



<b>Algemene gegevens</b>	
PPS-nummer	AF-12018
Titel	Breed4Food
Topsector en innovatiethema	Thema 4
Projectleider (onderzoek)	Lucia Kaal-lansbergen
PPS-coördinator (namens private partij)	Bernard den Geus
Contactpersoon overheid	-
Status (lopend of afgerond)	lopend
Type onderzoek (F, T of V)	-
Werkelijke startdatum	2013
Werkelijke einddatum	2016
Korte omschrijving inhoud	Het programma Breed4Food richt zich op de ontwikkeling van innovatieve onderzoeksprojecten in drie grote onderzoeksgebieden. In de drie gebieden zal Breed4Food nieuwe toegepaste kennis, specifieke en innovatieve methoden, software en tools opleveren. Dit zal resulteren in wetenschappelijke doorbraken om genetische verbetering tot een rendabele veehouderij te realiseren, wat bijdraagt aan de duurzaamheid en het voldoen aan maatschappelijke uitdagingen van de veehouderij.

<b>Highlights</b>
<p>In termen van het gebruik van sequence data, waren we binnen Breed4Food in staat om van alle stieren in Nederland toe te rekenen naar de volledige sequentie. Hierbij zijn genomische voorspellingen uitgevoerd. Software tools zijn ontwikkeld en de MiX BLUP software is bijgewerkt.</p> <p>De eerste studies zijn uitgevoerd om het extra voordeel van het toevoegen van crossbred performance in genomische voorspelling te onderzoeken. Er werd aangetoond dat dit de nauwkeurigheid van genomische voorspelling kan verbeteren, vooral wanneer de genetische correlatie tussen raszuivere en crossbreds laag is. Een strategie is ontwikkeld waarbij lijn-oorsprong van allelen af geleid wordt van crossbreds. Aangetoond werd dat een lijn van meer dan 90% van de allelen van drieweg gekruiste varkens kan worden afgeleid. Het voordeel van het opnemen van deze informatie bij genomische voorspellingsmodellen wordt momenteel onderzocht. Naast het onderzoek worden instrumenten ontwikkeld (en geleverd aan de industrie), die afleiding van line-oorsprong van de allelen in crossbred dieren mogelijk maken.</p> <p>Nadat de fokwaarde voor voeropname van melkvee eind 2014 was geïntroduceerd in de <i>Better Life Efficiency</i> index van CRV, hebben we in 2015 gewerkt aan een optimalisatie en update van deze fokwaarde. Deze fokwaarde zal in april 2016 voor alle veehouders in Nederland beschikbaar komen. 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</p>

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. De veehouderij moet hier iets mee, maar het is nog niet geheel duidelijk welke oplossingsrichtingen er zijn. In 2015 hebben we een bijeenkomst georganiseerd met mensen uit de fokkerij, maar ook van de voedingsindustrie om dit samen vanuit diverse disciplines en benaderingen te bediscussiëren. Hierbij hebben we ons eerst gericht op het varken. Uit die bijeenkomst kwam dat precision feeding een oplossingsrichting is, waarbij optimaler gebruikt wordt gemaakt van het genetisch potentieel van het dier en de benutting van het voer. Begin 2016 komt ook een groep bij elkaar om deze exercitie te herhalen voor de leghennen, waarvoor het voorbereidende werk al wel in 2015 is gedaan.

Verder is er gekeken naar verschil in darmontwikkeling bij genetisch verschillende dieren, zowel in microbiota kolonisatie als gen expressie van de gastheer, de Kolonisatie van microbiota op community-scale onderzocht in de dunne darm en een Dierexperiment met natuurlijke Eimeria infectie afgerond.

Tevens is gekeken naar genetische relaties tussen *finisher traits* en de uniformiteit van slachtkenmerken. En er is een dataset geanalyseerd waarbij slacht kenmerken bekeken zijn om *ketting data* als een opstap naar een big data te kunnen analyseren. Het algemene doel is om slachthuis gegevens te gebruiken om betere feedback te kunnen geven voor processen die plaats vinden op de boerderij.

