

Forschung und Entwicklung des  
Fachbereichs Zuchtwertschätzung der  
Qualitas AG im Jahr 2018

1	Allgemeines .....	3
1.1	Mitarbeit in Fachgremien .....	3
1.2	Teilnahme an Fachtagungen und Weiterbildungskursen.....	3
1.3	Publikationen und Vorträge.....	4
2	Abgeschlossene Projekte .....	5
2.1	ZWS LBE: Einfluss Grösse .....	5
2.2	ZWS LBE: Einstufungsnoten .....	5
2.3	Neuschätzung der Faktoren für die Aufrechnung der AT4-Wägungen .....	5
2.4	ZWS Fettabdeckungsklasse .....	6
2.5	Zuchtwertschätzung Gesundheitsdaten .....	6
2.6	Überprüfung Effekte ZWS FBK .....	6
3	Laufende Projekte .....	7
3.1	Genomische Selektion: Weiterentwicklungen / Optimierungen .....	7
3.2	Intergenomics .....	7
3.3	Genetisches Monitoring, missing Homozygotie .....	7
3.4	Infrarotspektren CombiFoss .....	7
3.5	Core Organic - 2-ORG-COWS.....	8
3.6	MethaGENE plus .....	9
3.7	Efficient Dairy Genome Project (EDGP) .....	10
3.8	Zuchtwertschätzung Aufzuchtverluste.....	10
3.9	Genomische Selektion: Deregression MACE-ZW für Effektschätzung .....	10
3.10	Ejakulatqualität .....	11
3.11	QS Routine-ZWS.....	11
3.12	Sequenzierung Holstein .....	12
3.13	Absetzgewicht mit Hilfsmerkmal Schlachtgewicht.....	12
3.14	Single Step genomische ZWS .....	12
3.15	ZWS Ketose.....	12
3.16	VKS Geburtsablauf .....	13
3.17	HappyMoo .....	13
3.18	SESAM.....	14
3.19	Imputing SNP .....	14
3.20	Effizienz – Residual Feed Intake .....	14

## 1 Allgemeines

### 1.1 Mitarbeit in Fachgremien

Mitarbeitende der Qualitas AG waren im Jahr 2018 in folgenden Fachgremien vertreten:

- Kommission Agrarproduktion und Umwelt der SVIAL (U. Schnyder)
- Leitungsgremium Profi-Lait (U. Schnyder)
- Swiss Animal Breeding Technology Platform (J. Moll und U. Schnyder)
- Vorstand und Geschäftsführung Schweizerische Vereinigung für Tierwissenschaften (B. Bapst)
- Organisationskomitee EAAP – 72th Annual Meeting, Davos 2021 (B. Bapst)
- Organisationskomitee für 10th MSP Meeting of the Global Agenda for Sustainable Livestock in 2020 in Switzerland (B. Bapst)
- Forschungsausschuss ASR (J. Moll und U. Schnyder)
- EFFAB Patent Watch (U. Schnyder)
- INTERBEEF Technical Group (S. Kunz)
- Reviewer Tätigkeiten für wissenschaftliche Zeitschriften (M. Spengeler und B. Bapst) wie Journal of Dairy Science, Genetics Selection Evolution, Heredity und Scientific reports.

### 1.2 Teilnahme an Fachtagungen und Weiterbildungskursen

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

- Strickhof Milch-Tag "Die Milchkuh 2030", 26.1.2018, Lindau ZH, Schweiz
- Interbull-Meeting/ICAR Conference, 7.-11.2.2018, Auckland, Neuseeland
- World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP), 11.-16.2.2018, Auckland, Neuseeland
- Frühjahrstagung der Schweizerischen Vereinigung für Tierproduktion, 25.4.2018, HAFL Zollikofen, Schweiz
- Fachtagung "Zukunft der Tierernährung zwischen Effizienz und Konsumentenansprüchen", 8.5.2018, ETH Zürich, Schweiz
- Jahrestagung EFFAB/FABRE-TP, 22./23.5.2018, Wien, Österreich
- Swiss Animal Breeding Technology Platform (SABRE-TP) Workshop, 6.6.2018, Zug, Schweiz
- 1st European Symposium on Livestock Farming in Mountain Areas, 20.-22.6.2018, Bozen, Italien
- Interbull Technical Workshop, 25./26.9.2018, Dubrovnik, Kroatien
- 69. Jahrestagung der Europäischen Vereinigung für Tierproduktion (EAAP), 27.-31.8.2018, Dubrovnik, Kroatien
- Rindviehgesundheit und Biosicherheit, AGRIDEA-Kurs, 31.8.2018, Liebefeld, Schweiz
- Nutztiertagung Agroscope, 11.9.2018, Posieux, Schweiz
- Genome Informatics, 17.-20.9.2018, Hinxton, Grossbritannien
- 4th Livestock Genomics Conference, 21.-22.9.2018, Hinxton, Grossbritannien
- Interbeef Workshop, 11.-12.10.18, Padua, Italien
- 29th AI Vets Conference, 18.-20.10.2018, Luzern, Schweiz
- Nordgen Farm Animals Workshop on Genomic Selection, 29./30.11.2018, Espoo, Finnland
- Julia Workshop, 3.-7.12.2018, Technische Universität München, Freising, Deutschland

### 1.3 Publikationen und Vorträge

Im Jahr 2018 waren Mitarbeitende der Qualitas AG an folgenden Publikationen beteiligt:

