

Forschung und Entwicklung des
Fachbereichs Zuchtwertschätzung der
Qualitas AG im Jahr 2017

1	Allgemeines	3
1.1	Mitarbeit in Fachgremien.....	3
1.2	Teilnahme an Fachtagungen und Weiterbildungskursen	3
1.3	Publikationen und Vorträge.....	3
2	Abgeschlossene Projekte.....	7
2.1	Genotypenaustausch Holstein (CDDR, ANAFI).....	7
2.2	Genomische Selektion Simmental und Swiss Fleckvieh.....	7
2.3	Kuhbasierte genomische Selektion für neue Zuchtziele.....	7
2.4	Copy number variation in Brown Swiss cattle	8
2.5	ZWS Jersey: RRTDM, LBE.....	8
2.6	Analyse Acetondaten Suisselab.....	8
2.7	GMACE	9
3	Laufende Projekte.....	9
3.1	Genomische Selektion: Weiterentwicklungen / Optimierungen	9
3.2	Intergenomics.....	9
3.3	Genetisches Monitoring, missing Homozygosity	9
3.4	ZWS LBE: Einfluss Grösse	9
3.5	Infrarotspektren CombiFoss.....	9
3.6	Core Organic - 2-ORG-COWS	10
3.7	MethaGENE plus.....	10
3.8	Efficient Dairy Genome Project (EDGP).....	10
3.9	Zuchtwertschätzung Gesundheitsdaten.....	11
3.10	Zuchtwertschätzung Aufzuchtverluste	11
3.11	Neuschätzung der Faktoren für die Aufrechnung der AT4-Wägungen	11
3.12	ZWS Fettabdeckungsklasse	12
3.13	Genomische Selektion: Deregression ITB-ZW für Effektschätzung	12
3.14	Ejakulatqualität.....	12
3.15	QS Routine-ZWS	12
3.16	Sequenzierung Holstein.....	12

1 Allgemeines

1.1 Mitarbeit in Fachgremien

Mitarbeitende der Qualitas AG waren im Jahr 2017 in folgenden Fachgremien vertreten:

- Kommission Agrarproduktion und Umwelt der SVIAL (U. Schnyder)
- Leitungsgremium Profi-Lait (U. Schnyder)
- Expertengruppe tiergenetische Ressourcen des BLW (J. Moll)
- Swiss Animal Breeding Technology Platform (J. Moll und U. Schnyder)
- Vorstand Schweizerische Vereinigung für Tierwissenschaften (B. Gredler, ab 1.10.2018 B. Bapst)
- Management Committee EU-Cost Action Methagene (Ersatzmitglied, B. Gredler)
- Forschungsausschuss ASR (J. Moll und U. Schnyder)
- EAAP Commission on Animal Genetics (Industry Representative, B. Gredler)
- ICAR working group Feed and Gas (B. Gredler)
- EFFAB Patent Watch (B. Gredler, U. Schnyder)
- EMR EEIG Scientific committee (F. Grandl)
- INTERBEEF Technical Group (S. Kunz)

1.2 Teilnahme an Fachtagungen und Weiterbildungskursen

Mitarbeitende der Qualitas AG haben die folgenden Fachtagungen und Kurse besucht:

- METHAGENE Awareness Meeting, 31.01.-1.02.2017, Gembloux, Belgien
- Interbull Technical Workshop, 6./7.02.2017, Ljubljana, Slowenien
- Wissenschaftliche Tagung der AFEMA, 9./10.02.2017, Universität Bern, Schweiz
- ZAR-Seminar „Der effizienten Kuh auf der Spur“, 9.03.2017, Salzburg, Österreich
- Kurs „Vibrational Spectroscopy and Chemometrics“, 13.-17.03.2017, CRA-W, Gembloux, Belgien
- Frühjahrstagung der Schweizerischen Vereinigung für Tierproduktion, 23.03.2017, HAFL Zollikofen, Schweiz
- SNPpit workshop von Eildert Groeneveld, 3.-6.4.2017, Mariensee, Deutschland
- SVIAL-Mitgliederversammlung, 28.04.2017, Inforama Seeland, Ins, Schweiz
- Kolloquium: Schätzung Grünfuturaufnahme und Aktivitätsmonitoring von Milchkühen mit RumiWatch System, 24.05.2017, Agroscope Posieux, Schweiz
- Swiss Animal Breeding Technology Platform (SABRE-TP) Workshop, 8.06.2017, Zug, Schweiz
- Interbeef-Meeting, 12.-13.06.17, Edinburgh, UK
- International Committee for Animal Recording (ICAR), 14.-16.06.2017, Edinburgh, UK
- Animals breeding and Genetics Short Course, 19.-23.06.2017, Ames, Iowa, USA
- Interbull-Meeting, 26.-27.08.2017, Tallin, Estland
- 68. Jahrestagung der Europäischen Vereinigung für Tierproduktion (EAAP), 28.08.-1.09.2017, Tallin, Estland
- Animal Genetics and Diseases Conference, 20.-22.9.2017, Hinxton, Cambridge, UK
- Efficient Dairy Genome Project Symposium and ROC meeting, 17.-18.10. 2017, Guelph, CAN
- Design of Breeding Programs with Genomic Selection, 16.-20.10.2017, Wageningen University, Niederlande
- Profi-Lait Forschungstag, 21.11.2017, HAFL Zollikofen, Schweiz

