i>Lachnospiraceae</i>	<i>Moryella</i>	0,00004
	UNE	ASV3837	0,085	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Clostridiales</i>	<i>Ruminococcaceae</i>	<i>undefined</i>	0,00264
		ASV4148	0,088	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Clostridiales</i>	<i>Ruminococcaceae</i>	<i>undefined</i>	0,00269
		ASV4385	0,078	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Oscillospirales</i>	<i>Oscillospiraceae</i>	<i>undefined</i>	0,00148
	Caecum	UNE	ASV3869	0,058	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Clostridiales</i>	<i>Ruminococcaceae</i>	<i>undefined</i>
ASV4461			0,063	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Oscillospirales</i>	<i>Oscillospiraceae</i>	<i>UCG-005</i>	0,00141
ASV4672			0,065	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Oscillospirales</i>	<i>Oscillospiraceae</i>	<i>UCG-010</i>	0,00129
ASV4716			0,065	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Oscillospirales</i>	<i>Oscillospiraceae</i>	<i>UCG-010</i>	0,00128
ASV4727			0,067	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Oscillospirales</i>	<i>Oscillospiraceae</i>	<i>UCG-010</i>	0,00123

Ort	Merkmal	ASV	p-Wert	Phylum	Klasse	Ordnung	Familie	Gattung	Regressions- koeffizient
Colon	ADG	ASV1703	0,083	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Christensenellales</i>	<i>Christensenellaceae</i>	<i>Christensenellaceae_R-7_group</i>	0,05490
		ASV2896	0,080	<i>Firmicutes</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Lactobacillales</i>	<i>Enterococcaceae</i>	<i>RF39</i>	0,05018
		ASV5086	0,088	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Clostridiales</i>	<i>Clostridiaceae</i>	<i>Clostridium</i>	0,04733
	ADP	ASV3691	0,064	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidia</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Prevotellaceae</i>	<i>Prevotellaceae_UCG-003</i>	0,00667
		ASV4157	0,067	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Oscillospirales</i>	<i>Ruminococcaceae</i>	<i>undefined</i>	0,00495
		ASV1642	0,071	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Clostridiales</i>	<i>Clostridiaceae</i>	<i>Clostridia_vadinBB60_group</i>	0,00497
		ASV1554	0,072	<i>Desulfobacterota</i>	<i>Desulfuromonadia</i>	<i>Bradymonadales</i>	<i>Bradymonadaceae</i>	<i>undefined</i>	0,00574
		ASV5633	0,084	<i>Firmicutes</i>	<i>Clostridia</i>	<i>Lachnospirales</i>	<i>Lachnospiraceae</i>	<i>Eubacterium_ruminantum_group</i>	0,00454

ADG = mittlere tägliche Zunahme, P<sub>ex</sub> = P-Ausscheidung mit dem Kot, UNE = N-Ausscheidung mit dem Harn.

Die Rolle der verschiedenen bakteriellen Arten in den verschiedenen Darmabschnitten und ihr Einfluss auf die untersuchten Merkmale ist noch nicht vollständig geklärt (ZHENG et al., 2017). Wie bereits beschrieben, interagieren Mikroben indirekt mit ihrem Wirt durch Produkte aus der mikrobiellen Fermentation, wie kurzkettige Fettsäuren (SCFAs) (STOJANOV et al., 2020). Diese mikrobiellen Metaboliten können wiederum auf indirektem Wege Produktions- und Effizienzmerkmale beeinflussen. Besonders wichtig sind in diesem Zusammenhang die SCFAs Acetat, Propionat, Lactat und Butyrat, die von verschiedenen mikrobiellen Gemeinschaften produziert werden:

Unter den in der MWAS identifizierten ASVs gehören die Familien Muribaculaceae, Prevotellaceae und Christensenellaceae zu den Acetatproduzenten (AMAT et al., 2020; ORMEROD et al., 2016). Diese Mikroben zeigen nicht nur schützende Eigenschaften gegenüber oxidativem Stress, sondern spielen auch eine Rolle in der Immunmodulation. Darüber hinaus kann Acetat als Substrat für die Butyratsynthese anderer mikrobieller Arten dienen (AMAT et al., 2020). Neben Acetat produzieren Muribaculaceae auch Propionat (ORMEROD et al., 2016). Weiterer Propionatproduzenten, welche in dieser Studie beobachtet werden konnten, sind Veillonellaceae. Propionat hat sich als leistungssteigernd erwiesen, da es den Lipidstoffwechsel beeinflusst und als Substrat für die Produktion von Butyrat dienen kann (SCHEIMAN et al., 2019). Die Mitglieder der Familie Enterococcaceae produzierten Lactat, das als Substrat für die Propionatproduktion genutzt werden kann (SCHEIMAN et al., 2019). Darüber hinaus erzeugen diese bakteriziden Stoffe gegen Pathogene (KRAWCZYK et al., 2021). Die Mehrheit der detektierten ASVs sind jedoch Butyratproduzenten. Dazu gehören die Familien Oscillospiraceae, Ruminococcaceae und Clostridiales, die alle zur Ordnung Clostridia gehören (KONIKOFF und GOPHNA, 2016; WONG et al., 2006; GUO et al., 2020). Butyrat gilt als die Hauptenergie- und Kohlenstoffquelle für die Darmepithelzellen, stärkt die Darmbarriere und trägt zur Aufrechterhaltung der Darmhomöostase bei (LUO et al., 2018; GUO et al., 2020), welches zu einer Verringerung des Risikos von Durchfall (GU et al., 2022) und Darmkrebs (WONG et al., 2006) führen kann.

Die genaue Erklärung für die Assoziation bestimmter ASVs mit Zielmerkmalen bleibt weiterhin offen. Die komplexe Beziehung zwischen dem Wirt, seinem Darmmikrobiom und der Umwelt ist noch nicht vollständig erforscht und erfordert weitere eingehende Untersuchungen. Die begrenzte Stichprobengröße im vorliegenden Projekt stellt eine Begrenzung dar und limitiert die Interpretationsmöglichkeiten. Weitere Studien mit einer größeren Datengrundlage sind notwendig, um die Ergebnisse zu validieren.

Dennoch bestätigt die vorliegende Studie, dass die Mikrobiomzusammensetzung einen Einfluss auf die untersuchten Mastleistungs- und Nutzungseffizienz- und N/P-assoziierte Merkmale hat und bilden somit die Grundlage für weitere Forschungsansätze. Im Optimalfall könnte das Mikrobiom als Biomarker für schwer zu erfassende Merkmale dienen.

#### 4 Zusammenfassung

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.  $g^2 < 0,12$ ). Höhere  $g^2$ -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  $g^2$ -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 Dickdarmabschnitte 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-Sequenzvarianten (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

## 5 Summary

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 $\times$ 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) $\times$ 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 $\times$ group effects ( $gi^2$ ), indicating a GUI, were generally below  $h^2$ -values. When  $h^2$  and  $gi^2$  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 extend.

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.