- Bapst B, Schnyder U. Weiden für den Weltmarkt. CHbraunvieh 4/2018, 20-21. swissherdbook bulletin 3/2018, 16-17. die Mutterkuh 2/2018, 40-41
- Bapst B, Bohlouli M, König S, Brügemann K. Do dual-purpose cattle react differently than dairy cattle along a continuous environment scale? EAAP – 69th Annual Meeting, Dubrovnik 2018.
- Bapst B, Grandl F, Spengler A, Bieber A. Abschlussworkshop 2-Org-Cows Projekt: Zweinutzungskühe - neue Chance oder alter Zopf? 14. März 2018, AgroVet Strickhof, Lindau.
- Berweger M. Leichtere Geburten dank optimaler Genetik. CHbraunvieh 7/2018, 6-8.
- Berweger M. Die Perle der Adria im Zeichen der Tierwissenschaft. Rückblick EVT 2018 in Kroatien. CHbraunvieh 8/2018, 36-37. swissherdbook bulletin 6/2018, 36-37.
- Bouwman A, [...], Gredler B, [...] Frischknecht M, [...], Hayes BJ. Meta-analysis of genome-wide association studies for cattle stature identifies common genes that regulate body size in mammals. 2018 Nature Genetics. 50, p362-367
- 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
- Khayatzaeh N, Mészáros G, Utsunomiya Y, Schmitz-Hsu F, Seefried F, Schnyder U, Ferenčaković M, Garcia J, Curik I, Sölkner J. Effects of breed proportion and components of heterosis for semen traits in a composite cattle breed. 2018. Journal of Animal Breeding and Genetics, vol: 135 (1)
- Hofstetter S, Seefried F, Häfliger I.M., Jahannathan V., Leeb T., Drögemüller C A non- coding regulatory variant in the 5' – region of the MITF gene is associated with white-spotted coat in Brown Swiss cattle. Journal of Animal Genetics Vol. 50 Issue 1
- Kunz S, Strasser S. Geheimnisse der Doppellender-Vererbung. die Mutterkuh 1|18, 45-49.
- Kunz S, Strasser S. Herdebuchthemen: Züchterische Verbesserung der Fettabdeckung und Auswirkung auf Leistungsblätter und Abstammungsausweise. die Mutterkuh 3|18, 50-51.
- Kunz S, Strasser S. Rückblick Interbeef. die Mutterkuh 4|18, 36.
- Kunz S. EVT-Tagung August 2018 in Dubrovnik, Kroatien. die Mutterkuh 4|18, 49-51.
- Kunz S, Strasser S, Schnyder U, Schuler U, Berweger M, Seefried F, Von Rohr P. A new model for the genetic evaluation of carcass traits in Switzerland. EAAP – 69th Annual Meeting, Dubrovnik 2018.
- Moll J. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. HF und BLS LBBZ Schluechthof, 01.02.2018, Cham
- Moll J. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. Gastvorlesung ETHZ, 23.05.2018, Zürich
- Moll J. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht, Gastvorlesung Vetsuisse Universität Bern, 11.12.2018, Bern
- Schnyder U. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. Gastvorlesung HAFL, 8. Juni 2018, Zollikofen
- Schnyder U. Neues von der Qualitas AG. AGRIDEA/SVIAL-Kurs „Aktuelles aus Rindvieh- und Schweinehaltung“, 27. September 2018, Zollikofen
- Schuler U. Zucht auf Mastitisresistenz. CHbraunvieh 5/2018, 12-13.
- Schuler U. Weniger Antibiotika dank Zucht. CHbraunvieh 10/2018, 20-21. swissherdbook bulletin 8/2018, 18-19.
- Wegmann S. "EDGP- update on Swiss activities". Efficient Dairy Genome Symposium and Project Meeting, 10.-12.12. 2018, Guelph, CAN

## 2 Abgeschlossene Projekte

### 2.1 ZWS LBE: Einfluss Grösse

Frau Nadine Zuber hat im Rahmen ihres Praktikums in der zweiten Jahreshälfte 2017 dieses Projekt bearbeitet. In der ersten Jahreshälfte 2018 wurde der Projektbericht fertiggestellt und Braunvieh Schweiz zugesandt.

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 ein Einfluss der Grösse gefunden wurde, sind Aufhängung hinten Breite, Bemuskelung, Beckenneigung, Eutertiefe, Fesseln, Gliedmassen, Klauensatz, Lage Umdreher, Voreuterlänge und Obere Linie. Der grösste Effekt wurde beim Merkmale Klauensatz gefunden. Die Resultate zeigten, dass es bei Merkmalen, bei denen man aufgrund der eher tiefen genetischen Korrelation zur Grösse kein Zusammenhang mit der Grösse erwarten (z.B. Bemuskelung, Aufhängung hinten Breite, Voreuterlänge, Beckenneigung) würde, dieser Zusammenhang doch vorhanden sein kann.

Auf eine routinemässige Korrektur des Einflusses der Grösse auf die LBE-Zuchtwerte wurde schlussendlich verzichtet. Ausschlag dafür gab der Aspekt, dass durch eine Korrektur die Länderkorrelationen in der internationalen ZWS (MACE) bei Interbull sinken könnten. Dies würde zu tieferen Sicherheiten von Interbullzuchtwerten bei den betroffenen Merkmalen führen und als Konsequenz daraus zu tieferem Zuchtfortschritt.

### 2.2 ZWS LBE: Einstufungsnoten

Bei der Zuchtwertschätzung LBE werden die ZW für die Einstufungsnoten (je nach Rasse: Format/Rahmen, Becken, Fundament, Euter, Zitzen) direkt geschätzt. Zum Teil entstehen dabei scheinbar Diskrepanzen zwischen den ZW der Einzelmerkmale und der entsprechenden Blocknote. Um diesem Phänomen zu begegnen wurde untersucht, wie gut sich die ZW der Einstufungsnoten von Braunviehtieren als Index aus den ZW der Einzelmerkmale abbilden lassen. Dabei hat sich gezeigt, dass die Übereinstimmung zwischen den direkt geschätzten und den mittels multipler Regression aus den Einzelmerkmalen ermittelten Zuchtwerten für die Einstufungsnoten vor allem für Fundament und Becken ungenügend ist. Hauptgrund dafür sind die nicht-linearen Beziehungen, welche in den Handheldcomputern der Einstufer zur Berechnung der Notenvorschläge verwendet werden. Zudem fliessen auch sogenannte Fehlermerkmale in die Notenvorschläge mit ein, was mit einem Index aus den ZW der Einzelmerkmale nicht abgebildet wird. Dieser Ansatz wird deshalb nicht weiter verfolgt.