1.3 Publikationen und Vorträge

Je häufiger ein Artikel in anderen Publikationen zitiert wird, desto grösser ist seine Bedeutung. Deshalb freut es uns besonders, dass ein Artikel aus dem Jahr 2015 zur Methanschätzung aus MIR-Daten, an dem auch Qualitas beteiligt war, den Journal of Dairy Science Most-Cited Paper Award 2018 gewann: [https://www.journalofdairyscience.org/article/S0022-0302\(15\)00353-7/pdf](https://www.journalofdairyscience.org/article/S0022-0302(15)00353-7/pdf)

Im Jahr 2017 waren Mitarbeitende der Qualitas AG an folgenden Publikationen beteiligt:

- Berweger M. Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Aufzuchtverluste. Profi-Lait Forschungstag, 22.11.2017, HAFL Zollikofen, Schweiz
- Berweger M. Tierwissenschaftler treffen sich in Tallinn. Bericht Interbull/EVT Jahrestagungen in Tallinn. CHbraunvieh 8/2017, 32-33; swissherdbook bulletin 7/2017, 24-27
- Butty AM, Frischknecht M, Gredler B, Neuenschwander S, Moll J, Bieber A, Baes CF. Genetic and genomic analysis of hyperthelia in Brown Swiss cattle. 2017. Journal of Dairy Science 100, 402-411.
- Butty AM, Miglior F, Stothard P, Schenkel FS, Gredler B, Sargolzaei M, Baes CF. A Genetic Diversity Index method to improve imputation accuracies of rare variants. Conference paper ADSA Annual Meeting, Pittsburgh, June 2017.
- Butty AM, Miglior F, Stothard P, Schenkel FS, Gredler B, Sargolzaei M, Baes CF. Impact of the genetic diversity of the reference population on the accuracy of imputation of rare variants. Plant and animal Genome Conference, San Diego, January 2017.
- Flury C, Burren A, Neuditschko M, Signer-Hasler H, Frischknecht M, Reber I, Menzi F, Drögemüller C. Selektionssignaturen in Schweizer Ziegenrassen, Poster SVT Tagung 23.03.2017, Zollikofen
- Flury C, Signer-Hasler H, Frischknecht M, Lussi A, Seefried FR, Drögemüller C. A region on BTA5 is significantly associated with Brachygnathia inferior in dairy cattle. 2017. Book of Abstracts of the 68th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers, The Netherlands p.141
- Frischknecht M, Bapst B, Flury C, Seefried FR, Signer-Hasler H, Garrick D, Stricker C, Intergenomics Consortium, Fries R, Russ I, Sölkner J, Bieber A, Bagnato A, Gredler B. Genomweite Assoziationsstudien für Fruchtbarkeitsmerkmale in Braunvieh, Vortrag SVT Tagung 23.03.2017, Zollikofen
- Frischknecht M. Die Genetik der Geburt – Genomweite Assoziationsstudien für Geburtsablauf bei Braunvieh. 6. SABRE-TP Workshop, 08. Juni 2017, Zug, Vortrag
- Frischknecht M, Bapst B, Seefried FR, Signer-Hasler H, Garrick D, Stricker C, Intergenomics Consortium, Fries R, Russ I, Sölkner J, Bieber A, Strillacci MG, Gredler-Grandl B, Flury C. Genome-wide association studies of fertility and calving traits in Brown Swiss cattle using imputed whole-genome sequences. 2017. BMC Genomics. 18:910
- Frischknecht M, Meuwissen THE, Bapst B, Seefried FR, Flury C, Garrick D, Signer-Hasler H, Stricker C, Intergenomics Consortium, Bieber A, Fries R, Russ I, Sölkner J, Bagnato A, Gredler B. Genomische Zuchtwertschätzung mit Sequenzdaten, Poster SVT Tagung 23.03.2017, Zollikofen
- Frischknecht M, Meuwissen THE, Bapst B, Seefried FR, Flury C, Garrick D, Signer-Hasler H, Stricker C, Intergenomics Consortium, Bieber A, Fries R, Russ I, Sölkner J, Bagnato A, Gredler-Grandl B. Short communication: Genomic prediction using imputed whole-genome sequence variants in Brown Swiss cattle. 2018. Journal of Dairy Science p.1292-1296, published online 15.11.2017
- Frischknecht M, Pausch H, Bapst B, Signer-Hasler H, Flury C, Garrick D, Stricker C, Fries R, Gredler-Grandl B. Highly accurate sequence imputation enables precise QTL mapping in Brown Swiss Cattle. 2017. BMC Genomics. 18:999
- Grandl F, Vanlierde A, Colinet FG, Vanrobays M-L, Grelet C, Dehareng F, Gengler N, Soyeurt H, Kreuzer M, Schwarm A, Mürger A, Dohme-Meier F, Gredler B. Anwendung einer Schätzung von CH₄ aus Milch-MIR-Spektren auf Daten der Schweizer Milchkuhpopulation. 2017. Frühjahrstagung der Schweizerischen Vereinigung für Tierwissenschaften, S. 15.
- Grandl F, Vanlierde A, Colinet FG, Vanrobays M-L, Grelet C, Dehareng F, Gengler N, Soyeurt H, Kreuzer M, Schwarm A, Mürger A, Dohme-Meier F, Gredler B. Anwendung einer Schätzgleichung für Methanemissionen aus Milch-MIR-Spektren auf Daten der Schweizer Milchkuhpopulation. 2017. ETH-Schriftenreihe zur Tierernährung, 40: 94-95.
- Grandl F, Zehetmeier M. 2017. Treibhausgasbilanz verschiedener Nutztiersysteme. ETH-Schriftenreihe zur Tierernährung, 40:39-46.
- Gredler B. Genetik der Fruchtbarkeit im Fokus. CHbraunvieh 7/2017, 4-6.