## **6 Schlussfolgerungen für die Umsetzung der Ergebnisse in die Praxis**

Die im Projekt erzielten Ergebnisse zeigen, dass Genotyp  $\times$  Umwelt - Interaktionen bei N/P-assoziierten Merkmalen mit hoher Wahrscheinlichkeit von Bedeutung sind. Dies hat für Zuchtprogramme zur Folge, dass je nach N/P-Reduktion unterschiedliche Schweineherkünfte und -linien in den Produktionsbetrieben eingesetzt werden sollten. Um angepasste Schweinelinien zu züchten, ist es notwendig, die Leistungsprüfung der Nachkommen von KB-Ebern jeweils zeitgleich in zwei Fütterungsvarianten durchzuführen. Hierbei ist zu beachten, dass die eingesetzten Rationen eine ausreichend große N/P-Differenz aufweisen. Nur so kann eine aussagekräftige Differenzierung in den Merkmalen der Nährstoffeffizienz zwischen den Tieren erreicht werden. Mit den Ergebnissen der Leistungsprüfung ließen sich fütterungsspezifische Zuchtwerte der KB-Eber schätzen.

Eine Sammlung von tierindividuellen Kotproben im Rahmen der Leistungsprüfung ist aber unter Praxisbedingungen, aufgrund des Tierschutzes und der entstehenden Kosten, nicht zu realisieren. Die Entwicklung von robust- und einfach zu messenden Indikatormerkmalen für die N/P-Ausscheidung und Verdaulichkeit wären sehr hilfreich, stehen jedoch derzeit nicht zur Verfügung. Im Rahmen zukünftiger Forschungsprojekte könnten hierfür sowohl genomische Informationen als auch Daten des Mikrobioms und/oder weitere Metabolite genutzt werden. Auf diese Art und Weise ist eine verbesserte Zucht auf Umweltverträglichkeit und Robustheit der Schweine vorstellbar.



## 7 Literaturverzeichnis

- ADEOLA, O. (2000): Digestion and Balance Techniques in Pigs. In: A. LEWIS und L. LEE SOUTHERN (Hg.). Swine Nutrition, Second Edition. CRC Press.
- ALIAKBARI, A., ZEMB, O., CAUQUIL, L., BARILLY, C., BILLON, Y. und GILBERT, H. (2022): Microbiability and microbiome-wide association analyses of feed efficiency and performance traits in pigs. *Genet Sel Evol* **54**, 29. <http://doi.org/10.1186/s12711-022-00717-7>.
- AMAT, S., LANTZ, H., MUNYAKA, P. M. und WILLING, B. P. (2020): Prevotella in Pigs: The Positive and Negative Associations with Production and Health. *Microorganisms* **8**. <http://doi.org/10.3390/microorganisms8101584>.
- BACH, M., KNOLL, L., HÄUBERMANN, U. und BREUER, L. (2020): Nitratbelastung des Grundwassers in Deutschland - Ist das Messnetz schuld? *Wasserwirtsch* **110**, 12–17. <http://doi.org/10.1007/s35147-020-0399-6>.
- BAREA, R., NIETO, R., VITARI, F., DOMENEGHINI, C. und AGUILERA, J. F. (2011): Effects of pig genotype (Iberian v. Landrace × Large White) on nutrient digestibility, relative organ weight and small intestine structure at two stages of growth. *Animal* **5**, 547–557. <http://doi.org/10.1017/S1751731110002181>.
- BATES, D., MÄCHLER, M., BOLKER, B. und WALKER, S. (2015): Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. *J Stat Soft* **67**. <http://doi.org/10.18637/jss.v067.i01>.
- BELL, J. M. (1993): Factors affecting the nutritional value of canola meal: A review. *Can J Anim Sci* **73**, 689–697. <http://doi.org/10.4141/cjas93-075>.
- BERGAMASCHI, M., TIEZZI, F., HOWARD, J., HUANG, Y. J., GRAY, K. A., SCHILLEBEECKX, C., McNULTY, N. P. und MALTECCA, C. (2020): Gut microbiome composition differences among breeds impact feed efficiency in swine. *Microbiome* **8**, 110. <http://doi.org/10.1186/s40168-020-00888-9>.
- BEULE, A. G. (2018): Das Mikrobiom – die unplanbare Größe zukünftiger Therapien. *Laryngorhinootologie* **97**, S279–S311. <http://doi.org/10.1055/s-0043-122301>.
- BEVINS, C. L. und SALZMAN, N. H. (2011): Paneth cells, antimicrobial peptides and maintenance of intestinal homeostasis. *Nat Rev Microbiol* **9**, 356–368. <http://doi.org/10.1038/nrmicro2546>.
- BOLYEN, E., RIDEOUT, J. R., DILLON, M. R., BOKULICH, N. A., ABNET, C. C., AL-GHALITH, G. A., ALEXANDER, H., ALM, E. J., ARUMUGAM, M. und ASNICAR, F., Y. BAI, J. E. BISANZ, K. BITTINGER, A. BREJNROD und C. J. BRISLAWN, et al. (2019): Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nat Biotechnol* **37**, 852–857. <http://doi.org/10.1038/s41587-019-0209-9>.
- BRANDT, H., WERNER, D. N., BAULAIN, U., BRADE, W. und WEISSMANN, F. (2010): Genotype-environment interactions for growth and carcass traits in different pig breeds kept under conventional and organic production systems. *Animal* **4**, 535–544. <http://doi.org/10.1017/S1751731109991509>.
- BRAY, J. R. und CURTIS, J. T. (1957): An Ordination of the Upland Forest Communities of Southern Wisconsin. *Ecol Monogr* **27**, 325–349. <http://doi.org/10.2307/1942268>.
- BUNDESVERBAND RIND UND SCHWEIN E.V., BRS E.V. (2019): Richtlinie für die Stationsprüfung auf Mastleistung, Schlachtkörperwert und Fleischbeschaffenheit beim Schwein. <https://www.rind-schwein.de/services/files/brs/richtlinien/20190624%20Richtlinie%20NKP%20Deckblatt%20ObenSans.pdf>, zuletzt geprüft am 20.06.2023.
- CAMARINHA-SILVA, A., MAUSHAMMER, M., WELLMANN, R., VITAL, M., PREUSS, S. und BENNEWITZ, J. (2017): Host Genome Influence on Gut Microbial Composition and