### **Opgeleverde producten**

**Link naar KOL:** <http://www.wageningenur.nl/nl/project/Breed4Food-3.htm>

### **Scientific papers / Wetenschappelijke artikelen (n=22)**

- Calus MPL, Vandenplas J, Ten Napel J: **Ever-growing data sets pose (new) challenges to genomic prediction models.** *J Anim Breed Genet* 2015, **132(6):407-408.**
- Eynard SE, Windig JJ, Leroy G, van Binsbergen R, Calus MPL: **The effect of rare alleles on estimated genomic relationships from whole genome sequence data.** *Bmc Genetics* 2015, **16.**
- Hidalgo AM, Bastiaansen JWM, Lopes MS, Harlizius B, Groenen MAM, de Koning D-J: **Accuracy of Predicted Genomic Breeding Values in Purebred and Crossbred Pigs.** *G3-Genes Genomes Genetics* 2015, **5(8):1575-1583.**

- Lopes MS, Bastiaansen JWM, Janss L, Knol EF, Bovenhuis H: **Estimation of Additive, Dominance, and Imprinting Genetic Variance Using Genomic Data.** *G3-Genes Genomes Genetics* 2015, **5**(12):2629-2637.
- Lopes MS, Bastiaansen JWM, Janss L, Knol EF, Bovenhuis H: **Genomic prediction of growth in pigs based on a model including additive and dominance effects.** *Journal of Animal Breeding and Genetics* 2015:n/a-n/a.
- Maurice-Van Eijndhoven MHT, Bovenhuis H, Veerkamp RF, Calus MPL: **Overlap in genomic variation associated with milk fat composition in Holstein Friesian and Dutch native dual-purpose breeds.** *Journal of Dairy Science* 2015, **98**(9):6510-6521.
- Maurice-Van Eijndhoven MHT, Veerkamp RF, Soyeurt H, Calus MPL: **Heritability of milk fat composition is considerably lower for Meuse-Rhine-Yssel compared to Holstein Friesian cattle.** *Livestock Science* 2015, **180**:58-64.
- van den Berg S, Calus MPL, Meuwissen THE, Wientjes YCJ: **Across population genomic prediction scenarios in which Bayesian variable selection outperforms GBLUP.** *Bmc Genetics* 2015, **16**.
- Veroneze R, Lopes MS, Hidalgo AM, Guimaraes SEF, Silva FF, Harlizius B, Lopes PS, Knol EF, van Arendonk JAM, Bastiaansen JWM: **Accuracy of genome-enabled prediction exploring purebred and crossbred pig populations.** *Journal of Animal Science* 2015, **93**(10):4684-4691.
- Wientjes YCJ, Veerkamp RF, Calus MPL: **Using selection index theory to estimate consistency of multi-locus linkage disequilibrium across populations.** *Bmc Genetics* 2015, **16**.
- Wientjes YCJ, Veerkamp RF, Bijma P, Bovenhuis H, Schrooten C, Calus MPL: **Empirical and deterministic accuracies of across-population genomic prediction.** *Genetics Selection Evolution* 2015, **47**.
- Wientjes YCJ, Calus MPL, Goddard ME, Hayes BJ: **Impact of QTL properties on the accuracy of multi-breed genomic prediction.** *Genetics Selection Evolution* 2015, **47**.
- Wientjes YCJ, Bijma P, Veerkamp RF, Calus MPL: **An Equation to Predict the Accuracy of Genomic Values by Combining Data from Multiple Traits, Populations, or Environments.** *Genetics* 2015.
- Zhang QQ, Calus MPL, Guldbbrandtsen B, Lund MS, Sahana G: **Estimation of inbreeding using pedigree, 50k SNP chip genotypes and full sequence data in three cattle breeds.** *Bmc Genetics* 2015, **16**.
- van Binsbergen R, Calus MPL, Bink M, van Eeuwijk FA, Schrooten C, Veerkamp RF: Genomic prediction using imputed whole-genome sequence data in Holstein Friesian cattle. *Genetics Selection Evolution* 2015, 47.
- ten Napel J, Veerkamp RF: The Dutch national breeding programmes have developed to major globally operating companies. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 2015, **132**(3):205-206.
- Ten Napel J, H. A. Mulder, M. Lidauer, I. Strandén, E. Mäntysaari, M. H. Pool, and R. F. Veerkamp. Netherlands.: MiXBLUP, the Mixed-model Best Linear Unbiased Prediction software for PCs for large genetic evaluation systems. Version 131, Wageningen, the 2014.
- De Haas, Y. ; Pryce, J.E. ; Calus, M.P.L. ; Wall, E. ; Berry, D.P. ; Lovendahl, P. ; Krattenmacher, N. ; Miglior, F. ; Weigel, K. ; Spurlock, D. ; MacDonald, K.A. ; Hulsegge, B. ; Veerkamp, R.F. (2015) 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* **98** (9): 6522 - 6534.
- Pickering, N.K. ; Oddy, V.H. ; Basarab, J. ; Cammack, K. ; Hayes, B. ; Hegarty, R. ; Lassen, J. ; McEwan, J. ; Miller, S. ; Pinares-Patino, C. ; de Haas, Y. (2015) Animal board Invited Review: Genetic possibilities to reduce enteric methane

emissions from ruminants. *Animal* 9 (9): 1431 - 1440.