- Gredler-Grandl B, Grandl F. Nutzung von Milch-MIR-Spektren für die Rinderzucht. 2017. AFEMA-Tagung, Bern.
- Ha NT, Gross JJ, Sharifi AR, Schlather M, Drögemüller C, Schnyder U, Schmitz-Hsu F, Bruckmaier RM, Simianer H. Genetische Analyse der metabolischen Adaptation von Milchkühen in der Früh-laktation. *Züchtungskunde* 1/2017; 89: 48-60
- Ha NT, Sharifi AR, Heise J, Schlather M, Schnyder U, Gross JJ, Schmitz-Hsu F, Bruckmaier RM, Simianer H. A reaction norm sire model to study the effect of metabolic challenge in early lactation on the functional longevity of dairy cows. *J Dairy Sci.* 2017 May;100(5):3742-3753. doi: 10.3168/jds.2016-12031. Epub 2017 Mar 9.
- Hiltbold MM, Gredler-Grandl B, Willam A, Fürst-Waltl B, Moll J, Neuenschwander S, Bangerter E, Bapst B. Optimization of Swiss dairy goat breeding programs: modelling of different variations with ZPLAN. 2017. Book of Abstracts of the 68th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers, The Netherlands p.153
- Houlahan K, Beard S, Miglior F, Richardson C, Maltecca C, Gredler B, Fleming A, Baes C. Design of breeding strategies for feed efficiency and methane emissions in Holstein using ZPLAN+. 2017. Book of Abstracts of the 68th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers, The Netherlands p.183
- Houlahan K, Miglior F, Maltecca C, Gredler B, Fleming A, Baes C. Breeding strategies for improving feed efficiency in Holstein cattle using ZPLAN+. 2017. Conference paper ADSA Annual Meeting, Pittsburgh, June 2017.
- Khayatzadeh N, Mészáros G, Utsunomiya YT, Schmitz-Hsu F, Seefried F, Schnyder U, Ferenčaković M, Garcia JF, Curik I, Sölkner J. Effects of breed proportion and components of heterosis for semen traits in a composite cattle breed. *J Anim Breed Genet.* 2017 Nov 22. doi: 10.1111/jbg.12304.
- Kunz S, Strasser S. Zuchttechnische Dienstleistungen von Mutterkuh Schweiz. *die Mutterkuh* 3/2017, 45-49.
- Kunz S, Berweger M. EVT-Tagung August/September 2017 in Tallin, Estland. *die Mutterkuh* 4/2017, 37.
- Miglior F, Baes C, Canovas A, Coffey M, Connor EE, De Pauw M, Gredler B, Goddard E, Hailu G, Lassen J, Amer P, Osborne V, Pryce J, Sargolzaei M, Schenkel FS, Wall E, Wang Z, Wright T, Stothard P. The efficient dairy genome project: environmental stewardship through genomic selection. 2017. Book of Abstracts of the 68th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers, The Netherlands p.376
- Moll, J. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. HF und BLS LBBZ Schluethof, 05.01.2017, Cham
- Moll J. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. Gastvorlesung ETHZ, 17.05.2017, Zürich
- Moll J. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht, Gastvorlesung Vetsuisse Universität Bern, 12.12.2017, Bern
- Moll J. Zehn Jahre genomische Selektion in der Schweiz, Plattform der Rassenclubs Mutterkuh Schweiz, 15.12.2017, Brunegg
- Neuditschko M, Raadsma HW, Khatkar MS, Jonas E, Steinig EJ, Flury C, Signer-Hasler H, Frischknecht M, von Niederhäusern R, Leeb T, Rieder S. Identification of key contributors in complex population structures. 2017. *PLOS One* e 0177638
- Pausch H, Emmerling R, Gredler-Grandl B, Fries R, Daetwyler HD, Goddard ME. Meta-analysis of sequence-based association studies across three cattle breeds reveals 25 QTL for fat and protein percentages in milk at nucleotide resolution. 2017. *BMC Genomics.* 18:853
- Pausch H, MacLeod IM, Bowman PJ, Emmerling R, Gredler-Grandl B, Fries R, Daetwyler HD, Goddard ME. Pinpointing causal mutations among imputed sequence variant genotypes in three cattle breeds. 2017. Abstract Book of the 36th International Society for Animal Genetics Conference (ISAG 2017), 28-28, Champaign, IL: International Society for Animal Genetics (ISAG).