### 2.3 Neuschätzung der Faktoren für die Aufrechnung der AT4-Wägungen

Bei der Einführung der alternierenden Milchkontrolle AT4 wurden die Aufrechnungsfaktoren verbandsspezifisch geschätzt, es existierten Faktoren für Tiere bei Braunvieh Schweiz, swissherdbook und Holstein, später kamen Faktoren für Eringer dazu. Im Projekt ging es nun darum, diese Faktoren neu zu schätzen, erwünscht war eine Abgrenzung nicht mehr nach Verband, sondern nach Milchleistungs- oder allenfalls Rassengruppe. Faktoren für entsprechende Varianten wurden getestet. Gleichzeitig wurde die Aufteilung der Zwischenmelkzeit verfeinert. 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.).

Die Zuchtverbände haben sich für die Variante Auftrennung nach Milchmenge entschieden. Für die praktische Umsetzung wurden knapp besetzte Faktorkombinationen gruppiert, zum Testen wurde ein Jahrgang Wägungen aufgerechnet und mit den bisherigen Resultaten verglichen. Die Faktoren wurden im Januar 2019 eingeführt.

#### **2.4 ZWS Fettabdeckungsklasse**

Die weitgehend im Vorjahr entwickelte neue ZWS für die Schlachtmerkmale (Schlachtgewicht, Fleischigkeit und Fettabdeckungsklasse) wurde im ersten Halbjahr 2018 fertiggestellt und in die Routine eingeführt. Die neuen Zuchtwerte wurden erstmals am 9. Juli 2018 publiziert. Für die Zweinutzungsrasen wurde zudem eine genomische Zuchtwertschätzung für die neuen Schlachtmerkmale entwickelt. Neben Original Braunvieh erhalten neu auch typisierte Tiere der Rasse Swiss Fleckvieh genomische Zuchtwerte für die Schlachtmerkmale, während die Genauigkeit bei Simmental leider noch ungenügend ist.

#### **2.5 Zuchtwertschätzung Gesundheitsdaten**

Im Jahr 2018 wurde die Entwicklung der Routinezuchtwertschätzung für das Merkmal Mastitisresistenz abgeschlossen. Zu diesem Zweck wurde neben den eigentlichen Varianzkomponenten- und Zuchtwertschätzungen, eine Validierung der Gesundheitsdatenerfassung auf den Zuchtbetrieben und die Herleitung von Beobachtungen (Kuh war gesund oder krank) ausgehend von Diagnosedaten und Standortdaten entwickelt. Es wurden verschiedene Merkmalsdefinitionen und Hilfsmerkmale geprüft. Die schlussendlich verwendete Merkmalsdefinition ist „die Kuh ist im Zeitraum zwischen 10 Tagen vor und 150 Tagen nach der Abkalbung mindestens ein Mal an einer Mastitis (akut, chronisch-klinisch oder subklinisch) erkrankt oder nicht“. Als Hilfsmerkmale werden der Mittelwert und die Standardabweichung der SCS der Milchproben bis zum 150. Laktationstag sowie Mastitiserkrankung bis zum 150. Laktationstag, identifiziert anhand mindestens einer Milchprobe mit Zellzahl über 350'000 Zellen/ml in den Zuchtwertschätzungen mitberücksichtigt. Die geschätzten Erblichkeiten sind tief (Braunvieh 0.024 und gemeinsame ZWS HOS-SHB 0.032) und in ähnlichen Bereichen wie Werte aus der Literatur.

#### **2.6 Überprüfung Effekte ZWS FBK**

Die Zuchtwertschätzung für die weibliche Fruchtbarkeit basiert auf den registrierten Besamungen und Belegungen von Kühen und Rindern. Seit der Einführung der aktuellen Modelle wurde in der Datenbank von Qualitas die Möglichkeit geschaffen sogenannte unbeobachtete Belegungen zu registrieren. Dabei handelt es sich um Perioden, markiert durch ein Anfangs- und Enddatum, während derer ein weibliches Tier potentiell von einem frei in der Herde mitlaufenden Stier belegt worden sein könnte. Die Registrierung solcher unbeobachteter Belegungen ist vor allem in Mutterkuhbetrieben verbreitet und dient dazu bei der Verarbeitung der TVD-Geburtsmeldung den angegebenen Vater des Kalbes zu überprüfen. Bisher sind solche unbeobachteten Bewegungen mit dem Anfangsdatum der Periode als Belegungsdatum in die Datenaufbereitung für die ZWS FBK eingeflossen. Obwohl die Zuchtwerte von KB-Stieren dadurch kaum beeinflusst wurden, werden die Daten von Tieren mit unbeobachteten Belegungen künftig aus der ZWS ausgeschlossen. In den letzten Jahren hat auch der Einsatz von gesextem Sperma stark zugenommen. Nun hat sich gezeigt, dass der reduzierten Befruchtungsfähigkeit gesexter Samendosen über den zufälligen Effekt

Besamungstier\*Ejakulatsdatum nur ungenügend Rechnung getragen wird. Deshalb wurde der bestehende fixe Effekt für den Besamungscode, welcher die Unterschiede im Management zwischen normalen Besamungen und Besamungen mit Prüfstieren abbildet, um eine zusätzliche Effektstufe für Besamungen mit gesextem Sperma erweitert. Hingegen wurde auf eine Effektstufe für Samenbehandlungen verzichtet, welche die Befruchtungsfähigkeit des Spermas verlängern sollen (Spermvital). Da solche Samendosen vorwiegend auf Tiere mit unklaren Brunstzeichen eingesetzt werden, ist es nicht möglich, die beiden Einflüsse voneinander zu trennen. Entgegen der Erwartung wäre für Spermvital-Dosen ein reduzierter Besamungserfolg geschätzt worden, was zu einer ungerechtfertigten Bevorzugung der besamten Tiere und entsprechend verzerrten Zuchtwerten geführt hätte.