- Microbial Prediction of Complex Traits in Pigs. *Genetics* **206**, 1637–1644.  
<http://doi.org/10.1534/genetics.117.200782>.
- CAMPBELL, R. G. und TAVERNER, M. R. (1988): Genotype and sex effects on the relationship between energy intake and protein deposition in growing pigs. *J Anim Sci* **66**, 676–686.  
<http://doi.org/10.2527/jas1988.663676x>.
- CARCÒ, G., DALLA BONA, M., CARRARO, L., LATORRE, M. A., FONDEVILA, M., GALLO, L. und SCHIAVON, S. (2018): Influence of mild feed restriction and mild reduction in dietary amino acid content on feeding behaviour of group-housed growing pigs. *Appl Anim Behav Sci* **198**, 27–35. <http://doi.org/10.1016/j.applanim.2017.09.020>.
- CARPENTER, D. A., O'MARA, F. P. und O'DOHERTY, J. V. (2004): The effect of dietary crude protein concentration on growth performance, carcass composition and nitrogen excretion in entire grower-finisher pigs. *Irish journal of agricultural and food research*, 227–236.
- CASTELL, A. G. und FALK, L. (1980): Effects of dietary canola seed on pig performance and backfat composition. *Can J Anim Sci* **60**, 795–797. <http://doi.org/10.4141/cjas80-092>.
- CHENG, H., LIU, X., XIAO, Q., ZHANG, F., LIU, N., TANG, L., WANG, J., MA, X., TAN, B. und CHEN, J. und X. JIANG (2022): Rapeseed Meal and Its Application in Pig Diet: A Review. *Agriculture* **12**, 849. <http://doi.org/10.3390/agriculture12060849>.
- COVARRUBIAS-PAZARAN, G. (2016): Genome-Assisted Prediction of Quantitative Traits Using the R Package sommer. *PLoS One* **11**, e0156744.  
<http://doi.org/10.1371/journal.pone.0156744>.
- DÉRU, V., BOUQUET, A., LABUSSIÈRE, E., GANIER, P., BLANCHET, B., CARILLIER-JACQUIN, C. und GILBERT, H. (2021): Genetics of digestive efficiency in growing pigs fed a conventional or a high-fibre diet. *J Anim Breed Genet* **138**, 246–258.  
<http://doi.org/10.1111/jbg.12506>.
- DEUTSCHE LANDWIRTSCHAFTS-GESELLSCHAFT, DLG (2019): Leitfaden zur nachvollziehbaren Umsetzung stark N-/P-reduzierter Fütterungsverfahren bei Schweinen. Frankfurt am Main, 4. Aufl.  
[https://www.dlg.org/fileadmin/downloads/landwirtschaft/themen/publikationen/merkblaetter/dlg-merkblatt\\_418.pdf](https://www.dlg.org/fileadmin/downloads/landwirtschaft/themen/publikationen/merkblaetter/dlg-merkblatt_418.pdf).
- EUROPÄISCHE KOMMISSION (2017): Teil A: Toleranzen für die analytischen Bestandteile gemäß Anhang I, V, VI und VII. In: Verordnung (EU) 2017/2279 der Kommission vom 11. Dezember 2017 zur Änderung der Anhänge II, IV, VI, VII und VIII der Verordnung (EG) Nr. 767/2009 des Europäischen Parlaments und des Rates über das Inverkehrbringen und die Verwendung von Futtermitteln (Text von Bedeutung für den EWR. ). <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/DE/TXT/PDF/?uri=CELEX:32017R2279>.
- FABIAN, J., CHIBA, L. I., KUHLEERS, D. L., FROBISH, L. T., NADARAJAH, K., KERTH, C. R., McELHENNEY, W. H. und LEWIS, A. J. (2002): Degree of amino acid restrictions during the grower phase and compensatory growth in pigs selected for lean growth efficiency1. *J Anim Sci* **80**, 2610–2618. <http://doi.org/10.1093/ansci/80.10.2610>.
- FALCONER, D. S. und MACKAY, T. F. C. (2009): Introduction to quantitative genetics. Harlow, 4. Aufl. Pearson, Prentice Hall.
- GASSER, J. A. und WILLNECKER, J. (2019): Bone Measurements by Peripheral Quantitative Computed Tomography in Rodents. *Methods Mol Biol* **1914**, 533–558.  
[http://doi.org/10.1007/978-1-4939-8997-3\\_29](http://doi.org/10.1007/978-1-4939-8997-3_29).
- GEICSNEK-KOLTAY, I. A., BENEDEK, Z., BARANYAI, N. H., SUCH, N., PÁL, L., WÁGNER, L., BARTOS, Á., KOVÁCS, Á., POÓR, J. und DUBLECZ, K. (2022): Impacts of Age, Genotype and Feeding Low-Protein Diets on the N-Balance Parameters of Fattening Pigs. *Agriculture* **12**, 94. <http://doi.org/10.3390/agriculture12010094>.

- GERBER, P. J., STEINFELD, H., HENDERSON, B., MOTTET, A., OPIO, C., DIJKMAN, J., FALCUCCI, A., TEMPIO, G. und WEITERE (2013): Tackling climate change through livestock - A global assessment of emissions and mitigation opportunities. Rome (Italy). Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO).
- GfE (Hg.) (2008): Recommendations for the supply of energy and nutrients to pigs. DLG-Verl.
- GILBERT, H., BILLON, Y., BROSSARD, L., FAURE, J., GATELLIER, P., GONDRET, F., LABUSSIÈRE, E., LEBRET, B., LEFAUCHEUR, L. und LE FLOCH, N., I. LOUVEAU, E. MERLOT, M.-C. MEUNIER-SALAÜN, L. MONTAGNE und P. MORMEDE, et al. (2017): Review: divergent selection for residual feed intake in the growing pig. *Animal* **11**, 1427–1439. <http://doi.org/10.1017/S175173111600286X>.
- GODINHO, R. M., BASTIAANSEN, J. W. M., SEVILLANO, C. A., SILVA, F. F., GUIMARÃES, S. E. F. und BERGSMA, R. (2018): Genotype by feed interaction for feed efficiency and growth performance traits in pigs. *J Anim Sci* **96**, 4125–4135. <http://doi.org/10.1093/jas/sky304>.
- GONZÁLEZ-VEGA, J. C., LIU, Y., MCCANN, J. C., WALK, C. L., LOOR, J. J. und STEIN, H. H. (2016): Requirement for digestible calcium by eleven- to twenty-five-kilogram pigs as determined by growth performance, bone ash concentration, calcium and phosphorus balances, and expression of genes involved in transport of calcium in intestinal and kidney cells. *J Anim Sci* **94**, 3321–3334. <http://doi.org/10.2527/jas.2016-0444>.
- GU, X., SIM, J. X. Y., LEE, W. L., CUI, L., CHAN, Y. F. Z., CHANG, E. D., TEH, Y. E., ZHANG, A.-N., ARMAS, F. und CHANDRA, F., H. CHEN, S. ZHAO, Z. LEE, J. R. THOMPSON und E. E. OOI, et al. (2022): Gut Ruminococcaceae levels at baseline correlate with risk of antibiotic-associated diarrhea. *iScience* **25**, 103644. <http://doi.org/10.1016/j.isci.2021.103644>.
- GÜNTHER, D., GNIFFKE, P. und TARAKJI, Y. (2023): Submission under the United Nations Framework Convention on Climate Change and the Kyoto Protocol 2023 : National Inventory Report for the German Greenhouse Gas Inventory 1990 - 2021. <https://www.umweltbundesamt.de/publikationen/submission-under-the-united-nations-framework-8>.
- GUO, P., ZHANG, K., MA, X. und HE, P. (2020): Clostridium species as probiotics: potentials and challenges. *J Anim Sci Biotechnol* **11**, 24. <http://doi.org/10.1186/s40104-019-0402-1>.
- HE, G., SHANKAR, R. A., CHZHAN, M., SAMOUILOV, A., KUPPUSAMY, P. und ZWEIER, J. L. (1999): Noninvasive measurement of anatomic structure and intraluminal oxygenation in the gastrointestinal tract of living mice with spatial and spectral EPR imaging. *Proc Natl Acad Sci U S A* **96**, 4586–4591. <http://doi.org/10.1073/pnas.96.8.4586>.
- HE, M., GAO, J., WU, J., ZHOU, Y., FU, H., KE, S., YANG, H., CHEN, C. und HUANG, L. (2019): Host Gender and Androgen Levels Regulate Gut Bacterial Taxa in Pigs Leading to Sex-Biased Serum Metabolite Profiles. *Front Microbiol* **10**, 1359. <http://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01359>.
- HINSON, R. B., SCHINCKEL, A. P., RADCLIFFE, J. S., ALLEE, G. L., SUTTON, A. L. und RICHERT, B. T. (2009): Effect of feeding reduced crude protein and phosphorus diets on weaning-finishing pig growth performance, carcass characteristics, and bone characteristics. *J Anim Sci* **87**, 1502–1517. <http://doi.org/10.2527/jas.2008-1325>.
- HOFER, A., SPRING, P. und STOLL, P. (06.06.2018): Erste Ergebnisse Genotyp x Eiweissgehalt Erste Ergebnisse: Genotyp x Eiweissgehalt Prüffutter – Interaktion beim Schwein. [https://www.svt-assa.ch/fileadmin/svt/documents/sabre-tp-workshops/2018/06\\_SABRE\\_TP\\_2018\\_Hofer\\_etal.pdf](https://www.svt-assa.ch/fileadmin/svt/documents/sabre-tp-workshops/2018/06_SABRE_TP_2018_Hofer_etal.pdf).