- Prinsen RTMM, Rossoni A, Gredler B, Bieber A, Bagnato A, Strillaci MG. A genome wide association study between CNVs and quantitative traits in Brown Swiss cattle. 2017. Livest. Sci., Vol 202, 7-12.
- Schnyder U. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. Gastvorlesung HAFL, 19. Mai 2017, Zollikofen
- Schnyder U. Neues von der Qualitas AG. AGRIDEA/SVIAL-Kurs „Aktuelles aus Rindvieh- und Schweinehaltung“, 22. September 2017, Zollikofen
- Schuler U, Seefried F. Genomische Zuchtwerte in der eigenen Herde nutzen. CHbraunvieh 1/2017, 4-5
- Schuler U, Seefried F. Stierauswahl im Zeitalter der Genomik. CHbraunvieh 1/2017, 6-7
- Schuler U, Seefried F. Nutzung genomischer Zuchtwerte. swissherdbook bulletin 1/2017, 16-18
- Schuler U. Risiko breit streuen. swissherdbook bulletin 1/2017, 19
- Schuler U, Berweger M, Gredler-Grandl B, Kunz S, Hofstetter S, Mock T, Mehinagic T, Stokar-Regenscheit M, Meylan M, Schmitz-Hsu F, Seefried FR, Drögemüller C. APOB associated cholesterol deficiency in Holstein cattle is not a simple recessive disease. 2017. Book of Abstracts of the 68th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers, The Netherlands p.139
- Schuler U. Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Widerstandskraft gegen Mastitis. Poster Profi-Lait Forschungstag 21.11.2017, Zollikofen
- Seefried FR, Berweger M, Gredler-Grandl B, Kunz S, Drögemüller C. Screening for missing homozygosity in a local Swiss dual purpose breed. 2017. Book of Abstracts of the 68th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers, The Netherlands p.141
- Seefried F, von Rohr P, Drögemüller C. Genotype prediction for a structural variant in Brown Swiss cattle (BSW) using Illumina Beadchip data. 2017. Book of Abstracts of the 68th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers, The Netherlands p.134
- Seefried F. Retrospektive Analyse der nationalen Milchvieh-Zuchtprogramme im Vergleich zur Entwicklung in Nordamerika. 6. SABRE-TP Workshop, 08. Juni 2017, Zug, Vortrag
- Signer-Hasler H, Seefried F, Gredler B, Bapst B, Frischknecht M, Garrick D, Stricker C, Schmitz-Hsu F, Flury C. Optimum Genetic Contribution bei Original Braunvieh, Poster SVT Tagung 23.03.2017, Zollikofen
- Signer-Hasler H, Burren A, Neuditschko M, Frischknecht M, Garrick D, Stricker C, Gredler B, Flury C. Population structure and genomic inbreeding in nine Swiss dairy cattle populations. 2017. Genet Sel Evol. 49:83
- Signer-Hasler H, Burren A, Bapst B, Frischknecht M, Gredler B, Seefried FR, Garrick D, Stricker C, Schmitz-Hsu F, Flury C. Optimum Genetic Contribution in the Swiss Original Braunvieh Cattle Population. 2017. Book of Abstracts of the 68th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers, The Netherlands p.87
- Vanlierde A, Gengler N, Soyeurt H, Grandl F, Kreuzer M, Kuhla B, Lund P, Olijhoek D, Ferris C, Dehareng F. Estimation of CH₄ emissions from milk MIR spectra using respiration chamber as reference technique. 2017. Book of Abstracts of the 68th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers, The Netherlands p.199
- Vanlierde A, Gengler N, Soyeurt H, Martin C, Lewis E, Grandl F, Kreuzer M, Kuhla B, Lund P, Ferris C, Bertozzi C, Dehareng F. Individual methane prediction from milk MIR spectra, across multiple breeds, lactation stages, parities and country-specific dairy farming systems. ICAR Conference 2017, Edinburgh, UK.
- Wegmann Silvia. Update on Swiss Activities in the EDGP Project. Vortrag. Efficient Dairy Genome Project Symposium and ROC Meeting, 17.10.2017, Guelph CAN
- Wegmann Silvia. Futtermittelverwertungseffizienz als Selektionsmerkmal. Poster. Profilitag, 21.11.2017, Zollikofen

- Wegmann Silvia. Futtermittelverwertungseffizienz bei Milchkühen. Holstein News, swissherdbook bulletin, Schweizer Bauer, Mai/Juni 2017.
- Wegmann Silvia. Zuchtwert für die Futtermittelverwertungseffizienz. Holstein News und swissherdbook bulletin, Juli/August 2017.

2 Abgeschlossene Projekte

2.1 Genotypenaustausch Holstein (CDDR, ANAFI)

Dank dem Zusammenarbeitsvertrag mit CDDR (Cooperative Dairy DNA Repository) hat die Schweizer Holsteinzucht seit Februar 2016 Zugang zu den SNP-Genotypen aller Holsteintiere, welche sich im Besitz dieses nordamerikanischen Konsortiums befinden. Seit Ende 2016 werden monatlich alle neu generierten Genotypen von Holsteintieren ausgetauscht und gegenseitig genomische Zuchtwerte berechnet. Im Frühjahr 2017 wurde dieser Austausch auf den italienischen Holsteinzuchtverband ANAFI ausgedehnt und die erhaltenen Genotypen von nachzuchtgeprüften Stieren wurden erstmals in die Routine-Effektschätzung integriert. Zudem wurde Ende Jahr ein Prozess zum effizienten Genotypenaustausch von ausgewählten weiblichen Holsteintieren eingeführt. Bis Januar 2018 wurden so insgesamt 166'215 Genotypen aus Nordamerika und 15'471 aus Italien in unser System der genomischen ZWS integriert.

2.2 Genomische Selektion Simmental und Swiss Fleckvieh

Die Arbeiten zur Entwicklung genomischer Zuchtwerte für Simmental (Produktion und Zellzahl) konnten im Frühjahr 2017 abgeschlossen werden. Analog zum Original Braunvieh gibt es nun auch für Simmental und Swiss Fleckvieh separate Trainingspopulationen und die Methoden zur Deregression der ZW wurden vereinheitlicht. Die bei der Standardisierung der DGZW gewonnenen Erkenntnisse wurden im Gegenzug auch auf alle anderen Rassen übertragen. Während die Streuung der DGZW nach wie vor durch alle Trainingstiere bestimmt wird, wird das Niveau nun innerhalb der jeweiligen Rasse festgelegt. So konnten die im Vorjahr festgestellten Differenzen zwischen den konventionellen Zuchtwerten und den DGZW bei den zahlenmässig kleineren Rassen deutlich reduziert werden.

