

Qualitas⁺

Jahresbericht F+E 2020

Forschung und Entwicklung des Fachbereichs
Zuchtwertschätzung der Qualitas AG im Jahr 2020

Inhaltsverzeichnis

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	5
2.1	Efficient Dairy Genome Project (EDGP)	5
2.2	Überarbeitung ZWS Schlachtmerkmale	5
2.3	Genomische Selektion Schlachtmerkmale	5
2.4	Varianzkomponentenschätzung Schlachtmerkmale Kühe	6
2.5	Chip Design	6
2.6	ZWS Ketoseresistenz	6
2.7	ZWS Temperament BVCH	7
2.8	Update ZWS Nutzungsdauer BVCH	7
3	Laufende Projekte	8
3.1	Genomische Selektion: Weiterentwicklungen / Optimierungen	8
3.2	Genetisches Monitoring, missing Homozygosity	8
3.3	Resilient Dairy Genome Project (RDGP)	8
3.4	Ejakulatqualität	8
3.5	QS Routine-ZWS	8
3.6	Single Step genomische ZWS	9
3.7	ZWS Geburtsablauf Milchvieh	9
3.8	ZWS Geburtsablauf Fleischrassen	10
3.9	HappyMoo	10
3.10	SESAM	10
3.11	Effizienz – Residual Feed Intake	11
3.12	Resilienz	11
3.13	GWAS 1k Bull Run 7	12
3.14	GENMON	12
3.15	Projekt Nutzungsdauer FiBL	12

1 Allgemeines

1.1 Mitarbeit in Fachgremien

Mitarbeitende der Qualitas AG waren im Jahr 2020 in folgenden Fachgremien vertreten:

- EFFAB Patent Watch (U. Schnyder)
- Forschungskommission ASR (J. Moll und U. Schnyder)
- Geschäftsführung und Vorstand Schweizerische Vereinigung für Tierwissenschaften (B. Bapst)
- INTERBEEF Technical Group (S. Kunz)
- INTERBEEF Variance Component Estimation Working Group (S. Kunz)
- INTERBULL Steering Committee (U. Schnyder)
- Kommission Agrarwissenschaft und Produktion der SVIAL (U. Schnyder)
- Leitungsgremium Profi-Lait (U. Schnyder, bis 17.1.2020)
- Organisationskomitee EAAP – 72nd Annual Meeting, Davos 2021 (B. Bapst)
- Organisationskomitee für 10th MSP Meeting of the Global Agenda for Sustainable Livestock in 2020 in Switzerland (B. Bapst)
- Swiss Animal Breeding Technology Platform (J. Moll und U. Schnyder)
- Reviewer Tätigkeiten für wissenschaftliche Zeitschriften (M. Spengeler, F. Seefried, B. Bapst und A. Butty) wie Journal of Dairy Science, Genetics Selection Evolution, Heredity, Canadian Journal of Animal Science, Scientific reports, Animals, Journal of Animal Breeding and Genetics und Revista Brasileira de Zootecnia.

1.2 Teilnahme an Fachtagungen und Weiterbildungskursen

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

- Genotype by environment interaction, uniformity and resilience: Advanced training course at Univ. of Wageningen and WUR Animal Breeding and Genomics. February 3-7, 2020.
- Vibrational Spectroscopy and Chemometrics Training Session, 9.-13-3.2020, CRA-W, Gembloux, Belgien
- EFFAB/FABRE-TP AGM, 28.5.2020, online
- INTERBEEF Working and Technical Groups Meeting, 8.07.2020, online
- Swiss Animal Breeding Technology Platform (SABRE-TP) Workshop, 19.8.2020, online
- Interbull Q+A Business Meeting, 27.8./8.10.2020, online
- Workshop Forschungsbedürfnisse Agroscope zum Thema Tiere, 28.8.2020, Bioschwand, Münsingen
- Nutztiertagung von Agridea, 24.09.2020, Agroscope, Posieux
- Center for Integrated Breeding Research (CiBreed) Workshop, 29.9.2020, online
- INTERBEEF Working and Technical Groups Meeting, 3.11.2020, online
- 6th International Conference of Quantitative Genetics, 2.-12.11.2020, online
- 71. Jahrestagung der Europäischen Vereinigung für Tierproduktion (EAAP), 1.-4.12.2020, online

1.3 Publikationen und Vorträge

Im Jahr 2020 waren Mitarbeitende der Qualitas AG an folgenden Publikationen beteiligt:

- Berweger M., Von Rohr P., Schuler U. ZWS Basiswissen: Von den Daten zum Zuchtwert. CHbraunvieh 3/2020, 22-24. Swissherdbook bulletin 2/2020, 20-22.
- Berweger M. Einführung der ZWS Aufzuchtverluste. CHbraunvieh 4/2020, 25.