### 3 Laufende Projekte

#### 3.1 Genomische Selektion: Weiterentwicklungen / Optimierungen

Die genomische Selektion bei den Fleischrindern wurde gestartet. Mutterkuh Schweiz hat entschieden mit der Rasse Limousin und mit den Schlachtmerkmalen anzufangen. Für diese Rasse sowie für diesen Merkmalsblock sehen die Resultate vielversprechend aus.

Die Auswirkungen der neuen Referenzsequenz auf das Imputing und auf die genomische Selektion wurden analysiert. Darüber hinaus wurde eine Ausdehnung auf ein grösseres SNP-Set statt des bisherigen 50K Systems untersucht.

#### 3.2 Intergenomics

Die Umsetzung von Intergenomics 2.0 ist seit 2017 pendent. Im Sommer 2018 erfolgte zwar eine Datenlieferung (gZW) an Interbull (ITB) von denjenigen Partnern, die eine eigenständige genomische ZWS haben. Diese Daten wurden von ITB rudimentär ausgewertet, doch eine Weiterführung fand nicht statt. Insgesamt kann die Situation als unbefriedigend bezeichnet werden.

#### 3.3 Genetisches Monitoring, missing Homozygosity

Die Analysen der missing homozygosity wurden wiederholt. Grund dafür ist die Publikation der neuen Referenzsequenz. Darüber hinaus wurden Stiere zur Re-sequenzierung ausgewählt mit denen die auffälligen Regionen untersucht werden können.

Die Pipeline Optimum Genetic Contribution (OGC) wurde ins Zuchtprogramm von Braunvieh Schweiz integriert.

#### 3.4 Infrarotspektren CombiFoss

Um die Standardisierung der Infrarotspektren in die Routine überführen zu können, wurden neue, schnellere Programme erstellt und gleichzeitig die Zuordnung der Standardisierungsfaktoren verfeinert. Die im Projekt "Analyse Acetondaten Suisselab" erhobenen Stoffwechselfparameter wurden an die belgischen Projektpartner geliefert, um Schätzgleichungen für Betahydroxybutyrat, Aceton und freie Fettsäuren zu entwickeln bzw. auf Schweizer Daten anzupassen. Diese Schätzgleichungen wurden anschliessend zusammen mit den Gleichungen für Methan in einem Programm implementiert, das eine Routineschätzung all dieser Parameter aus den Infrarotspektren der Milchleistungsprüfung ermöglicht.

Ausstehend ist die Plausibilisierung der Spektren sowie die Validierung der Schätzgleichungen, wozu weitere Phänotypen benötigt werden. Es wird angestrebt, für die Stoffwechselfparameter Synergien zu nutzen und Messungen aus Versuchen von Agroscope zu erhalten. Bei Methan wurden erste Validierungen mit Daten aus dem Projekt MethaGENE plus vorgenommen. Verbesserte Gleichungen der belgischen Partner sollen möglichst bald getestet werden, da die bisher verwendete Schätzung für züchterische Zwecke zu wenig genau ist. Für die Verwendung der Spektren im Bereich Milchleistungsprüfung/Herdenmanagement (Bsp. Projekt Happy Moo) müssen die Abläufe auf eine tägliche Verarbeitung und Plausibilisierung umgestellt werden, was Anpassungen bei Suisselab und bei Qualitas erfordert. Die Entwicklung von Schätzgleichungen für weitere Merkmale (Beispiel Fettsäuren) wird beobachtet. Dazu müssen eigene Phänotypen erhoben werden, die dann in einen Datenpool von Projektpartnern einfließen können.

### 3.5 Core Organic - 2-ORG-COWS

Das Projekt wurde im Herbst mit der Verfassung des Abschlussberichtes auf offizieller Ebene beendet. Der Projektmanager (Prof. Sven König) musste in ein Abschlusshearing, um Fragen bezüglich Abweichungen vom Projektplan, zu beantworten. Dieses wurde erfolgreich bestanden und der Abschlussbericht wurde genehmigt.

Über alle 8 Partner gesehen, wurden folgende Aufgaben abgearbeitet:

- Jeder Partner hat auf mindestens einem grösseren Betrieb mit Zweinutzungs-Kühen die Sensor-Technologie (SensOor® technology) installiert und man war befähigt, partner- und länderübergreifend identische, neue Merkmale, vor allem aus dem funktionellen Bereich, zu erfassen. Darauf aufbauend konnten genetische Auswertungen (GWAS) erstellt werden.
- Ergänzend wurden manuell weitere funktionelle Merkmale erhoben, dazu wurde ein sogenannter «Trait-Atlas» erstellt, der nun auch für andere Projekte – vor allem länder- und populationsübergreifend – verwendet werden kann.
- Einzelne Projektpartner erfassten aktiv (z.B. Temperatur und Feuchtigkeitslogger) und/oder passiv (Bezug von Meteodaten über Dritte) Umweltindikatoren, die weiter für genetische Analysen (GenotypxUmwelt Interaktionen (GxU)) verwendet wurden.
- Verschiedene Partner führten umfangreiche GxU Studien durch. Dabei wurden Umweltbeschreibungen auf unterschiedlichste Arten (kategorisch, kontinuierlich) in den genetischen Analysen berücksichtigt.
- Für neue funktionelle Merkmale wurden Varianzkomponentenschätzungen durchgeführt und darauf aufbauend Zuchtwertschätzverfahren entwickelt.
- Zusätzlich wurden von einzelnen Ländern mittels Zuchtplanungsmethoden Zuchtprogramme für Zweinutzungskühe entwickelt, die hauptsächlich für biologische sowie graslandbasierte Produktionssysteme angewendet werden könnten. Ergänzend wurden wirtschaftliche Gewichte für Einzelmerkmale geschätzt und neue Methoden getestet, um Zuchtziele zu formulieren.
- Jeder Projektpartner hat Zweinutzungs-Schlüsseltiere genotypisiert, so dass umfangreiche Diversitätsstudien durchgeführt werden konnten.