2.3 Kuhbasierte genomische Selektion für neue Zuchtziele

Mit diesem Projekt sollten die Voraussetzungen geschaffen werden um zwei wesentliche Anforderungen an zukunftsfähige Rinderzuchtprogramme zu erfüllen: die Nutzung von Genotypen von weiblichen Tieren in der Referenzpopulation für die genomische Selektion und die Anpassung des Leistungsprüfungssystems an neue Zuchtziele. Das Konzept sah drei Projektphasen mit insgesamt 9 Arbeitspaketen vor, wovon jedoch nur das erste umgesetzt wurde. Dabei wurden Szenarien zur optimalen Kuhauswahl für die Genotypisierung geprüft. Anhand von deterministischen Formeln konnte gezeigt werden, dass für ein Merkmal mit einer Heritabilität von 0.1 rund 12'000 Kühe in der Referenzpopulation sein müssten um bei den genomischen Zuchtwerten eine Genauigkeit von 0.75 zu erreichen. Zudem weist die ausgewertete Literatur zu Simulationsstudien und realen Beispielen darauf hin, dass die Kühe möglichst zufällig ausgewählt werden sollten um eine Verzerrung der genomischen Zuchtwerte zu vermeiden. Falls genügend Phänotypen von Typisierungskandidatinnen vorliegen, sollte auch die Verwandtschaft zur bestehenden Referenzpopulation beachtet werden. In einem Workshop zur Definition der neu zu erhebenden Merkmale stellte sich heraus, dass sich die Zuchtorganisationen in diesem Bereich auf die Nutzung

bestehender Datenerfassungssysteme und Projekte konzentrieren wollen. In der Folge wurde das Projekt in der angedachten Form bereits beendet, bevor die erste Phase der Konzepterarbeitung vollständig umgesetzt werden konnte.

2.4 Copy number variation in Brown Swiss cattle

Braunvieh Schweiz stellte für das Dissertationsprojekt von Raphaelle Prinsen (Uni Mailand) zur Analyse von Copy Number Variations (Kopienzahlvariationen, CNVs) beim Braunvieh rohe Illumina BovineHD Genotypen von etwa 1400 Stieren und Kühen zur Verfügung. Mit den zuvor identifizierten CNVs und den von Braunvieh Schweiz zur Verfügung gestellten deregressierten Zuchtwerten wurden im Berichtsjahr genomweite Assoziationsstudien durchgeführt. Für 56 der untersuchten CNVs konnten Assoziationen zu einem oder mehreren der acht untersuchten Merkmale nachgewiesen werden. Die stärksten Assoziationssignale zeigten drei CNVs auf Chromosom 12 für das Merkmal Fettmenge und auf BTA23 für Eutermerkmale.

2.5 ZWS Jersey: RRTDM, LBE

Seit einigen Jahren werden für Jersey-Tiere mit Schweizer Daten mit dem Random Regression Testtagsmodell für die Produktionsmerkmale Zuchtwerte geschätzt und publiziert. Diese Zuchtwertschätzung wird mit den Varianzkomponenten von Braunvieh durchgeführt. Alle weiteren Merkmale werden nicht ausgewertet. Falls vorhanden werden für ausländische Stiere Interbull-Zuchtwerte auf der dänischen Basis publiziert. Aufgrund der zunehmenden Tierzahlen und damit verbundenen verbesserten Datengrundlage wurde entschieden, die Zuchtwertschätzung für Jersey auszubauen. In einem 2017 gestarteten und weitgehend abgeschlossenen Projekt wurden folgende Punkte bearbeitet:

- Entwicklung einer eigenständigen Zuchtwertschätzung für die Produktionsmerkmale (inkl. Zellzahl und Persistenz) und Bildung eines Milchwertes
- Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für die Exterieurmerkmale
- Teilnahme an der MACE-Auswertung (Interbull) für Jersey

Nach der erfolgreichen Interbull-Validierung im Herbst 2017 werden die Neuerungen auf die Zuchtwertschätzung vom April 2018 routinemässig umgesetzt.

2.6 Analyse Acetondaten Suisselab

Im Jahr 2016 wurde das Projekt "Die Erfassung des Stoffwechselstatus bei der Milchkuh durch den BHB-Aceton-Wert mit FTIR bei der Milchkontrolle" in Zusammenarbeit mit der Uni Bern, Prof. R. Bruckmaier, gestartet. Dabei werden sowohl Milchproben als auch Blutproben auf ihren Gehalt an BHB und Aceton untersucht und damit die Aussagekraft der Milcoscan-Analysen bezüglich Ketonkörpergehalt des Bluts überprüft. Darüber hinaus bietet dieses Projekt die Möglichkeit, mit Hilfe der Milchspektren Systeme für die Früherkennung von Stoffwechselproblemen zu entwickeln.

