

Algemene gegevens	
PPS-nummer	AF-12018
Titel	Breed4Food
BAPS nummer	BO-22.4-11
Topsector en innovatiethema	Thema 4 "Sustainable livestock production"
Projectleider (onderzoek)	Roel Veerkamp, Mario Calus, Yvette de Haas, Lucia Kaal, Karel de Greef
PPS-coördinator (namens private partij)	Bernard den Geus
Contactpersoon overheid	Willem Roeterdink
Status (lopend of afgerond)	Lopend
Type onderzoek (F, T of V)	T
Werkelijke startdatum	1-1-2013
Werkelijke einddatum	21-12-2016
Korte omschrijving bijdrage DLO aan project	-

Binnen Breed4Food zijn er 3 sub programma's met 7 research thema's

Sub Program	Exploiting DNA information	Enabling new breeding goal traits	Added value in the food chain
Research Theme	<ol style="list-style-type: none"> 1. Optimal use of sequence information in breeding programs 2. A common ICT infrastructure 3. (A)cross breed genomic selection 	<ol style="list-style-type: none"> 4. Improving resource efficiency 5. Disease resistance and intestinal health 	<ol style="list-style-type: none"> 6. Data from the production chain for sustainable animal production 7. New products and services for the production chain

Alle projecten en Breed4Food nieuws staat beschreven op www.Breed4Food.com.

Beschrijvingen Research thema's

1) Optimal use of sequence information in breeding programs

Highlights
<p>Nature genetics publicatie, en succesvolle implementatie van imputatie voor het hele genome, en de eerste toepassing van sequense data in genomic selectie voor stieren.</p> <p>Ontwikkelingen in MixBlup software pakket waardoor niet gegenotypeerde dieren gecombineerd kunnen worden met gegenotypeerde dieren in het fokprogramma, en de</p>

visie ontwikkeling om een future proof model te gaan ontwikkelen.

Titels van de producten of een link naar de producten op een openbare website

Wetenschappelijke artikelen:

Bouwman, A. C., J. M. Hickey, M. P. L. Calus, and R. F. Veerkamp. 2014. Imputation of non-genotyped individuals based on genotyped relatives: assessing the imputation accuracy of a real case scenario in dairy cattle. *Genet Sel Evol.* 46:6.

Calus, M. P. L., A. C. Bouwman, J. M. Hickey, R. F. Veerkamp, and H. A. Mulder. 2014. Evaluation of measures of correctness of genotype imputation in the context of genomic prediction: a review of livestock applications. *Animal.* 8:1743–1753.

van Binsbergen, R., M. Bink, M. P. L. Calus, F. van Eeuwijk, B. Hayes, I. Hulsegge, and R. F. Veerkamp. 2014. Accuracy of imputation to whole-genome sequence data in Holstein Friesian cattle. *Genet Sel Evol.* 46:41.

Calus, M. P. L., C. Schrooten, and R. F. Veerkamp. 2014. Genomic prediction of breeding values using previously estimated SNP variances. *Genet Sel Evol.* 46:52.

Daetwyler, H. D., A. Capitan, H. Pausch, P. Stothard, R. van Binsbergen, R. F. Brøndum, X. Liao, A. Djari, S. C. Rodriguez, C. Grohs, D. Esquerré, O. Bouchez, M.-N. Rossignol, C. Klopp, D. Rocha, S. Fritz, A. Eggen, P. J. Bowman, D. Coote, A. J. Chamberlain, C. Anderson, C. P. VanTassell, I. Hulsegge, M. E. Goddard, B. Guldbrandtsen, M. S. Lund, R. F. Veerkamp, D. A. Boichard, R. Fries, and B. J. Hayes. 2014. Whole-genome sequencing of 234 bulls facilitates mapping of monogenic and complex traits in cattle. *Nat Genet* 46: 858–865.

Bouwman, A. C., and R. F. Veerkamp. 2014. Consequences of splitting whole-genome sequencing effort over multiple breeds on imputation accuracy. *BMC Genet* 15: 105

Artikelen in vakbladen:

Veerkamp, R. F., M. P. L. Calus, A. P. W. De Roos, and B. de Geus. 2014. Toprunderen door genomische kennis. *V-focus+*. januari 2014:30-31.