Alle Partner haben Resultate einerseits auf wissenschaftlicher Ebene und andererseits aber auch im Praxisbereich publiziert.



Nicht jeder Partner hat alle oben aufgeführten Teilprojekte durchgeführt. Aus Schweizer Sicht können folgende Resultate herausgestrichen werden:

- Auch wenn die verwendeten Sensoren in unseren Haltungssystemen nur bedingt gut funktioniert haben, konnten wertvolle Erfahrungen gesammelt werden, die nun in weitere Projekte einfließen können (z.B. Projekt SESAM).
- Es konnten funktionierende Pipelines über MeteoSchweiz aufgebaut werden, um kontinuierliche Umweltdaten zu sammeln und anschliessend in genetischen Analysen verwenden zu können.
- Mit dem sogenannten Trait-Atlas liegt ein Handbuch vor, wie neue Merkmale, die über ICAR noch nicht geregelt sind, definiert und erfasst werden können. Diese Merkmale stammen hauptsächlich aus dem Gesundheits- und Haltungsbereich.
- Ausführliche GxU Studien zeigten, dass zumindest für Schweizer Verhältnisse, bei einer kategorialen Einteilung der Umwelten, keine relevanten GxU bei unseren Milch- und Zweinutzungsrasen vorliegen. Werden nun die Umweltbeschreibungen als kontinuierliche Variablen in genetischen Analysen berücksichtigt, zeigt es sich, dass sich einerseits die Milchrassen von den Zweinutzungsrasen unterscheiden und dass aber auch innerhalb Rasse, auf Einzeltierebene, unterschiedlichste Reaktionsmuster vorliegen. Diese Informationen könnten dazu dienen, um resiliente Tiere zu identifizieren und zu selektieren. Weiterführende Studien sind notwendig, zugleich liegen nun auch Schnittstellen vor, um mit anderen Projekten zu kooperieren.
- Die Diversitätsstudien belegten, dass europaweit die Zweinutzungsrasen als eigenständige Populationen geführt werden und dass die Überlappungen mit den Milchrassen klein sind. Dies bestätigt auch die Strategien, dass Zweinutzungsrasen heute, bei tiefem Milchpreis, nicht nur wirtschaftlich sind, sondern auch als Genpool erhalten werden müssen.

In der Schweiz sind nun noch folgende Abschlussarbeiten in Bearbeitung: Bereitstellung der wichtigsten Projektberichte für interessierte Kreise, Aufarbeitung der Sensor-Resultate für die involvierten Schweizer Züchter (ein OB- und ein SI-Betrieb) und Fertigstellung einer wissenschaftlichen Publikation in Zusammenarbeit mit der Universität Giessen.

### 3.6 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. Die zweite Versuchsphase mit 30 Braunviehkühen, die aus der ganzen Population selektiert und für die Erhebung an den Strickhof gebracht wurden, wurde im Frühjahr 2018 abgeschlossen. Es folgten Laboranalysen, Auswertungen und das Schreiben von wissenschaftlichen Publikationen durch den Doktoranden. Die Methanmessungen fließen ins Efficient Dairy Genome Project ein. Provisorische Resultate wurden am EDGP-Symposium in Guelph präsentiert und diskutiert.

Die aus den Infrarotspektren geschätzten Methanwerte stimmten nur wenig mit den Messungen aus den beiden Versuchen überein, auch die Vorselektion der Kühe nach hohem und tiefen Methanausstoss konnte so nicht bestätigt werden. Neuere Schätzgleichungen der belgischen Projektpartner sollen sobald als möglich getestet werden. Auch wird versucht, mit den belgischen

und allenfalls weiteren Partnern eine Verbesserung der Schätzgleichung für Methan zu erreichen. Der Abschluss des Projekts ist auf Mitte 2019 geplant.

### 3.7 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. Zusätzliche Länder kamen hinzu. Der Datenpool kann als Trainingsdatensatz für die genomische Zuchtwertschätzung für oben genannte Merkmale 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, dazu kommt ein jährliches Treffen in Kanada, in dem die Projektpartner ihre Arbeiten vorstellen.

Die Daten aus dem zweiten MethagenePlus Versuch wurden in den Datenpool geliefert, ebenso Methadaten aus älteren Versuchen der ETH und Agroscope und Futteraufnahmedaten von Agroscope. Gegen Ende Jahr haben die meisten Projektpartner ihre Daten in den Pool eingebracht, eine kurze Sichtung dieser Daten wurde schon vorgenommen. Da insbesondere der Hauptpartner Kanada mit der Datenerfassung im Rückstand ist, wird eine Verlängerung des Projekts beantragt. Für Qualitas hat dies, ausser ein bis zwei zusätzliche Meetings und allenfalls der Verschiebung der Auswertungen des Datenpools, wenig Folgen, da das Projekt MethaGENE plus schon abgeschlossen und die Daten geliefert sind.

### 3.8 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. 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 dieses Projektes wurden anhand von Geburts-, Bewegungs- und Abgangsdaten Merkmale zur Charakterisierung der Tierverluste während der Aufzucht definiert und für diese Merkmale genetische Parameter geschätzt. Die Erblichkeiten sind erwartungsgemäss tief (0.5 bis ca. 4 %), liegen aber im Bereich von Literaturwerten. Die vorliegende Konstellation von binärer Merkmalsdefinition (0/1) sowie tiefen Frequenzen und Erblichkeiten erschwerte die Parameterschätzung entscheidend und führte zu Verzögerungen beim Projektverlauf. Die Softwarepipeline für den Routinebetrieb ist aufgebaut und die Arbeiten für Braunvieh sind weitgehend abgeschlossen.