- Berweger M. Aufzuchtverluste dank Zucht reduzieren. CHbraunvieh 5/2020, 10-11. Swissherdbook bulletin 4/2020, 18-20.
- Caldeira MO, Dan D, Neuheuser A-L, Stürmlin R, Weber C, Glauser DL, Stierli M, Schuler U, Moll J, Wegmann S, Bruckmaier RM, Gross JJ (2020) Opportunities and limitations of milk mid-infrared spectra-based estimation of acetone and β -hydroxybutyrate for the prediction of metabolic stress and ketosis in dairy cows. Journal of Dairy Research 87(2):196–203. <https://doi.org/10.1017/S0022029920000230>
- Hiltbold M, Niu G, Kadri NK, Crysnanto D, Fang Z-H, Spengeler M, Schmitz-Hsu F, Fuerst C, Schwarzenbacher H, Seefried FR, Seehusen F, Witschi U, Schnieke A, Fries R, Bollwein H, Flisikowski K, Pausch H (2020) Activation of cryptic splicing in bovine WDR19 is associated with reduced semen quality and male fertility. PLoS Genet 16(5): e1008804. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1008804>
- Häfliger I.M., Seefried F.R., Drögemüller C., Trisomy 29 in a stillborn Swiss Original Braunvieh calf, Animal Genetics Vol. 51, <https://doi.org/10.1111/age.12929>
- Häfliger I.M., Hirter N., Paris J.M., Wolf Hofstetter S., Seefried F.R., Drögemüller C., A de novo germline mutation of KIT in a white-spotted Brown Swiss cow, Animal Genetics Vol 51, <https://doi.org/10.1111/age.12920>
- Hauser M, Wolf-Hofstetter S., F. Acklin-Menzi F., Studer E, Rediger D., Seefried F.R., Drögemüller C., Graue, kraus- und kurzhaarige Schweizer Holstein Rinder weisen genetische Spuren der Rasse Simmental auf, Schweizer Archiv für Tierheilkunde, <https://doi.org/10.17236/sat00272>
- Kunz S., Strasser S. Interbeef – erstmals in der Schweiz. Die Mutterkuh, 1/2020, 37-38.
- Kunz S., Strasser S. Genomische Selektion – mit grossen Schritten im Anmarsch. Die Mutterkuh, 1/2020, 39.
- Kunz S., Strasser S. Erste genomische Resultate für die Rasse Limousin sind da. Die Mutterkuh, 2/2020, 38-39.
- Kunz S., Seefried F. Neue Zuchtwertschätzung für Schlachtmerkmale und Update zum aktuellen Chip. Vortrag Plattform Rassenclubs von Mutterkuh Schweiz, online
- Letko A., Minor K.M., Jagannathan V., Seefried F.R., Mickelson J.R., Oliehoek P., Drögemüller C., Genomic diversity and population structure of the Leonberger dog breed, Genetic Selection Evolution 52, <https://gsejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12711-020-00581-3>
- Schlebusch S. Was bringt die Nutzungsdauer? CHbraunvieh 1/2020, 10-11.
- Schnyder U. Fall Lennox: Biver „reloaded“. CHbraunvieh 9/2020, 23.
- Schnyder U. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. Gastvorlesung HAFL, 19.5.2020, online
- Schnyder U. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht, Gastvorlesung Vetsuisse Universität Bern, 9.12.2020, online
- Schuler U., von Rohr P., Berweger M. Zuchtwerte zur Verbesserung der Fitness. Swissherdbook bulletin 1/2020, 8-10.
- Schuler U., von Rohr P., Berweger M. ZWS Basiswissen: Der Zuchtwert, geeignet für Zucht auf Fitness? CHbraunvieh 1/2020, 12-13.
- Seefried F.R. SNP-Typisierung: eine neue Ära in der Ziegenzucht, Forum 9/2020
- Seefried F.R., Häfliger I.M., Spengeler M, Drögemüller C., Design and First Results of an Axiom Genotyping Array for Swiss Cattle, Applied Biosystems Genetic Analysis Virtual Conference 2020, <https://www.labroots.com/ms/virtual-event/applied-biosystems-genetic-analysis-virtual-conference/agenda>
- Widmer, S., von Rohr P., Drögemüller C., Seefried F.R., Genetic analysis of multiple birth events in cattle, EAAP 2020 virtual meeting