Inleidingen/ workshops/ invited lectures:

Heidaritabar, M., M. P. L. Calus, A. Vereijken, M. A. M. Groenen, and J. W. M. Bastiaansen. 2014. High Imputation Accuracy in Layer Chicken from Sequence Data on a Few Key Ancestors. Page 660 in 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production.

van Binsbergen, R., M. P. L. Calus, M. C. A. M. Bink, C. Schrooten, F. A. van Eeuwijk, and R. F. Veerkamp. 2014. Genomic Prediction with 12.5 Million SNPs for 5503 Holstein Friesian Bulls. Page 664 in 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production.

van Binsbergen, R., M. P. L. Calus, M. Bink, C. Schrooten, F. A. van Eeuwijk, and R. F. Veerkamp. 2014. Added value of whole-genome sequence data to genomic predictions in dairy cattle. In proceedings of the XXVII International Biometric Conference.

Bouwman, A.C. and R. F. Veerkamp. 2014. Consequences of splitting sequencing effort over multiple breeds on imputation accuracy. Page 177 in 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production.

3. (A)cross breed genomic selection

Highlights

Investigation of the potential of across breed genomic prediction has resulted in the insight that the benefit of across breeds is very limited, as described in three published papers, and that breeding companies need to establish reference populations for each of their breeding lines. Tools have been developed to enable genomic prediction for multiple lines, where relationships between lines can optionally be included or ignored.

Titels van de producten of een link naar de producten op een openbare website

Wetenschappelijke artikelen:

Calus, M., H. Huang, A. Vereijken, J. Visscher, J. ten Napel, and J. Windig. 2014. Genomic prediction based on data from three layer lines: a comparison between linear methods. *Genet Sel Evol.* 46:57.

Huang, H., J. J. Windig, A. Vereijken, and M. P. L. Calus. 2014. Genomic prediction based on data from three layer lines using non-linear regression models. *Genet Sel Evol.* 46:75.

Dadousis, C., R. Veerkamp, B. Heringstad, M. Pszczola, and M. Calus. 2014. A comparison of principal component regression and genomic REML for genomic prediction across populations. *Genet Sel Evol.* 46:60.

Bijma, P. and J. W. M. Bastiaansen. 2014. Standard error of the genetic correlation: how much data do we need to estimate a purebred-crossbred genetic correlation? *Genet Sel Evol.* 46:79.

Inleidingen/ workshops/ invited lectures:

Bastiaansen, J. W. M., H. Bovenhuis, M. S. Lopes, F. Fonseca, and M. P. L. Calus. 2014. SNP effects depend on genetic and environmental context *in* 10th WCGALP; Vancouver, Canada.

Calus, M. P. L., H. Huang, A. Vereijken, J. Visscher, J. Ten Napel, and J. J. Windig. 2014. Genomic prediction in 3-line layer data: a comparison of linear methods. Page 197 in Plant and Animal Genome Meeting, San Diego, CA, USA.

Calus, M. P. L., H. Huang, Y. C. J. Wientjes, J. Ten Napel, J. W. M. Bastiaansen, M. D. Price, R. F. Veerkamp, A. Vereijken, and J. J. Windig. 2014. (A)cross-breed Genomic Prediction. Page 064 in 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production.

Wientjes, Y. C. J., M. P. L. Calus, M. E. Goddard, and B. J. Hayes. 2014. Effect of Genetic Architecture on Accuracy of Multi Breed Genomic Prediction. Page 074 in 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production.

Calus, M.P.L., Y. de Haas, M. Visker, R.F. Veerkamp. Fokken voor de toekomst. Inleiding tijdens CRV themavakdag.

Calus, M.P.L. Breed4Food & Cobb. Seminar at Cobb-Vantress, USA.