- HOLMAN, D. B., BRUNELLE, B. W., TRACHSEL, J. und ALLEN, H. K. (2017): Meta-analysis To Define a Core Microbiota in the Swine Gut. *mSystems* **2**.  
<http://doi.org/10.1128/msystems.00004-17>.
- JEROCH, H., DROCHNER, W. und SIMON, O. (2008): Ernährung landwirtschaftlicher Nutztiere. Stuttgart, 2. Aufl. Eugen Ulmer.
- JEZIERNY, D., MOSENTHIN, R. und BAUER, E. (2010): The use of grain legumes as a protein source in pig nutrition: A review. *Anim Feed Sci Technol* **157**, 111–128.
- KASPER, C., RUIZ-ASCACIBAR, I., STOLL, P. und BEE, G. (2020): Investigating the potential for genetic improvement of nitrogen and phosphorus efficiency in a Swiss large white pig population using chemical analysis. *J Anim Breed Genet* **137**, 545–558.  
<http://doi.org/10.1111/jbg.12472>.
- KELLY, J., DALY, K., MORAN, A. W., RYAN, S., BRAVO, D. und SHIRAZI-BEECHEY, S. P. (2017): Composition and diversity of mucosa-associated microbiota along the entire length of the pig gastrointestinal tract; dietary influences. *Environ Microbiol* **19**, 1425–1438.  
<http://doi.org/10.1111/1462-2920.13619>.
- KENNEDY, B. W., VAN DER WERF, J. H. und MEUWISSEN, T. H. (1993): Genetic and statistical properties of residual feed intake. *J Anim Sci* **71**, 3239–3250.  
<http://doi.org/10.2527/1993.71123239x>.
- KERSTERS, K., VOS, P. de, GILLIS, M., SWINGS, J., VANDAMME, P. und STACKEBRANDT, E. (2006): Introduction to the Proteobacteria. In: M. DWORKIN, S. FALKOW, E. ROSENBERG, K.-H. SCHLEIFER und E. STACKEBRANDT (Hg.). *The Prokaryotes*. Springer New York, 3–37.
- KOCH, R. M., SWINGER, L. A., CHAMBERS, D. und GREGORY, K. E. (1963): Efficiency of feed use in beef cattle. *J Anim Sci* **22**, 486-494.
- KOHN, R. A., DINNEEN, M. M. und RUSSEK-COHEN, E. (2005): Using blood urea nitrogen to predict nitrogen excretion and efficiency of nitrogen utilization in cattle, sheep, goats, horses, pigs, and rats. *J Anim Sci* **83**, 879–889. <http://doi.org/10.2527/2005.834879x>.
- KONIKOFF, T. und GOPHNA, U. (2016): Oscillospira: a Central, Enigmatic Component of the Human Gut Microbiota. *Trends Microbiol* **24**, 523–524.  
<http://doi.org/10.1016/j.tim.2016.02.015>.
- KRAWCZYK, B., WITYK, P., GAŁĘCKA, M. und MICHALIK, M. (2021): The Many Faces of Enterococcus spp.-Commensal, Probiotic and Opportunistic Pathogen. *Microorganisms* **9**.  
<http://doi.org/10.3390/microorganisms9091900>.
- KRIEG, J., STALLJOHANN, G., OSTER, M., PFUHL, R., RECKELS, B., PREISSINGER, W., WEBER, M., MEYER, A., FEUERSTEIN, D. und SCHNEIDER, S. (2023): Stepwise Reduction of Dietary Phosphorus in Diets for Piglets and Fattening Pigs of Different Genetic Origin Housed under Various Station Environments-A Ringtest. *Animals (Basel)* **13**.  
<http://doi.org/10.3390/ani13111774>.
- LAGOS, L. V., LEE, S. A., FONDEVILA, G., WALK, C. L., MURPHY, M. R., LOOR, J. J. und STEIN, H. H. (2019): Influence of the concentration of dietary digestible calcium on growth performance, bone mineralization, plasma calcium, and abundance of genes involved in intestinal absorption of calcium in pigs from 11 to 22 kg fed diets with different concentrations of digestible phosphorus. *J Anim Sci Biotechnol* **10**, 47.  
<http://doi.org/10.1186/s40104-019-0349-2>.
- LEE, S. A., LAGOS, L. V., BEDFORD, M. R. und STEIN, H. H. (2021): Quantities of ash, Ca, and P in metacarpals, metatarsals, and tibia are better correlated with total body bone ash in growing pigs than ash, Ca, and P in other bones. *J Anim Sci* **99**.  
<http://doi.org/10.1093/jas/skab149>.