Die Studie zeigt auf, dass die BHB und Acetonwerte aus der Milcoscan-Analyse zu wenig stark mit den BHB-Werten im Blut korrelieren, um als alleinige Früherkennung eines Ketoserisikos der Einzeltiere zu dienen. Stärker korreliert ist der Acetonwert, der mit dem Autoanalyzer gemessen wird. Allenfalls kann mit besser angepassten Schätzgleichungen das Ketoserisiko genauer aus den Milchspektren geschätzt werden, die Daten werden deshalb jetzt ins EMR-Projekt weitergeleitet, um solche Schätzgleichungen zu erhalten.

2.7 GMACE

Ziel von GMACE ist es, genomische Zuchtwerte aus den teilnehmenden Ländern auf die Zuchtwertskalen aller an der internationalen Zuchtwertschätzung (MACE) von Interbull für die Holsteinrasse beteiligten Länder umzurechnen. Das Projekt hat für die Schweizer Zucht- und KB-Organisationen jedoch keine Priorität. Deshalb haben sich die Aktivitäten von Qualitas auch 2017 darauf beschränkt, nach jedem Routine-Lauf die GMACE-Resultate auf der CH-Skala zusammenzustellen. Auf eine aktive Teilnahme bei GMACE wird verzichtet.

3 Laufende Projekte

3.1 Genomische Selektion: Weiterentwicklungen / Optimierungen

Interne Optimierungen wurden durchgeführt die unter anderem mit der SNP-basierten Abstammungskontrolle verknüpft sind.

3.2 Intergenomics

Die Umsetzung von Intergenomics 2.0 ist weiterhin hängig; die Aktivitäten hätten 2017 wieder aufgenommen werden sollen. Leider ist von Interbull diesbezüglich nichts passiert.

3.3 Genetisches Monitoring, missing Homozygosity

Im Auftrag von Braunvieh Schweiz wurde der Datenprozess Optimum Genetic Contribution implementiert und routinemässig umgesetzt. Die Rückmeldung erfolgt seither regelmässig und automatisch. Eine Erfolgskontrolle wurde wegen Mangel an Daten aus der praktischen Umsetzung bisher nicht durchgeführt. Daneben startete die Doktorandin Irene Häfliger mit ihrer Arbeit an der Universität Bern.

3.4 ZWS LBE: Einfluss Grösse

Frau Nadine Zuber hat im Rahmen ihres Praktikums in der zweiten Jahreshälfte 2017 dieses Projekt bearbeitet. Die Grösse wurde als fixer Effekt oder als Kovariable in den ZWS-Modellen als erklärende Variable berücksichtigt. Die Auswirkungen dieser Berücksichtigung auf die Zuchtwerte wurden mit Zuchtwertvergleichen beurteilt. Merkmale, die nicht zum Rahmenblock gehören bei denen die Grösse einen Einfluss hat sind beispielsweise Klauensatz, Aufhängung hinten Breite, Bemuskelung oder Fesseln. Wird entschieden die Grösse zu berücksichtigen, bedingt das die Verwendung einer neuen ZWS-Software, da die derzeitige Software (MTJAAM) keine Mehrmerkmalsmodelle mit unterschiedlichen Modellen je nach Merkmal verarbeiten kann.

3.5 Infrarotspektren CombiFoss

Die Prozesse zur Verarbeitung der Ergebnisse der Ringtestanalysen, zur Übernahme der Spektraldaten von Suisselab, zur Standardisierung der Spektraldaten und zur Archivierung der Daten wurden weiter automatisiert. Aufgrund des Weggangs von Florian Grandl ist der Kontakt zu den Partnern im EMR EEIG Scientific Committee nicht mehr gegeben. Nach wie vor limitierend für eine intensivere Nutzung der MIR-Spektraldaten ist das Fehlen von eigenen Referenzdaten für neue Merkmale. Diese sind notwendig, um Schätzgleichungen zu entwickeln bzw. Zugang zu bereits entwickelten Gleichungen anderer Organisationen zu erhalten.

3.6 Core Organic - 2-ORG-COWS

Zusammen mit 8 europäischen Partnern, unter der Leitung der Universität Giessen (Prof. Sven König), nimmt Qualitas im European Research Network (ERA-Net) Core Organic am Projekt 2-ORG-COWS teil, welches die Eignung von Zweinutzungsrasen für biologische und graslandbasierte Produktionssysteme untersuchen soll. Die Datenerhebung auf den beiden Partnerbetrieben wurde 2017 weiter geführt und Ende des Jahres abgeschlossen. Dabei wurden neben den mit dem elektronischen Sensorsystem erhobenen Daten weitere tierindividuelle Daten zu Gesundheit und Fruchtbarkeit erfasst sowie die Betriebscharakteristika (Fütterung, Wetterdaten, Management, ...) aufgezeichnet. Diese Daten werden vom deutschen Projektparten 2018 ausgewertet.

Genetische Auswertungen für Merkmale, die für die oben genannten Produktionssysteme relevant sind, zur Schätzung von Genotyp x Umwelt Interaktionen (GxU) mit Mehrmerkmalsmodellen, wurden mit den Rassen Simmental, Swiss Fleckvieh und Red Holstein/Holstein weitergeführt. Dabei wurden ganz ähnliche Resultate wie mit Braunvieh, bzw. Original Braunvieh, erzielt: Die genetischen Korrelationen zwischen den auf die verschiedenen Umwelten aufgeteilten Merkmalen lagen ebenfalls zwischen 0.92 und 0.99. Da ein neues Modell angewendet wurde, wurden die Analysen mit Braunvieh und Original Braunvieh wiederholt. Die letztjährigen Resultate konnten bestätigt werden.