Thema 4 – Improving Resource efficiency

Highlights

Het thema "Resource Efficiency" van Breed4Food richt zich op het verbeteren van de efficiëntie en het verminderen van de milieu-impact van de veehouderij. In 2014 hebben we ons gericht op een aantal speerpunten:

Fokwaarde voor voeropname van melkvee

Meten van methaan bij koeien

Verbeteren eiwit efficiëntie

Workshop met keten

De fokwaarde voor voeropname van melkvee is in 2014 geïntroduceerd in de *Better Life Efficiency* index van CRV. Deze fokwaarde geeft de genetische aanleg voor voeropname van dochters van een stier weer. Het doel waar we naar willen streven is dat een koe minder vreet voor haar productie, onderhoud, vruchtbaarheid en gezondheid. Daarmee zal ze efficiënter zijn. De fokkerij kan daarbij nu ondersteunen. De fokwaarde bevat informatie van productiegegevens, exterieur-gegevens (als indicatie voor lichaamsbouw, en dus onderhoudsvoer) en een voorspelling van de werkelijke voeropname gebaseerd op het DNA-profiel van die koe. Voor die voorspelling is data gebruikt van alle Nederlandse proefbedrijven om de voeropname van die koe te koppelen aan het DNA profiel van dat dier. De komende jaren willen we nog andere kenmerken toevoegen die indicatief zijn voor de voeropname van het dier, om zo een nog betere inschatting te maken.

Op de Dairy Campus in Lelystad wordt van alle koeien die bij 2 melkrobots staan, de adem geanalyseerd als ze de robot bezoeken. Uit deze ademanalyse kan dan de methaanemissie van die koe gehaald worden. De data laat zien dat er verschillen zijn tussen dieren. Deze informatie wordt dan weer gebruikt voor de fokkerij, om koeien te fokken die meer milieuvriendelijk zijn. Dit is een internationale vraagstelling en momenteel werken we met een internationaal consortium aan het samenvoegen van methaanmetingen in diverse landen om een gezamenlijke analyse uit te voeren. In Nederland willen we de metingen ook gaan opschalen naar praktijkbedrijven.

In de veehouderij wordt voornamelijk geselecteerd op voederconversie, waarbij de ratio tussen kg geconsumeerd voer en kg geproduceerd dierlijk eiwit wordt uitgerekend. Hierbij wordt (nog) geen rekening gehouden met de kwaliteit en de samenstelling van het voer. In het voer kan namelijk ook eiwit zitten dat direct door de mens geconsumeerd zou kunnen worden, in plaats van via het dier om het om te laten zetten in dierlijk eiwit. Eiwit voor de veehouderij wordt een steeds schaarsere bron, aangezien de wereldbevolking toeneemt, en daarmee ook de vraag naar eiwit. In onze studie geven we een overzicht van wat al bekend is (hiervoor hebben we ons eerst gericht op het varken, maar we zullen alle diersoorten mee gaan nemen), en welke mogelijkheden er zijn om de eiwit efficiëntie te verbeteren, en hoe fokkerij daaraan kan bijdragen, bijvoorbeeld door het fokken van dieren die met een laagwaardiger eiwit dezelfde productie kunnen behalen.

In het voorjaar vond de workshop 'Dataverzameling en uitwisseling in de dierlijke productieketen voor het verbeteren van de resource efficiëntie' plaats in Wageningen. Tijdens de workshop is door partijen uit de hele dierlijke productieketen nagedacht over hoe informatie uitgewisseld kan worden in de dierlijke productieketen, zodat resource efficiëntie verbeterd kan worden. Tijdens deze workshop hebben de stakeholders een mini presentatie gegeven over welke informatie ze nu verzamelen en aan welke informatie ze behoefte hebben. Uit de gezamenlijke discussie kwam naar voren dat er al heel veel kennis is, maar dat het inzicht in de verschillende schakels van de dierlijke productie keten nog ontbreekt. Om meer met elkaar samen te kunnen werken, is het eerst belangrijk om meer inzicht te krijgen in de dierlijke productieketen. Dit wordt nu

opgepakt.