- Tempelman, R. ; Spurlock, D.M. ; Coffey, M.P. ; Veerkamp, R.F. ; Armentano, L. ; Weigel, K. ; de Haas, Y. ; Staples, C.R. ; Connor, E.E. ; Hanigan, M.D. ; Lu, Y.F. ; VandeHaar, M.J. (2015) Heterogeneity in genetic variation and energy sink relationships for residual feed intake across research stations and countries. *Journal of Dairy Science* 98 (3): 2013 - 2026.
- Berry, D.P. ; Lassen, J. ; Haas, Y. de (2015) Residual feed intake and breeding approaches for enteric methane mitigation. In: *Livestock production and climate change / Bhatta, R., Takahashi, J., Malik, P.K., Kohn, R.A., Prasad, C.S., United kingdom : CABI, pp. 273 – 291 (Chapter 18)*
- *Early life microbial colonization of the gut and intestinal development differ between genetically divergent broiler lines*  
Dirkjan Schokker, Gosse Veninga, Stephanie A. Vastenhouw, Alex Bossers, Freddy M. de Bree, Lucia M. T. E. Kaal-Lansbergen, Johanna M. J. Rebel and Mari A. Smits  
*BMC Genomics* 2015:16:418  
DOI: 10.1186/s12864-015-1646-6 © Schokker et al.; licensee BioMed Central. 2015  
Received: 28 January 2015 Accepted: 20 May 2015 Published: 28 May 2015  
<http://bmcgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-015-1646-6>

#### **Inleidingen/ workshops/ invited lectures, n=23**

- Berry, D. P., Y. de Haas, R. F. Veerkamp, M. Coffey, and M. P. L. Calus. 2015. Genomic selection for the high-hanging fruit in livestock breeding programs. *J Anim Sci.* 93 Suppl S3:280.
- Calus, M. P. L., C. Schrooten, and R. F. Veerkamp. 2015. Split-and-merge Bayesian variable selection enables efficient genomic prediction using sequence data. Page 505 *in Proc. 66th Annual Meeting of the EAAP, Warsaw, Poland.*
- Eaglen, S. A. E., G. C. B. Schopen, L. I. Stoffelen, M. P. L. Calus, A. P. W. De Roos, and C. Van der Linde. 2015. Genomic testing of cows and heifers: An industry perspective. Page 251 *in Proc. 66th Annual Meeting of the EAAP, Warsaw, Poland.*
- Eynard, S. E., J. J. Windig, S. J. Hiemstra, and M. P. L. Calus. 2015. The impact of whole genome sequence data to prioritise animals for genetic diversity conservation. Page 98 *in Proc. 66th Annual Meeting of the EAAP, Warsaw, Poland.*
- Gienapp, P., M. P. L. Calus, V. N. Laine, K. van Oers, M. A. M. Groenen, J. Slate, and M. E. Visser. 2015. The genomics of avian breeding time – an ecologically relevant trait for adaptation to climate change. *in Proceedings XVth ESEB Meeting, Lausanne, Switzerland.*
- Harris, B. L., P. M. Vanraden, M. Lidauer, V. Ducrocq, and M. P. L. Calus. 2015. Progress report in genomic reliability task force. *in 2015 Interbull Technical Workshop and Industry Meeting, Verden, Germany.*
- Heidaritabar, M., M. P. L. Calus, H. J. Megens, M. A. M. Groenen, A. Vereijken, and J. W. M. Bastiaansen. 2015. Accuracy of genomic prediction using whole genome sequence data in White egg layer chickens. Page 246 *in Proc. 66th Annual Meeting of the EAAP, Warsaw, Poland.*
- Veerkamp, R. F., R. Van Binsbergen, M. P. L. Calus, C. Schrooten, and A. C. Bouwman. 2015. Comparing genomic prediction and GWAS with sequence information vs HD or 50k SNP chips. Page 506 *in Proc. 66th Annual Meeting of the EAAP, Warsaw, Poland.* Hidalgo, A. M., J. W. M. Bastiaansen, M. S. Lopes, M.