Neu wurden nun „reaction norm models“ angewendet, um die Veränderungen der genetischen Parameter entlang einer kontinuierlichen Umweltskala zu verifizieren. Als Umweltskala wurden Meteodaten von 60 offiziellen Wetterstationen der Schweiz beigezogen, die den einzelnen Testtagen zugeordnet wurden. Erste Resultate zeigen, dass unsere spezialisierten Milchrasen anders auf Umwelteinflüsse reagieren, als unsere Doppelnutzungsrasen. Wir gross diese Unterschiede sind und was dies für die Zuchtwertschätzung bedeutet wird 2018 geklärt.

3.7 MethaGENE plus

Das Projekt MethaGENE plus ist eine Kooperation von ETH Zürich, Agroscope und Qualitas und hat das Ziel, Infrarotspektren aus der Milchanalyse sowie weitere kostengünstige Messmöglichkeiten als Hilfsmerkmale für tierindividuelle Methanemission und Futteraufnahme zu evaluieren. Das Projekt startete Mitte 2016 mit einem Weideversuch bei Agroscope Posieux, bei dem die Methan- und Futteraufnahmemessungen auf der Weide im Vordergrund stehen. Aus diesem Versuch sowie einem unabhängigen weiteren Versuch konnten Ende 2016 neue Referenzdaten für die Entwicklung der Schätzgleichung an die Projektpartner in Belgien übermittelt werden, erste Resultate einer populationsweiten Methanschätzung aus Milch MIR-Spektren für Holstein wurden an internationalen Tagungen präsentiert. Für den zweiten Versuch wurden 2017 mittels der Schätzgleichungen Kühe aus der CH-Braunviehpopulation mit sehr hohem und tiefem Methanausstoss ausgelesen. Diese werden einige Wochen in den Ställen von Agrovét Strickhof verbringen, dort werden Methanemission, Futteraufnahme sowie Pansensaft-Proben erfasst. Die Resultate aus diesem Projekt (Methanerhebungen, MIR-Spektren, Futteraufnahme) fliessen als Schweizer Beitrag auch in das internationale Efficient Dairy Genome Project ein.

3.8 Efficient Dairy Genome Project (EDGP)

Da Futteraufnahme und Methanemission nur schwierig und kostenintensiv zu erfassen sind, bilden internationale Partner aus Kanada, Australien, Amerika und Großbritannien einen gemeinsamen Datenpool. Dieser kann als Trainingsdatensatz für die genomische Zuchtwertschätzung und zur Entwicklung von Gleichungen zur Schätzung von Futteraufnahme und Methanemissionen aus den

Milchspektren verwendet werden. Die Daten aus dem Projekt MethaGENE plus ermöglichen es uns, Projektpartner zu sein und damit für unsere Entwicklungen auf den grossen Datenpool zugreifen zu können.

Ein regelmässiger Informationsaustausch findet im Rahmen von virtuellen Meetings der Projektpartner statt, jährlich findet auch ein Treffen in Kanada statt. Die Daten aus dem ersten MethagenePlus Versuch wurden für den Datenaustausch bereitgestellt.

3.9 Zuchtwertschätzung Gesundheitsdaten

Es wurde eine ZWS für das Merkmal Mastitisresistenz entwickelt und die Ergebnisse wurden den Zuchtorganisationen übermittelt. Ein Bericht zum Projekt folgt früh im Jahr 2018. Bei der Entwicklung wurde viel Aufwand betrieben um verschiedene Szenarien für die Datenvalidierung, verschiedene Definitionen von Merkmalen und den Miteinbezug von zellzahlmessungsbasierten Merkmalen zu untersuchen. Schlussendlich wurde den Zuchtorganisationen die Empfehlung gemacht in der ZWS Mastitisresistenz die Mastitiserkrankungen in den Tagen -10 bis 150 um eine Abkalbung herum zu berücksichtigen. Zudem soll dieses Merkmal zusammen mit drei zellzahlbasierten Merkmalen ausgewertet werden. Dabei handelt es sich um den Mittelwert und die Standardabweichung der Zellzahlmessungen in den ersten 150 Laktationstagen und um ein binäres Merkmal Mastitiserkrankung, das aus dem Vorkommen einer Zellzahlmessung über 350'000 Zellen/ml in den ersten 150 Laktationstagen hergeleitet wird.

3.10 Zuchtwertschätzung Aufzuchtverluste

Ungewollte Tierverluste während der Aufzuchtphase sind nicht nur aus tiergesundheitlicher und ethischer Sicht problematisch, sie verursachen darüber hinaus bedeutende wirtschaftliche und züchterische Verluste. Verschiedene Auswertungen deuten darauf hin, dass die ungewollten Abgänge während der Aufzucht in den letzten Jahren zugenommen haben. Zusätzliche Relevanz erhält dieser Merkmalskomplex im Zusammenhang mit neu entdeckten genetischen Defekten (missing homozygosity). Um die Auswirkungen dieser Defekte abschätzen zu können, müssen entsprechende Zuchtwerte vorliegen.

Im Rahmen dieser Arbeit sollen die vorliegenden Daten (Abgangsmeldungen TVD) der drei grossen Milchviehzuchtverbände (BVCH, shb, HOS) analysiert und eine entsprechende Zuchtwertschätzung entwickelt werden. In einem ersten Schritt wurden die Braunvieh-Daten auf ihre grundsätzliche Eignung sowie die Herleitung der Beobachtungen (Merkmalsdefinition) untersucht. Die ermittelten Frequenzen für Abgänge (6.3% bis 180 Tage bei männlichen Kälbern bzw. 3.2% bis 180 Tage bei weiblichen Kälbern) liegen im Bereich von Literaturwerten.