- LENTH, R. V. (2023): emmeans: Estimated Marginal Means, aka Least-Squares Means. <https://CRAN.R-project.org/package=emmeans>.
- LÉTOURNEAU-MONTMINY, M. P., NARCY, A., DOURMAD, J. Y., CRENSHAW, T. D. und POMAR, C. (2015): Modeling the metabolic fate of dietary phosphorus and calcium and the dynamics of body ash content in growing pigs. *J Anim Sci* **93**, 1200–1217. <http://doi.org/10.2527/jas.2014-8519>.
- LOOFT, T., ALLEN, H. K., CANTAREL, B. L., LEVINE, U. Y., BAYLES, D. O., ALT, D. P., HENRISSAT, B. und STANTON, T. B. (2014): Bacteria, phages and pigs: the effects of in-feed antibiotics on the microbiome at different gut locations. *ISME J* **8**, 1566–1576. <http://doi.org/10.1038/ismej.2014.12>.
- LOZUPONE, C. und KNIGHT, R. (2005): UniFrac: a new phylogenetic method for comparing microbial communities. *Appl Environ Microbiol* **71**, 8228–8235. <http://doi.org/10.1128/AEM.71.12.8228-8235.2005>.
- LU, D., TIEZZI, F., SCHILLEBEECKX, C., McNULTY, N. P., SCHWAB, C., SHULL, C. und MALTECCA, C. (2018): Host contributes to longitudinal diversity of fecal microbiota in swine selected for lean growth. *Microbiome* **6**, 4. <http://doi.org/10.1186/s40168-017-0384-1>.
- LUO, H., YANG, R., ZHAO, Y., WANG, Z., LIU, Z., HUANG, M. und ZENG, Q. (2018): Recent advances and strategies in process and strain engineering for the production of butyric acid by microbial fermentation. *Bioresour Technol* **253**, 343–354. <http://doi.org/10.1016/j.biortech.2018.01.007>.
- MAGRINI, S. H., MOSSOR, A. M., GERMAN, R. Z. und YOUNG, J. W. (2023): Developmental factors influencing bone strength in precocial mammals: An infant pig model. *J Anat* **243**, 174–181. <http://doi.org/10.1111/joa.13848>.
- MATTHES, W., UETRECHT D., MÜLLER, A., DELFS, H., BÜSING K., KRÜGER, K. und MÜLLER, S. (2014): Wirtschaftlichkeit der Ebermast. In: S. FRITZSCHE und K. HUESMANN (Hg.). Ebermast - Stand und Perspektiven. KTBL-Tagung vom 2.-3. Juli 2014 in Hannover. Kuratorium für Technik und Bauwesen in der Landwirtschaft e.V. (KTBL), 42–52.
- MCMURDIE, P. J. und HOLMES, S. (2013): phyloseq: an R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. *PLoS One* **8**, e61217. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0061217>.
- MIELOCH, F. J., NIETFELD, S., STRABBURG, C., KRIETER, J., GROSSE BEILAGE, E. und CZYCHOLL, I. (2020): Factors of potential influence on different behavioural tests in fattening pigs. *Appl Anim Behav Sci* **222**, 104900. <http://doi.org/10.1016/j.applanim.2019.104900>.
- MORGAN, C. A. und WHITTEMORE, C. T. (1988): Dietary fibre and nitrogen excretion and retention by pigs. *Anim Feed Sci Technol* **19**, 185–189. [http://doi.org/10.1016/0377-8401\(88\)90066-1](http://doi.org/10.1016/0377-8401(88)90066-1).
- MOSENTHIN, R., SAUER, W. C., HENKEL, H., AHRENS, F. und LANGE, C. F. de (1992): Tracer studies of urea kinetics in growing pigs: II. The effect of starch infusion at the distal ileum on urea recycling and bacterial nitrogen excretion. *J Anim Sci* **70**, 3467–3472. <http://doi.org/10.2527/1992.70113467x>.
- MULLER, M. und KERSTEN, S. (2003): Nutrigenomics: goals and strategies. *Nat Rev Genet* **4**, 315–322. <http://doi.org/10.1038/nrg1047>.
- NETHE, L. (2014): Reduktion des Zusatzes von anorganischem Phosphor im Futter - Auswirkungen auf Mastleistung und Schlachtkörperbewertung von Mastschweinen mit besonderer Betrachtung der Bruchfestigkeit und Zusammensetzung der Knochen. Berlin, Freie Univ., Dissertation. Berlin, Freie Univ., Dissertation.

- NORDA, C., SCHOLZ, T., STALLJOHANN, G., BUNGE, J. und AUSTERMANN, F. (2018): Mit N und P bis an die Grenze. *Wochenblatt für Landwirtschaft und Landleben*, 34–36.
- NÜRNBERG, K. und ENDER, K. (1989): Fatty acid composition of backfat in castrated males, females and young boars. *Arch. Tierz* **32**, 455–464.
- NÜRNBERG, K., WEGNER, J. und ENDER, K. (1998): Factors influencing fat composition in muscle and adipose tissue of farm animals. *Livest Prod Sci* **56**, 145–156. [http://doi.org/10.1016/S0301-6226\(98\)00188-2](http://doi.org/10.1016/S0301-6226(98)00188-2).
- OKSANEN, J., SIMPSON, G. L., BLANCHET, F. G., KINDT, R., LEGENDRE, P., MINCHIN, P. R., O'HARA, R. B., SOLYMOS, P., STEVENS, M. H. H. und SZOECs, E., H. WAGNER, M. BARBOUR, M. BEDWARD, B. BOLKER und D. BORCARD, et al. (2022): *vegan: Community Ecology Package*. <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>.
- ORMEROD, K. L., WOOD, D. L. A., LACHNER, N., GELLATLY, S. L., DALY, J. N., PARSONS, J. D., DAL'MOLIN, C. G. O., PALFREYMAN, R. W., NIELSEN, L. K. und COOPER, M. A., M. MORRISON, P. M. HANSBRO und P. HUGENHOLTZ (2016): Genomic characterization of the uncultured Bacteroidales family S24-7 inhabiting the guts of homeothermic animals. *Microbiome* **4**, 36. <http://doi.org/10.1186/s40168-016-0181-2>.
- PEDERSEN, R., ANDERSEN, A. D., MØLBAK, L., STAGSTED, J. und BOYE, M. (2013): Changes in the gut microbiota of cloned and non-cloned control pigs during development of obesity: gut microbiota during development of obesity in cloned pigs. *BMC Microbiol* **13**, 30. <http://doi.org/10.1186/1471-2180-13-30>.
- QUANDER-STOLL, N., FRÜH, B., BAUTZE, D., ZOLLITSCH, W., LEIBER, F. und SCHEEDER, M. R. L. (2021): Sire-feed interactions for fattening performance and meat quality traits in growing-finishing pigs under a conventional and an organic feeding regimen. *Meat Sci* **179**, 108555. <http://doi.org/10.1016/j.meatsci.2021.108555>.
- R CORE TEAM (2023): *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. <https://www.R-project.org/>.
- ROBERTSON, A. (1959): The Sampling Variance of the Genetic Correlation Coefficient. *Biometrics* **15**, 469. <http://doi.org/10.2307/2527750>.
- RODEHUTSCORD, M., RÜCKERT, C., MAURER, H. P., SCHENKEL, H., SCHIPPRACK, W., BACH KNUDSEN, K. E., SCHOLLENBERGER, M., LAUX, M., EKLUND, M. und SIEGERT, W. und R. MOSENTHIN (2016): Variation in chemical composition and physical characteristics of cereal grains from different genotypes. *Arch Anim Nutr* **70**, 87–107. <http://doi.org/10.1080/1745039X.2015.1133111>.
- ROSENVOLD, K. und ANDERSEN, H. J. (2003): Factors of significance for pork quality-a review. *Meat Sci* **64**, 219–237. [http://doi.org/10.1016/S0309-1740\(02\)00186-9](http://doi.org/10.1016/S0309-1740(02)00186-9).
- RUIZ-ASCACIBAR, I., STOLL, P., KREUZER, M., BOILLAT, V., SPRING, P. und 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. <http://doi.org/10.1017/s1751731116001634>.
- SAINTILAN, R., MÉROUR, I., BROSSARD, L., TRIBOUT, T., DOURMAD, J. Y., SELIER, P., BIDANEL, J., VAN MILGEN, J. und GILBERT, H. (2013): Genetics of residual feed intake in growing pigs: Relationships with production traits, and nitrogen and phosphorus excretion traits. *J Anim Sci* **91**, 2542–2554. <http://doi.org/10.2527/jas.2012-5687>.
- SCHEIMAN, J., LUBER, J. M., CHAVKIN, T. A., MACDONALD, T., TUNG, A., PHAM, L.-D., WIBOWO, M. C., WURTH, R. C., PUNTHAMBAKER, S. und TIERNEY, B. T., Z. YANG, M. W. HATTAB, J. AVILA-PACHECO, C. B. CLISH und S. LESSARD, et al. (2019): Meta-omics analysis of elite athletes identifies a performance-enhancing microbe that functions via lactate metabolism. *Nat Med* **25**, 1104–1109. <http://doi.org/10.1038/s41591-019-0485-4>.