Titels van de producten of een link naar de producten op een openbare website

Wetenschappelijke artikelen:

J. E. Pryce, O. Gonzalez-Recio, J. B. Thornhill, L. C. Marett, W. J. Wales, M. P. Coffey, Y. de Haas, R. F. Veerkamp, B. J. Hayes, 2014, Validation of genomic breeding value predictions for **feed intake and feed efficiency traits**, Journal of Dairy Science

D.P. Berry, M.P. Coffey, J.E. Pryce, Y. de Haas, P. Lovendahl, N. Krattenmacher, J.J. Crowley, Z. Wang, D. Spurlock, K. Weigel, K. Macdonald, R.F. Veerkamp, 2014, International genetic evaluations for **feed intake** in dairy cattle through the collation of data from multiple sources, Journal of Dairy Science

Pickering, N.K., Oddy, V.H., Basarab, J., Cammack, K., Hayes, B., Hegarty, R.S., Lassen, J., McEwan, J.C., Miller, S., Pinares-Patino, C.S., de Haas, Y., 2014, Invited Review: Genetic possibilities to reduce enteric **methane emissions** from ruminants, Animal

de Haas, Y., Pryce, J.E., Calus, M.P.L., Hulsegge, I., Spurlock, D.M., Berry, D.P., Wall, E., Lovendahl, P., Weigel, K.A., Macdonald, K., Miglior, F., Krattenmacher, N., Veerkamp, R.F., 2014, Genomic predictions for **dry matter intake** using the international reference population of gDMI, Interbull bulletin

Manzanilla Pech, C.I.V., Veerkamp, R.F., Calus, M.P.L., Zom, R., van Knegsel, A., Pryce, J.E., de Haas, Y., 2014, Genetic parameters across lactation for **feed intake**, fat and protein corrected milk, and live weight in first parity Holstein cattle, Journal of Dairy Science

R.J. Tempelman, D.M. Spurlock, M.P. Coffey, R.F. Veerkamp, L.E. Armentano, K.A. Weigel, Y. de Haas, C.R. Staples, E.E. Connor, M.D. Hanigan, Y.F. Lu, M.J. vandeHaar, 2014, Heterogeneity in genetic variation and energy sink relationships for **residual feed intake** across research stations and countries, Journal of Dairy Science

Y. de Haas, J.E. Pryce, M.P.L. Calus, E. Wall, D.P. Berry, P. Lovendahl, N. Krattenmacher, F. Miglior, K. Weigel, D. Spurlock, K.A. Macdonald, B. Hulsegge, R.F. Veerkamp, 2014, Genomic prediction for **dry matter intake** of dairy cattle from an international data set consisting of research herds in Europe, North America and Australasia, Journal of Dairy Science

Presentaties:

M.P.L. Calus, Y. de Haas, M. Visker, R.F. Veerkamp, 2014, Fokken voor de toekomst, CRV themavakdag Doelgericht fokken

Yvette de Haas, Mario Calus, Marleen Visker, Roel Veerkamp, 2014, Fokken voor de Toekomst, CRV Themavakdag doelgericht fokken

Yvette de Haas, 2014, METHAGENE - large-scale methane measurements of individual ruminants, Annual Progress Conference COST Actions

Yvette de Haas and ASGGN network, 2014, Update on Animal Selection Genetics Genomics Network, Annual meeting of Livestock Research Group of Global Research Alliance on greenhouse gas emissions

Congressen:

Roel F. Veerkamp, Mario P.L. Calus, Gerben de Jong, Ren, van der Linde, Yvette de Haas, 2014, Breeding Value for **Dry Matter Intake** for Dutch Bull based on Combination of DGV for DMI and EBV for Predictors, Interbull

Yvette de Haas and gDMI consortium, 2014, Genomic predictions for **dry matter intake** using the international reference population of gDMI, Interbull

de Haas, Y., Lassen, J., Pickering, N.K., Oddy, V.H., Wall, E., Gengler, N., Dehareng, F., Lovendahl, P., Rowe, S., 2014, The road to genetic selection for **methane emission** from ruminants - a global approach, ICAR conference

Y. de Haas, J.E. Pryce, D.P. Berry, R.F. Veerkamp, 2014, Genetic and genomic solutions to **improve feed efficiency and reduce environmental impact** of dairy cattle, World Congress of Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP)