### 3.9 Genomische Selektion: Deregression MACE-ZW für Effektschätzung

Hintergrund dieses Projekts bildet die Beobachtung, dass es innerhalb eines Exterieurmerkmalsblocks teilweise grosse Diskrepanzen zwischen den Zuchtwerten für die beschriebenen oder gemessenen Merkmale und dem Zuchtwert (ZW) für die Einstufung gibt. Bei genomisch optimierten Zuchtwerten (GOZW) zeigen sich diese Diskrepanzen besonders deutlich. Um dieser Problematik Herr zu werden, wurde entschieden, dass in einem ersten Schritt versucht

werden soll, mittels Anpassungen an der genomischen ZWS das Problem zu lösen. Konkret soll die von Pete Sullivan am Interbull Meeting 2015 vorgestellte Varianzkorrektur de-regressierter MACE-Zuchtwerte geprüft werden. Mit dieser Varianzkorrektur konnte in Kanada erreicht werden, dass sich die Varianz genomischer Zuchtwerte weniger von der Varianz konventioneller Zuchtwerte unterscheidet.

Eine Software zur Schätzung von additiv genetischen Varianzen aus Zuchtwerten sowie dazugehörigen Abstammungszuchtwerten und Bestimmtheitsmassen wurde durch agn Genetics GmbH entwickelt. Die Software erlaubt neben der Schätzung von Varianzen auch die Korrektur der Varianz von MACE-ZW auf die Varianz der nationalen ZW. Diese Software wurde in die genomische ZWS integriert und verschiedene Test wurden durchgeführt. Es wurde festgestellt, dass die Varianzunterschiede zwischen MACE-ZW und nationalen ZW umso grösser sind, je stärker sich die B% der nationalen Abstammungszuchtwerte von den B% der MACE-Abstammungszuchtwerte unterscheiden. Eine Verringerung dieser Differenzen konnte mittels unabhängiger Deregression von MACE-ZW und nationalen ZW sowie durch die Berücksichtigung aller nationalen Kuhzuchtwerten bei der Berechnung von nationalen Abstammungszuchtwerten erreicht werden. Diese beiden Schritte wurden daraufhin in die routinemässige genomische ZWS integriert. Die eigentliche Varianzkorrektur von MACE-ZW wird routinemässig aber nicht durchgeführt. Die Prüfung dieses Schritts ist noch pendent.

### 3.10 Ejakulatqualität

In Zusammenarbeit mit Swisssgenetics 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 ist 2018 gestartet. Bisher wurden die Sprungdaten von Swisssgenetics gesichtet und erste phänotypische Auswertungen gemacht. Weiter wurden Stiere identifiziert, die nie Sperma von ausreichender Qualität für den KB-Einsatz geliefert haben. Von einigen Stieren war noch genetisches Material vorhanden und diese wurden sequenziert. Weiter wurde versucht den Phänotypen genauer zu definieren um genomweiten Assoziationsstudien durchzuführen.

### 3.11 QS Routine-ZWS

Bei der Entwicklung eines Konzepts für die Qualitätssicherung in der Zuchtwertschätzung wurde die **Reproduzierbarkeit** der einzelnen Datenanalysen als eine zentrale Anforderung identifiziert. Verschiedene Massnahmen zur Verbesserung der Reproduzierbarkeit wurden umgesetzt. Für den Quellcode und die Parameterinputdateien der verschiedenen Analysen haben wir eine Versionierung eingeführt. Dies erlaubt ein genaues Monitoring der Änderungen dieser Codes und Dateien. Ein weiterer wichtiger Bestandteil für die Verbesserung der Reproduzierbarkeit ist die Automatisierung aller für die Analysen notwendigen Schritte. Automatisierung im Zusammenhang mit den Datenanalysen in der Zuchtwertschätzung heisst, dass interaktive und manuell ausgeführte Modifikationen von Daten durch Programme und Skripts ersetzt werden. Abgesehen von der Reduktion der benötigten Zeit für die Analysen, bringt die Automatisierung auch eine wesentliche Verbesserung der Reproduzierbarkeit. Denn nur wenn alle Schritte für eine Analyse in einem Programm festgehalten sind, kann diese zu einem späteren Zeitpunkt auch verlässlich reproduziert werden.

### 3.12 Sequenzierung Holstein

Im Rahmen des Datenaustauschs für Holsteingenotypen im Nordamerikanischen Konsortium sollten zusätzliche Stiere genotypisiert und sequenziert werden. Die Auswahl der Stiere erfolgte aus einer Kombination verschiedener Methoden zur Auswahl von informativen Tieren. Für rund 250 Stiere wurden Genotypen mit dem HD und dem GGPF250 Chip generiert. Weitere 64 Stiere wurden sequenziert.

### 3.13 Absetzgewicht mit Hilfsmerkmal Schlachtgewicht

Für die Routine-Zuchtwertschätzung (ZWS) von Mutterkuh Schweiz wird bisher ein Mehrmerkmals-Tiermodell mit direkten (Kalb) und maternalen (Kuh) genetischen Effekten für effektives Absetzgewicht und direktem genetischen Effekt für das Hilfsmerkmal Geburtsgewicht verwendet. Letzteres wird jedoch nicht publiziert. Die Daten für das Absetzgewicht stammen aus Wägungen im Rahmen der Fleischleistungskontrolle (FLEK), welche durch Verbandsexperten auf den Herdebuchbetrieben von Mutterkuh Schweiz vorgenommen werden. Diese Wägungen finden im Alter zwischen 90 und 320 Tagen statt. Für die Zuchtwertschätzung wird im Fall von 2 erfassten Wägungen in dieser Periode nur die letzte berücksichtigt.