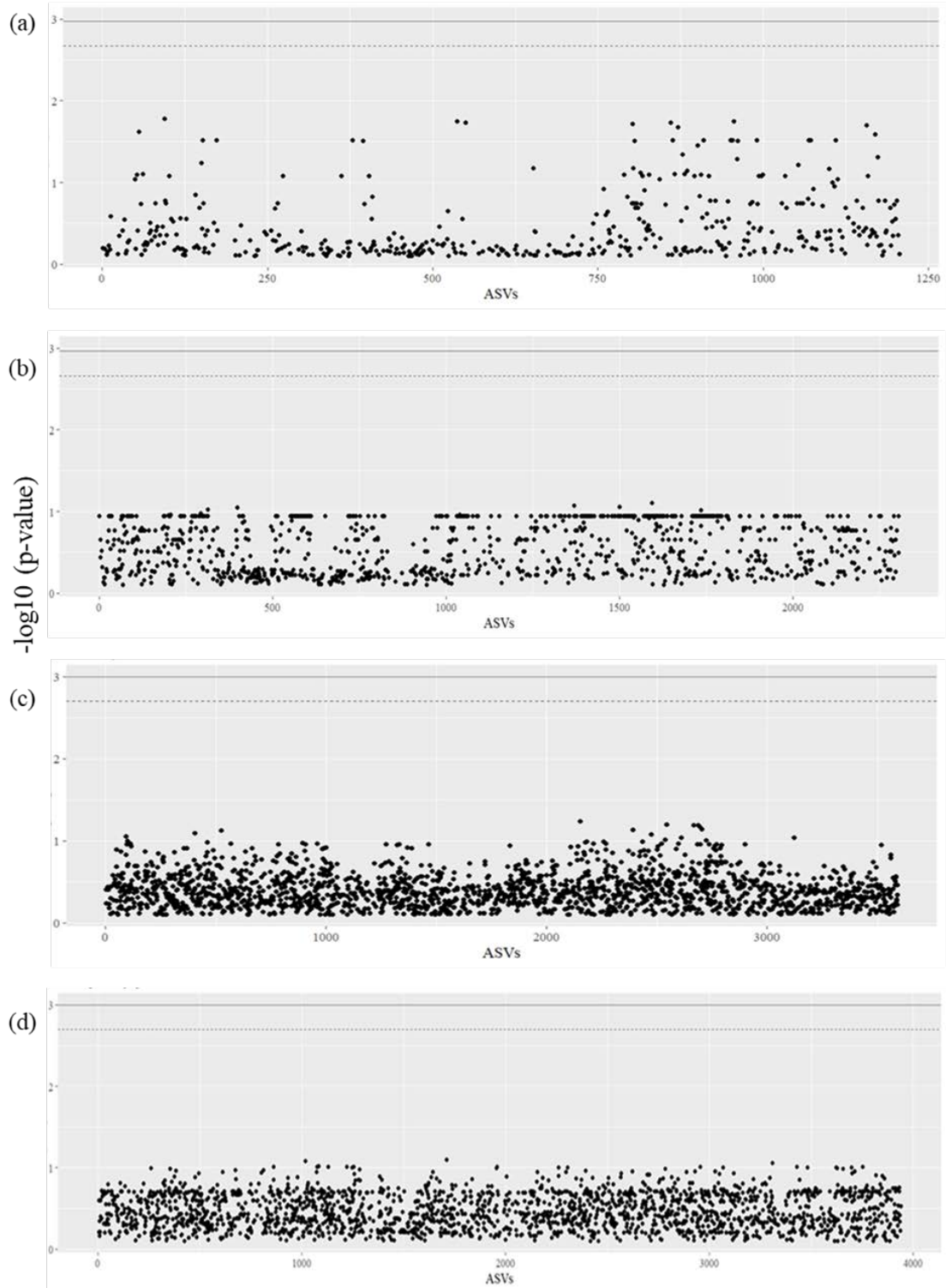
- SCHIAVON, S., BONA, M. D., CARCÒ, G., STURARO, E. und GALLO, L. (2019): Responses of Pigs of Different Genotypes to a Variation in the Dietary Indispensable Amino Acid Content in Terms of Their Growth and Carcass and Meat Quality Traits. *Animals (Basel)* **9**. <http://doi.org/10.3390/ani9080508>.
- SCHINCKEL, A. P. und LANGE, C. F. de (1996): Characterization of growth parameters needed as inputs for pig growth models. *J Anim Sci* **74**, 2021–2036. <http://doi.org/10.2527/1996.7482021x>.
- SCHLEGEL, P. und GUTZWILLER, A. (2020): Dietary Calcium to Digestible Phosphorus Ratio for Optimal Growth Performance and Bone Mineralization in Growing and Finishing Pigs. *Animals (Basel)* **10**. <http://doi.org/10.3390/ani10020178>.
- SCHMITZ, K., KEHRAUS, S. und SÜDEKUM, K.-H. (2024): Differences in phosphorus digestibility and metabolizable energy concentrations of rye- or wheat-based compound feeds in pigs. *J Anim Feed Sci*. <http://doi.org/10.22358/jafs/175529/2024>.
- SCHRÖDER, B., BREVES, G. und RODEHUTSCORD, M. (1996): Mechanisms of intestinal phosphorus absorption and availability of dietary phosphorus in pigs. *Dtsch Tierärztl Wochenschr* **103**, 209–214.
- SCHWARZ, R., KASPAR, A., SEELIG, J. und KÜNNECKE, B. (2002): Gastrointestinal transit times in mice and humans measured with <sup>27</sup>Al and <sup>19</sup>F nuclear magnetic resonance. *Magn Reson Med* **48**, 255–261. <http://doi.org/10.1002/mrm.10207>.
- SCOTT, K., BINNENDIJK, G. P., EDWARDS, S. A., GUY, J. H., KIEZEBRINK, M. C. und VERMEER, H. M. (2009): Preliminary evaluation of a prototype welfare monitoring system for sows and piglets (Welfare Quality® project). *Anim. welf.* **18**, 441–449. <http://doi.org/10.1017/S0962728600000853>.
- SHIRALI, M., DOESCHL-WILSON, A., KNAP, P. W., DUTHIE, C., KANIS, E., VAN ARENDONK, J. A. M. und ROEHE, R. (2012): Nitrogen excretion at different stages of growth and its association with production traits in growing pigs. *J Anim Sci* **90**, 1756–1765. <http://doi.org/10.2527/jas.2011-4547>.
- SPENCE, C., WELLS, W. G. und SMITH, C. J. (2006): Characterization of the primary starch utilization operon in the obligate anaerobe *Bacteroides fragilis*: Regulation by carbon source and oxygen. *J Bacteriol* **188**, 4663–4672. <http://doi.org/10.1128/jb.00125-06>.
- STALLJOHANN, G., AUSTERMANN, F., SCHOLZ, T., NORDA, C., BÜTFERING, L. und CIELEJEWSKI, H., BUNGE, J. (2019): Mastschweinefütterung mit extrem niedrigen Eiweißgehalten. In: VERBAND DER LANDWIRTSCHAFTSKAMMERN (Hg.). *Forum angewandte Forschung in der Rinder- und Schweinefütterung*.
- STEIN, H. H., ADEOLA, O., CROMWELL, G. L., KIM, S. W., MAHAN, D. C. und MILLER, P. S. (2011): Concentration of dietary calcium supplied by calcium carbonate does not affect the apparent total tract digestibility of calcium, but decreases digestibility of phosphorus by growing pigs. *J Anim Sci* **89**, 2139–2144. <http://doi.org/10.2527/jas.2010-3522>.
- STEINFELD, H., GERBER, P. J., WASSENAAR, T. D., CASTEL, V. und HAAN, C. de (2006): *Livestock's long shadow: environmental issues and options*. Rome (Italy). Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO).
- STOJANOV, S., BERLEC, A. und ŠTRUKELJ, B. (2020): The Influence of Probiotics on the Firmicutes/Bacteroidetes Ratio in the Treatment of Obesity and Inflammatory Bowel disease. *Microorganisms* **8**. <http://doi.org/10.3390/microorganisms8111715>.
- SZABÓ, C., KACHUNGWA LUGATA, J. und ORTEGA, A. D. S. V. (2023): Gut Health and Influencing Factors in Pigs. *Animals (Basel)* **13**. <http://doi.org/10.3390/ani13081350>.
- TAUBE, F., BACH, M., BREUER, L., EWERT, F., FOHRER, N., LEINWEBER, P., MÜLLER, T. und WIGGERING, H. (2020): Novellierung der Stoffstrombilanzverordnung: Stickstoff- und