3.11 Neuschätzung der Faktoren für die Aufrechnung der AT4-Wägungen

Bei der Einführung der alternierenden Milchkontrolle AT4 wurden die Aufrechnungsfaktoren verbandsspezifisch geschätzt, es existieren Faktoren für Tiere bei Braunvieh Schweiz, swissherdbook und Holstein, später kamen Faktoren für Eringer dazu. Im Projekt geht es nun darum, diese Faktoren neu zu schätzen, erwünscht wäre eine Abgrenzung nicht mehr nach Verband, sondern nach Milchleistungsgruppe oder allenfalls Rasse(ngruppe). Faktoren für verschiedene Varianten wurden geschätzt und angewendet. Die aufgerechneten Resultate wurden mit den gewogenen Tagesmilchmengen verglichen. Die Auftrennung der Faktoren nach Rasse gibt leicht genauere Resultate als nach Milchmenge, dies unter der Voraussetzung, dass die Rassen in allen Verbänden korrekt erfasst sind (Outsourcing Milchkontrolle, Kühe in Pension usw.). Sobald die Verbände sich für

eine Variante entschieden haben, kann diese an Daten aus vergangenen Jahren getestet und anschliessend eingeführt werden.

3.12 ZWS Fettabdeckungsklasse

Der Hauptfokus von Mutterkuh Schweiz lag im Jahr 2017 auf dem Aufbau der ZWS Fettabdeckung. Die Fettabdeckung war bisher als fixer Effekt im Modell der ZWS Fleischigkeit und Nettozuwachs enthalten. Im überarbeiteten Modell werden die Fettabdeckung, die Fleischigkeit und das Schlachtgewicht multivariat ausgewertet, wobei nach wie vor zwischen Bankkälbern und Banktieren unterschieden wird. Damit können die genetischen Zusammenhänge zwischen diesen Merkmalen besser berücksichtigt werden. Mit dem Wechsel von Nettozuwachs zu Schlachtgewicht wird eine Angleichung an internationale Standards vorgenommen. Die Erblichkeiten für Fettabdeckung, Fleischigkeit und Schlachtgewicht liegen im mittleren bis hohen Bereich und die Korrelationen zwischen der Fettabdeckung und den anderen Merkmalen eher tief. Dies ist für die Zucht vielversprechend, da eine Selektion auf höhere Fettabdeckung ohne grosse Abstriche bei den anderen Merkmalen möglich sein sollte. Die neuen Zuchtwerte sollen erstmals am 9. Juli 2018 publiziert werden.

3.13 Genomische Selektion: Deregression ITB-ZW für Effektschätzung

Eine Software zur Schätzung der Varianzen nationaler Zuchtwerte und der Zuchtwerte aus MACE (internationale ZWS durchgeführt bei Interbull) wurde durch Christian Stricker in Zusammenarbeit mit Qualitas entwickelt. Auf Basis der Schätzungen können die Varianzen der Zuchtwerte aus den verschiedenen Quellen einander angeglichen werden. Die Auswirkungen dieser Angleichung sind noch zu prüfen.

3.14 Ejakulatqualität

In Zusammenarbeit mit Swisssenetics und der Animal Genomics Gruppe an der ETH Zürich (H.Pausch) sollen die routinemässig erfassten Phänotypen zur Ejakulatqualität von Besamungsbullen ausgewertet werden. Ziel des Projekts ist die Entwicklung eines Tests (phänotypisch oder genetisch) zur Früherkennung von Stieren mit ungenügender Ejakulatqualität bei Braunvieh. Das Projekt soll 2018 starten. In einer Vorstudie wurden verschiedene genomweite Assoziationsstudien für die Phänotypen Volumen, Konzentration und % Lebende Spermien durchgeführt. Insbesondere für % Lebende Spermien konnte bereits ein QTL detektiert werden, welcher auch weiter untersucht werden wird. Weitere Phänotypen sollen im Laufe des Projekts erhoben werden und auch diese genetisch untersucht werden und die bestehenden Phänotypen genauer angeschaut werden.

3.15 QS Routine-ZWS

Im Projekt «QS Routine-ZWS» soll die Überprüfbarkeit und somit die Absicherung von Qualitätsstandards in der routinemässigen Zuchtwertschätzung verbessert werden. Ein wichtiger Aspekt der QS bei statistischen Analysen ist deren Reproduzierbarkeit. Dies bedeutet, dass die Resultate der einzelnen Analysen zu einem späteren Zeitpunkt neu berechnet werden können. Durch die systematische Einführung der Reproduzierbarkeit wird die Überprüfung der geforderten Qualitätsstandards der Routine-ZWS sehr vereinfacht.

3.16 Sequenzierung Holstein

Im Rahmen des Zusammenarbeitsvertags mit CDDR sollen Holsteinstiere mit höherer Dichte nachtypisiert resp. sequenziert werden. Ziel ist die Auswahl von 50 Holsteinstieren für die Sequenzierung

und weiterer 250 Stiere für Genotypisierung mit dem Illumina HD und mit dem GGPF250 Chip. Die Resultate von drei verschiedenen Verfahren zur Auswahl informativer Individuen wurden zu einer vorläufigen Liste der Typisierungskandidaten kombiniert.