Von den bei Mutterkuh Schweiz registrierten Betrieben sind nur 20% Herdebuchbetriebe. Die restlichen 80% sind Produktionsbetriebe, welche NaturaVeal, NaturaBeef und SwissPrimBeef produzieren. In diesen Produktionsbetrieben werden jedoch keine Absetzgewichte erhoben. Da NaturaBeef-Kälber direkt von der Kuh abgesetzt und geschlachtet werden, entstand die Idee, deren Schlachtgewicht als zusätzliches Hilfsmerkmal in der ZWS zu verwenden. In diesem Projekt soll untersucht werden, ob damit die Datengrundlage für die Zuchtwertschätzung Absetzgewicht erweitert und die Genauigkeit der Zuchtwerte verbessert werden könnte. Dabei sollen auch die aus dem Jahr 2012 stammenden genetischen Parameter neu geschätzt werden.

### 3.14 Single Step genomische ZWS

In der genomischen Zuchtwertschätzung mit dem Single Step Verfahren muss darauf geachtet werden, dass die mit anderen Ländern ausgetauschte Information nicht doppelt berücksichtigt wird. Mit unserem Projektpartner Christian Stricker (agn) haben wir drei verschiedene Ansätze zur Lösung dieses Problem identifiziert. Als erster Ansatz können die über den Austausch erhaltenen Informationen als separate Merkmale aufgefasst werden und diese in einem Mehrmerkmalsmodell ausgewertet werden. Der zweite Ansatz basiert auf einer Publikation von Jérémie Vandenplas, der die Mischmodellgleichungen so verändert, dass keine Informationen doppelt berücksichtigt werden. Der dritte Ansatz wird von Rohan Fernando und Dorian Garrick entwickelt und verwendet eine Bayes'sche Update-Technik. Dabei werden vorhandene Schätzungen von Zuchtwerten mit einem Updateschritt um die neu gewonnene Information ergänzt, wobei hier die internationale Information nur einmal berücksichtigt wird.

### 3.15 ZWS Ketose

Das Zuchtziel einer gesunden, problemlosen Kuh beinhaltet auch eine tiefe Anfälligkeit auf Stoffwechselstörungen. Viele, vor allem hochleistende Kühe können Anfangs Laktation nicht genügend Energie aufnehmen, um den Bedarf für Milchleistung und Erhaltung zu decken. Durch den starken Abbau von Körperfett geraten sie in eine Ketose. Schon subklinische Ketosen haben negative Folgen für Gesundheit und Fruchtbarkeit, werden aber oft nicht bemerkt. Aus der Erfassung der Gesundheitsdaten stehen wohl Daten über klinische Ketoseerkrankungen zur Verfügung, aber

mit tiefer Inzidenz, weil vermutlich nur die behandelten Fälle erfasst werden. Aus den Milchproben können wichtige Informationen über den Stoffwechselstatus gewonnen werden, einerseits direkt über den Acetongehalt mittels Autoanalyser-Messung, andererseits über die MIR-Spektren und entsprechende Schätzgleichungen. Anders als bei Fett- und Eiweissgehalt können die Ketonkörper nicht direkt gemessen, sondern nur indirekt über die Zusammensetzung der Milch geschätzt werden. Die Firma Foss bietet Schätzgleichungen für Betahydroxybutyrat und Aceton an. Projektpartner aus Belgien haben uns Schätzgleichungen unter Einbezug der Daten aus dem Projekt "Analyse Acetondaten Suisselab" zur Verfügung gestellt. Es können Werte für Betahydroxybutyrat, Aceton und freie Fettsäuren geschätzt werden. Somit stehen insgesamt sechs Werte für Ketonkörper in der Milch zur Verfügung, die untereinander aber nur mittel korrelieren (0.5 – 0.65).

Um einen Zuchtwert für die Ketoseanfälligkeit zu schätzen, sollen alle diese Werte, die Ketosediagnosen aus den Gesundheitsdaten, sowie weitere Hilfsmerkmale wie das Fett-Eiweissverhältnis und der Body Condition Score in verschiedenen Varianten kombiniert werden. Es sollen Varianzkomponenten geschätzt und eine Routinezuchtwertschätzung entwickelt werden.

### 3.16 VKS Geburtsablauf

Im Rahmen eines Praktikumsprojekts wurde in Herbst 2018 intensiv an der ZWS Geburtsablauf Milchvieh gearbeitet. Auslöser war die Beobachtung, dass einige Stiere der Rassen Red Holstein und Swiss Fleckvieh in den letzten Jahren extrem tiefe Zuchtwerte für das Merkmal Lebendgeburtentöchter (maternal) erhalten haben. Ursache dafür sind sehr hohe Anteile an Totgeburten bei den Abkalbungen der Töchter dieser Stiere. Generell konnte in den letzten Jahren bei den betroffenen Rassen eine Zunahme der Totgeburtenrate festgestellt werden, welche sich bei der Varianzkomponentenschätzung (VKS) auch in einer Zunahme der genetischen Varianz manifestierte. Neben dem bisher in der Routine-ZWS verwendeten Vatermodell wurden auch mit dem theoretisch besseren Tiermodell Varianzkomponenten geschätzt. Die auf den ersten Blick widersprüchlichen Schätzwerte für die Korrelationen zwischen direkten und maternalen genetischen Effekten sind dabei auf die unterschiedliche Berücksichtigung der Verwandtschaft in den beiden Modellen zurückzuführen. Dabei zeigte sich auch, dass die Schätzung der genetischen Korrelation zwischen direktem und maternalem Effekt mit dem Tiermodell schwierig ist. Dies betrifft insbesondere das Merkmal Lebendgeburtentöchter, da die Beobachtungen der Kühe bei ihrer eigenen Geburt naturgemäss keine Varianz zeigen (nur lebend geborene Kälber kalben später auch ab). Alternativ könnten die Varianzkomponenten aus dem Vatermodell für die Verwendung in einem Tiermodell transformiert werden. Vor der Einführung eines Tiermodells in die Routine-ZWS Geburtsablauf müssen die damit verbundenen ZW-Änderungen und die Auswirkungen auf die Schätzung der SNP-Effekte für die genomische ZWS jedoch noch genauer untersucht werden.