- Phosphor-Überschüsse nachhaltig begrenzen. Fachliche Stellungnahme zur Novellierung der Stoffstrombilanzverordnung.  
[https://www.umweltbundesamt.de/sites/default/files/medien/5750/publikationen/2020\\_11\\_05\\_texte\\_200\\_2020\\_papier\\_novellierung\\_stoffbilv.pdf](https://www.umweltbundesamt.de/sites/default/files/medien/5750/publikationen/2020_11_05_texte_200_2020_papier_novellierung_stoffbilv.pdf).
- TREVISI, P., BOTTI, S., LAURIDSEN, C., PÉREZ, J. F., PAPADOPOULOS, D., ROSELLI, M., LEVIC, J. und ZENTEK, J. (2015): COST Action FA1401 “European network on the factors affecting the gastro-intestinal microbial balance and the impact on the health status of pigs (PiGutNet)” *P. J Anim Feed Sci*, 166–170. <http://doi.org/10.22358/jafs/65644/2015>.
- UMWELTBUNDESAMT (2018): Umwelt und Landwirtschaft. Daten zur Umwelt. Dessau-Roßlau.  
[https://www.umweltbundesamt.de/sites/default/files/medien/376/publikationen/uba\\_dzu2018\\_umwelt\\_und\\_landwirtschaft\\_web\\_bf\\_v7.pdf](https://www.umweltbundesamt.de/sites/default/files/medien/376/publikationen/uba_dzu2018_umwelt_und_landwirtschaft_web_bf_v7.pdf).
- VAREL, V. H., JUNG, H. G. und POND, W. G. (1988): Effects of dietary fiber of young adult genetically lean, obese and contemporary pigs: rate of passage, digestibility and microbiological data. *J Anim Sci* **66**, 707–712. <http://doi.org/10.2527/jas1988.663707x>.
- VARLEY, P. F., FLYNN, B., CALLAN, J. J. und O'DOHERTY, J. V. (2011): Effect of crude protein and phosphorus level on growth performance, bone mineralisation and phosphorus, calcium and nitrogen utilisation in grower-finisher pigs. *Arch Anim Nutr* **65**, 134–147. <http://doi.org/10.1080/1745039X.2011.556327>.
- VERBAND DEUTSCHER LANDWIRTSCHAFTLICHER UNTERSUCHUNGS- UND FORSCHUNGSANSTALTEN (2012): Handbuch der landwirtschaftlichen Versuchs- und Untersuchungsmethodik : (Methodenbuch). Band 3 Die chemische Untersuchung von Futtermitteln. Darmstadt, 3. Aufl. VDLUFA-Verl Darmstadt.
- VERSCHUREN, L. M. G., CALUS, M. P. L., JANSMAN, A. J. M., BERGSMA, R., KNOL, E. F., GILBERT, H. und ZEMB, O. (2018): Fecal microbial composition associated with variation in feed efficiency in pigs depends on diet and sex. *J Anim Sci* **96**, 1405–1418. <http://doi.org/10.1093/jas/sky060>.
- VIER, C. M., DRITZ, S. S., TOKACH, M. D., DEROUCHÉY, J. M., GOODBAND, R. D., GONÇALVES, M. A. D., ORLANDO, U. A. D., BERGSTROM, J. R. und WOODWORTH, J. C. (2019): Calcium to phosphorus ratio requirement of 26- to 127-kg pigs fed diets with or without phytase<sub>1,2</sub>. *J Anim Sci* **97**, 4041–4052. <http://doi.org/10.1093/jas/skz257>.
- WANG, Y. und QIAN, P.-Y. (2009): Conservative fragments in bacterial 16S rRNA genes and primer design for 16S ribosomal DNA amplicons in metagenomic studies. *PLoS One* **4**, e7401. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0007401>.
- WEIJZEN, M. E. G., VAN GASSEL, R. J. J., KOUW, I. W. K., TROMMELEN, J., GORISSEN, S. H. M., VAN KRANENBURG, J., GOESSENS, J. P. B., VAN DE POLL, M. C. G., VERDIJK, L. B. und VAN LOON, L. J. C. (2022): Ingestion of Free Amino Acids Compared with an Equivalent Amount of Intact Protein Results in More Rapid Amino Acid Absorption and Greater Postprandial Plasma Amino Acid Availability Without Affecting Muscle Protein Synthesis Rates in Young Adults in a Double-Blind Randomized Trial. *J Nutr* **152**, 59–67. <http://doi.org/10.1093/jn/nxab305>.
- WHITTEMORE, C. T. und KYRIAZAKIS, I. (2008): *Whittemore's Science and Practice of Pig Production*. New York, NY, 3. Aufl. John Wiley & Sons.
- WOLOWCZUK, I., VERWAERDE, C., VILTART, O., DELANOYE, A., DELACRE, M., POT, B. und GRANGETTE, C. (2008): Feeding our immune system: impact on metabolism. *Clin Dev Immunol* **2008**, 639803. <http://doi.org/10.1155/2008/639803>.