D.M. Spurlock, R.J. Tempelman, K.A. Weigel, L.E. Armentano, G.R. Wiggans, R.F. Veerkamp, Y. de Haas, M.P. Coffey, E.E. Connor, M.D. Hanigan, C.R. Staples, M.J. vandeHaar, 2014, Genetic architecture and biological basis of **feed efficiency** in dairy cattle, WCGALP

J. Lassen, P.C. Garnsworthy, M.G. Chagunda, E. Negussie, P. Lovendahl, Y. de Haas, 2014, Progress with genetic selection for low **methane traits** in dairy cows, WCGALP

V.H. Oddy, Y. de Haas, J.A. Basarab, K.M. Cammack, B.J. Hayes, R.S. Hegarty, J. Lassen, J.C. McEwan, S.P. Miller, C.S. Pinares-Patino, G. Shackell, P. Vercoe, N.K. Pickering, 2014, Breeding ruminants that emit less **methane** - the role of international collaboration, WCGALP

Manzanilla Pech, C.I.V., Veerkamp, R.F., Calus, M.P.L., Pryce, J.E., de Haas, Y., 2014, Genetic parameter and accuracy of recording **dry matter intake** in first parity Holstein Friesian cows, WCGALP

R.F. Veerkamp, M.P.L. Calus, G. de Jong, R. van der Linde, Y. De Haas, 2014, Breeding Value for **Dry Matter Intake** for Dutch Bull based on DGV for DMI and BV for Predictors, 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production

Hoofdstuk in een boek:

Berry, D.P., Lassen, J., de Haas, Y., 2014, **Residual feed intake** and breeding approaches for enteric methane mitigation, Livestock production and climate change

Thema 5 – Disease resistance and intestinal health

Highlights

In de eerste studie (2013) is gekeken naar twee genetisch verschillende lijnen, welke verschillen in de weerbaarheid tegen bacteriën. In deze studie hebben we gekeken naar de darmontwikkeling, van de gastheer evenals de microbiële ontwikkeling. De resultaten lieten zien dat de lijnen verschillend waren op gebied van de ontwikkeling van het immuunsysteem en een andere kolonisatie hadden van de darm. Omdat er nog geen fenotypische waarnemingen genomen die omgezet kunnen worden naar kwantitatieve gegevens, is het nog niet mogelijk om deze veranderingen in de gastheer daadwerkelijk te correleren aan de darmontwikkeling. De koppeling tussen het fenotype en de darmontwikkeling zal in een volgende dierproef aan de orde komen (eind 2014).

Congressen:

D. Schokker, A.J.M. Jansman, J.M.J. Rebel, F.M. De Bree, A. Bossers, G. Veninga and M.A. Smits. 2014. Exposure to antibiotics affects intestinal microbiota and immune development in broilers. EAAP 2014 Copenhagen.

Thema 6 – Data from the production chain for sustainable animal production

Highlights

In B4F-6 milk production records have been analysed to assess the genetics of uniformity/heterogeneity and to develop insight into environmental sensitivity of dairy cattle. Slightly positive correlations were detected between genetic merit for uniformity on one hand and udder health and longevity on the other hand. Genetic residual variance thus seems to be a genetic indicator of disease resilience. This finding matches the intuitive expectation but needs (empirical) validation and theoretical investigation.

Thema 7 – New products and services for the production chain

Highlights

In B4F-7 a large dataset on pig slaughter abnormalities is being analysed to test whether bench marking health stability on farm level is possible (work in collaboration with the PPS VDI). Seasonality is explicitly taken into account, which may quantify farm (or farm*breed) estimates of environmental sensitivity. The expectation that tailor made nutrition may reduce undesired variation among growing pigs is tested by modelling the outcomes of an earlier experiment in the InraPorc simulation model. In collaboration with the PPS VDI, a workshop was held (16-12-2015) to explore opportunities for better data utilisation in animal chains. Two ideas will be elaborated into pilots on actual across-party data utilisation within production chains (possibly on veal calves and broiler chickens).

Inleidingen/ workshops/ invited lectures:

Karel de Greef. Workshop Databenutting in veehouderijketens. December 2014.