- P. L. Calus, and D. J. De Koning. 2015. Accuracy of genomic breeding values of purebreds for crossbred performance in pigs. Page 455 *in* Proc. 66th Annual Meeting of the EAAP, Warsaw, Poland.
- Oldenbroek, K., I. Hulsege, J. Windig, and M. Calus. 2015. SNP-analysis solves questions on the genetic background of the rare Dutch breed of Red Friesian cattle. *J Anim Sci.* 93 Suppl S3:516.
  - Sevillano, C. A., J. W. M. Bastiaansen, J. Vandenplas, R. Bergsma, and M. P. L. Calus. 2015. Genomic prediction for feed efficiency in pigs based on crossbred performance. Page 310 *in* Proc. 66th Annual Meeting of the EAAP, Warsaw, Poland.
  - Vandenplas, J., M. P. L. Calus, C. A. Sevillano, J. J. Windig, and J. W. M. Bastiaansen. 2015. Determination of the purebred origin of alleles in crossbred animals. Page 311 *in* Proc. 66th Annual Meeting of the EAAP, Warsaw, Poland.
  - Vandenplas, J., M. P. L. Calus. 2015. Genomic selection applies to synthetic breeds. Invited presentation at Annual Girolando Conference. 20 November, Belo Horizonte, Brazil.
  - Wientjes, Y. C. J., P. Bijma, R. F. Veerkamp, and M. P. L. Calus. 2015. Predicting the accuracy of multi-population genomic prediction. Page 350 *in* Proc. 66th Annual Meeting of the EAAP, Warsaw, Poland.
  - Berry, D.P. ; de Haas, Y. ; Veerkamp, R.F. ; Coffey, M. ; Calus, M.P.L. (2015) Genomic selection for the high-hanging fruit in livestock breeding programs. In: Book of Abstracts 2015 Annual Meeting American Dairy Science Association, American Society of Animal Science, Orlando Florida, USA, 2015-07-12/2015-07-16.
  - Lu, Y. ; VandeHaar, M.J. ; Spurlock, D.M. ; Weigel, K.A. ; Armentano, L. ; Staples, C.R. ; Connor, E.E. ; Wang, Z. ; Coffey, M. ; Veerkamp, R.F. ; de Haas, Y. ; Tempelman, R.J. ; Bello, N. (2015) Hierarchical Bayesian inference on genetic and non-genetic components of partial efficiencies determining feed efficiency in dairy cattle. In: Book of Abstracts 2015 Annual Meeting American Dairy Science Association, American Society of Animal Science, Orlando Florida, USA, 2015-07-12/2015-07-16.
  - Yao, Chen ; Campos, G. de los; VandeHaar, M.J. ; Spurlock, D. ; Armentano, L. ; de Haas, Y. ; Veerkamp, R.F. ; Coffey, M. ; Weigel, K.A. (2015) Evaluating residual feed intake in dairy cattle using marker x environment interaction genomic selection model. In: Book of Abstracts 2015 Annual Meeting American Dairy Science Association, American Society of Animal Science, Orlando Florida, USA, 2015-07-12/2015-07-16.
  - De Haas, Y. ; Lassen, J. (2015) METHAGENE - Towards large-scale methane measurements on individual ruminants for genetic evaluations. In: Book of Abstracts of the 66th Annual Meeting of the EAAP. Wageningen Academic Publishers, 66th Annual Meeting of the EAAP, Warsaw, Poland, 2015-08-31/ 2015-09-04 - p. 90 - 90.
  - Manzanilla Pech, C.I.V. ; Veerkamp, R.F. ; Tempelman, R.J. ; Weigel, K.A. ; Haas, Y. de (2015) Genetic associations between feed intake and conformation traits in two populations. In: Book of Abstracts of the 66th Annual Meeting of the EAAP. Wageningen Academic Publishers, 66th Annual Meeting of the EAAP, Warsaw, Poland, 2015-08-31/ 2015-09-04 - p. 289 - 289.
  - De Haas, Y. (2015) Genetic solutions for greenhouse gas reduction. In: Book of Abstracts of 24<sup>th</sup> meeting of ALPA (Asociación Latinoamericana de Producción Animal), Puerto Varas, Chile, 2015-11-09/2015-11-13.
  - De Haas, Y. ; Veerkamp, R.F. (2015) Fokken voor voerefficiëntie. Presentatie

voor Roodbont studieclub, Laren (GLD), 2015-01-06

- De Haas, Y. ; Veerkamp, R.F. (2015) Verbeteren voerefficiëntie door fokkerij. Presentatie voor de Studieclub CRV-West, Nieuwland, 2015-01-20
- De Haas, Y. ; Veerkamp, R.F. (2015) Verbeteren voerefficiëntie door fokkerij. Presentatie voor de Fokstudieclub "De Rijnstreek", Hazerswoudedorp, 2015-12-08

### **Report**

- De Haas, Y. ; Veerkamp, R.F. (2015) Fokwaarde voeropname: Introductie van fokwaarde voor voeropname in Nederland. Wageningen UR Livestock Research, Rapport 837 - p. 17 (<http://edepot.wur.nl/335746>)