- WONG, J. M. W., SOUZA, R. de, KENDALL, C. W. C., EMAM, A. und JENKINS, D. J. A. (2006): Colonic health: fermentation and short chain fatty acids. *J Clin Gastroenterol* **40**, 235–243. <http://doi.org/10.1097/00004836-200603000-00015>.
- YANG, H., HUANG, X., FANG, S., XIN, W., HUANG, L. und CHEN, C. (2016): Uncovering the composition of microbial community structure and metagenomics among three gut locations in pigs with distinct fatness. *Sci Rep* **6**, 27427. <http://doi.org/10.1038/srep27427>.
- ZHANG, H., VAN DER WIELEN, N., VAN DER HEE, B., WANG, J., HENDRIKS, W. und GILBERT, M. (2020): Impact of Fermentable Protein, by Feeding High Protein Diets, on Microbial Composition, Microbial Catabolic Activity, Gut Health and beyond in Pigs. *Microorganisms* **8**. <http://doi.org/10.3390/microorganisms8111735>.
- ZHENG, L., KELLY, C. J., BATTISTA, K. D., SCHAEFER, R., LANIS, J. M., ALEXEEV, E. E., WANG, R. X., ONYIAH, J. C., KOMINSKY, D. J. und COLGAN, S. P. (2017): Microbial-Derived Butyrate Promotes Epithelial Barrier Function through IL-10 Receptor-Dependent Repression of Claudin-2. *J Immunol* **199**, 2976–2984. <http://doi.org/10.4049/jimmunol.1700105>.

## 8 Anhang



**Abbildung A1:** Ergebnisse der mikrobiellen Assoziationsanalyse (MWAS) der Amplicon Sequenzier Varianten (ASVs)

(a) im Jejunum für das Merkmal P-Ausscheidung mit dem Kot, (b) im Ileum und (c) Caecum für die N-Ausscheidung mit dem Harn und (d) im Colon für die mittlere tägliche Zunahme. Die durchgezogenen bzw. gestrichelten Linien kennzeichnen signifikante bzw. tendenziell signifikante Grenzen bei 5% bzw. 10% Fehlerrate.

### **8.1 Konsequenzen für eventuelle weitere Forschungsaktivitäten**

In weiteren Forschungsvorhaben, die unter praxisnahen Bedingungen durchgeführt werden, sollte darauf geachtet werden, dass die Unterschiede zwischen dem eingesetzten Futtermittel in den N-Konzentrationen und P-Gehalten deutlicher sind, um eine Aussage über die Anpassungsfähigkeit an eine veränderte Versorgung erforschen zu können.

Die Entwicklung von robust- und einfach zu messenden Indikatormerkmalen für die N/P-Ausscheidung und Verdaulichkeit wären sehr hilfreich, stehen jedoch derzeit nicht zur Verfügung. Im Rahmen zukünftiger Forschungsprojekte könnten hierfür sowohl genomische Informationen als auch Daten des Mikrobioms und/oder weitere Metabolite genutzt werden. Die vorliegende Studie konnte bestätigen, dass die Mikrobiomzusammensetzung einen Einfluss auf die untersuchten Mast- und Effizienzmerkmale hat. Im Optimalfall kann das Mikrobiom als Biomarker für schwer zu erfassende Merkmale dienen. Auf diese Art und Weise ist eine verbesserte Zucht auf Umweltverträglichkeit und Robustheit der Schweine vorstellbar.

### **8.2 Liste über Veröffentlichungen**

Bonhoff B, Große-Brinkhaus C, Kehraus S, Südekum K-H, Tholen E (2024): Evaluation of the effect of nitrogen- and phosphorus-restricted diets on the performance of commercial growing-finishing pigs and the importance of genotype×diet interactions (under review, J. of Anim. Breed. Genet.)

### **8.3 Liste über Vorträge**

Bonhoff B, Große-Brinkhaus C, Kehraus S, Südekum K-H, Tholen E (2023): Importance of genotype×feed interactions in nitrogen and phosphorus reduced rations of fattening pigs. 77. Jahrestagung der Gesellschaft für Ernährungsphysiologie. Proceedings of the Society of Nutrition Physiology, 7.-9.3.2023, Göttingen, Germany, 32: 76 (Abstr/Oral Presentation)

Große-Brinkhaus C, Bonhoff B, Brinke I, Jonas E, Kehraus S, Südekum K-H, Tholen E (2023): Impact of genotype×feed-interactions in nitrogen- and phosphorus-reduced ration on fattening pigs. 74th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science (EAAP), 26.8.-1.9.2023, Lyon, France, Book of Abstracts No. 29: 991 (Abstr, Oral Presentation)

Bonhoff B, Grosse-Brinkhaus C, Kehraus S, Südekum K-H, Tholen E (2022): Bedeutung von Genotyp × Futter-Interaktionen bei Stickstoff- und Phosphor-reduzierter Fütterung von Mastschweinen. Vortragstagung der Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde e.V. (DGfZ)

und der Gesellschaft für Tierzuchtwissenschaften e.V. (GfT), 21.-22.09.2022, Kiel, Germany, Kurzfassungen: B9 (Abstr, Vortrag)

Große-Brinkhaus C, Brinke I, Bonhoff B, Südekum K-H, Tholen E (2022): Projekt EffiPig – Genetische Verbesserung von Effizienzmerkmalen bei Schweinen zur Reduktion von Nährstoffausscheidungen. DVG-Vet-Congress 2022 der Deutschen Veterinär-medizinischen Gesellschaft e. V.: Tagung der DVG-Fachgruppe Schweinekrankheiten, 13.-15.10.2022, Berlin, Tagungsband: 29-32 (Abstr, Vortrag)

#### **8.4 Liste über Posterpräsentationen, Vorführungen und Demonstrationen**

Arbeitsgruppe Haustiergenetik & Tierzucht (2022): Nachhaltigkeit, Ressourcenschonung & Tierwohl – Züchterische Bearbeitung von Effizienzmerkmalen bei Mastschweinen. Poster auf der EuroTier 2022 in Hannover vom 15. bis 18. November 2022

#### **Danksagung**

Für die Umsetzung und Unterstützung des Tierversuches im vorliegenden Projekt möchten wir uns beim Team des Campus Frankenforst der Universität Bonn bedanken.

Darüber hinaus möchten wir uns ...

...für das Probenmanagement, -aufbereitung und -analysen, sowie Unterstützung bei der Versuchsdurchführung bei den Mitarbeiter\*innen des ITW insbesondere der AG-Tierernährung (Prof. Dr. Karl-Heinz Südekum und Dr. Saskia Kehraus)

...für die Analysen des Mikrobioms und die Interpretation der Ergebnisse bei den Mitarbeiter\*innen der AG Ernährung und Mikrobiota, Institut für Institut für Ernährungs- und Lebensmittelwissenschaften

...für die Unterstützung bei der Analyse der Knochenproben bei den Kolleg\*innen des Institut für Institut für Ernährungs- und Lebensmittelwissenschaften, AG Lebensmittelchemie

sehr herzlich bedanken.