### 3.17 HappyMoo

HappyMoo ist ein Interreg NWE (North-West Europe) Projekt (<http://www.nweurope.eu>) bei dem Qualitas AG Projektpartner ist. Das Projektziel ist die Erarbeitung eines innovativen Werkzeugs für Milchproduzenten – HappyMoo-Tool genannt – zur Überwachung der Gesundheit und des Wohlbefindens ihrer Milchkühe basierend auf der Analyse von Milchproben mit Infrarotspektroskopie und nachfolgender Datenanalyse und -visualisierung. Das HappyMoo-Tool soll eine präzisere Identifikation von Problemkühen, wie auch von Problemen in der Herde ermöglichen. Primär sollen Mangelernährung, Stress und Krankheiten frühzeitig entdeckt werden. Dies soll dabei

helfen, durch tieferen Antibiotikaeinsatz und tiefere Tierverluste eine nachhaltigere Milchproduktion zu erreichen.

Der Antrag für HappyMoo wurde in der ersten Jahreshälfte erarbeitet und im Sommer eingereicht. Nach der Bewilligung des Projekts im Herbst wurden erste organisatorische Arbeiten in Angriff genommen.

### 3.18 SESAM

SESAM steht für «Sensor Assisted Alpine Milk Production». In diesem Projekt wird ein offenes Sensorsystem entwickelt, welches Aktivitätsmuster von Kühen aufzeichnet und aus den aufgezeichneten Aktivitätsdaten eine Ableitung von gewissen Verhaltensweisen von Kühen erlaubt. Die abgeleiteten Verhaltensweisen zusammen mit schon erhobenen Leistungsdaten ermöglicht die Entwicklung eines Monitoringsystems im Bereich Gesundheit und Tierwohl. Der Einsatz des Monitoringsystems soll die wirtschaftliche Grundlage von Milchproduktionsbetrieben im Alpenraum verbessern.

In mehreren Workshops mit den Projektpartnern wurden die Infrastrukturanforderungen für die zweite Pilotphase definiert. Bei dieser zweiten Pilotphase werden auch fünf Betriebe aus dem Kanton Graubünden teilnehmen. Die Infrastruktur umfasst die Sensoren zur Datenerfassung und die benötigte Hardware, welche die Daten aggregieren und an das zentrale SESAM-Rechensystem übertragen. Abgesehen von der Infrastruktur haben wir auch eine Liste der auf den Schweizer Betrieben verfügbaren Merkmale zusammengestellt. In der Arbeitsgruppe zur Standardisierung wurden gemeinsame Grundlagen zur Klassierung von einfachen Verhaltensweisen basierend auf den Bewegungsmustern der Kühe geschaffen.

### 3.19 Imputing SNP

Die neue Referenzsequenz für das Rindergenom („ARS-UCD1.2“) ist seit 2018 verfügbar. Im Gegensatz zum vorherigen Referenzgenom („UMD3.1“) stellt das neue Referenzgenom eine deutliche Verbesserung dar. Ziel dieses Projekts ist die Umstellung der Routine-Imputation auf die neue Referenzsequenz. In diesem Zusammenhang wird auch die Dichte und die Auswahl der SNP angepasst. Einerseits sollen Tiere neu auf 150K statt wie bisher auf 50K imputiert werden und andererseits sollen mögliche kausale Varianten miteinbezogen werden. Wir haben die Auswirkungen auf die Imputationsgenauigkeit und die Validierungssicherheiten der genomischen Zuchtwerte angeschaut. Insgesamt führt das neue System zu leicht höheren Imputationsgenauigkeiten und auch die Validierungssicherheiten steigen für viele Merkmale.

### 3.20 Effizienz – Residual Feed Intake

Die Futtermittelverwertungseffizienz der Milchkuh wird durch die beiden Faktoren Stoffwechseleffizienz und Verhältnis von Erhaltungsaufwand zu Leistung bestimmt. Für den zweiten Faktor wurde über die Schätzung des Körpergewichts aus den linearen Merkmalen schon ein Zuchtwert entwickelt. Für die Stoffwechseleffizienz aber werden Futtermittelverzehrsdaten benötigt, die nur in Versuchen erhoben werden können.

Im Herbst 2018 wurde deshalb mit Agroscope Posieux ein Vertrag über den Bezug von Futtermittelverzehrs- und Leistungsdaten abgeschlossen. Ein Bezug von Daten aus dem Versuchsstall des Agrovét Strickhof wird ebenfalls angestrebt, konnte aber aus technischen und personellen Gründen

seitens Agrovet Strickhof noch nicht umgesetzt werden. Weitere Daten können aus dem Pool des Efficient Dairy Genome Project bezogen werden.

Aus diesen Rohdaten können geeignete Effizienzparameter entwickelt werden. Ein mögliches Mass für die Stoffwechseleffizienz ist der RFI/ REI (residual feed/energy intake), die Differenz zwischen erwarteter Futter- bzw. Energieaufnahme (für Leistung, Erhaltung, Trächtigkeit, unter Einbezug von Körperauf- und abbau) und gemessener Futter- bzw. Energieaufnahme. Wichtig ist, dass nicht Kühe bevorzugt werden, die effizient scheinen, weil sie viel Körperfett abbauen und damit anfällig auf Fruchtbarkeits- und Stoffwechselstörungen sind.

Da alles auf Versuchsdaten aufgebaut werden muss, ist keine klassische Zuchtwertschätzung möglich, es soll direkt eine genomische Schätzung aufgebaut werden. Der kritische Punkt in diesem Projekt ist die Datenmenge. Nur zusammen mit internationalen Projektpartnern können genügend Tiere mit genügend Laktationstagen in verschiedenen Stadien zusammenkommen, um das Merkmal korrekt über die ganze Laktation zu erfassen und eine ausreichende Sicherheit der Zuchtwerte zu erreichen. Auch längerfristig müssen Versuchsdaten erhoben werden, um immer über einen aktuellen Trainingsdatensatz zu verfügen.