2 Abgeschlossene Projekte

2.1 Efficient Dairy Genome Project (EDGP)

Da Futteraufnahme und Methanemission nur schwierig und kostenintensiv zu erfassen sind, gründeten internationale Partner aus Kanada, Australien, den USA, Großbritannien und der Schweiz einen gemeinsamen Datenpool. Weitere Länder kamen später hinzu. Der Datenpool kann als Trainingsdatensatz für die genomische Zuchtwertschätzung und zur Entwicklung von Gleichungen zur Schätzung von Futteraufnahme und Methanemission aus den Milchspektren verwendet werden. Der Datenpool soll im Folgeprojekt erweitert werden (siehe Kapitel 3.3). Das Projekt wurde im Herbst 2020 offiziell abgeschlossen.

Aus dem Datenpool konnten in verschiedenen Ländern praktische Umsetzungen erarbeitet werden: in Australien wurde die ZWS für Residual Feed Intake erweitert, Dänemark und die USA haben eine ZWS für Futtereffizienz Ende 2020 eingeführt und Kanada im Frühling 2021. Die Daten aus dem Projekt bilden die Grundlage der ZWS (Schätzung genetischer Parameter und Entwicklung ZWS) in diesen Ländern. Die USA und Kanada haben aber einen zusätzlichen Datensatz von Industrie-Partnern in ihre Auswertungen einfließen lassen. In der Schweiz sind erste Überlegungen gemacht worden, wie eine ZWS für Futtereffizienz aussehen soll, und erste Programme zur Datenaufbereitung wurden geschrieben. Weitere Entwicklungen werden unter dem Folgeprojekt gemacht.

2.2 Überarbeitung ZWS Schlachtmerkmale

Nachdem der Aufbau einer genomischen ZWS für die Schlachtmerkmale bei der Rasse Limousin im Jahr 2019 an ungenügenden Validierungssicherheiten gescheitert war (vgl. Jahresbericht F+E 2019, Kapitel 3.8), wurde entschieden die konventionelle Zuchtwertschätzung für die Schlachtmerkmale von Grund auf zu revidieren. Die Plausibilisierung der Daten und Codierung der Effekte wurden revidiert, zusätzliche Effekte (Rassenkombination Vater*Mutterrasse, Jahr*Saison) integriert, sowie nach Wachstumsphase und Produktionssystem eigene Auswertungen aufgebaut. Neu werden schlachtreife Absetzer (Natura-Beef) und konventionelle Banktiere separat ausgewertet. Durch die homogenere Merkmalsdefinition und genauere Modellierung wurden im Vergleich zur bisherigen Auswertung reduzierte genetische Varianzen und Heritabilitäten geschätzt. Die Änderungen der konventionellen Zuchtwertschätzung für Schlachtmerkmale werden im April 2021 implementiert, um eine optimierte Ausgangslage für die genomische Selektion zu erhalten.

2.3 Genomische Selektion Schlachtmerkmale

Nach der vollständigen Überarbeitung der konventionellen Zuchtwertschätzung für Schlachtmerkmale wurde untersucht, ob sich dadurch die Voraussetzungen zur Einführung der genomischen Selektion bei den Rassen Limousin und Simmental verbessert haben. Im Vergleich zur unbefriedigenden Auswertung im Herbst 2019 wurden in dieser neuen Analyse höhere Validierungssicherheiten gefunden. Basierend auf diesen Daten wurde entschieden bei Limousin im April 2021 genomische Zuchtwerte für die Schlachtkategorien Banktiere und Natura-Beef einzuführen. Des Weiteren wurden von swissherdbook rund 3'000 Simmental Tiere mit Schlachtdaten typisiert, um die Trainingspopulation für die genomische Selektion zu vergrössern. Um diese Daten nutzen zu können, musste das

Verfahren zur Auswahl der Tiere für die Validierungspopulation angepasst werden, damit diese nicht nur aus typisierten Schlachttieren ohne Nachkommen besteht. Dabei stellte sich heraus, dass für Simmentaltiere mit Code 70 die Validierungssicherheit im Merkmal Fleischigkeit Banktiere ungenügend ist. Aufgrund der Resultate aus der Validierung und insbesondere der geringen Anzahl Trainingstiere mit Code 70 wurde entschieden, genomische Zuchtwerte für Banktiere nur für Simmentaltiere mit Code 60 zu publizieren. Dazu wurde die Trainingspopulation auf Tiere der Rassen Simmental und Swiss Fleckvieh eingeschränkt. Die Validierungssicherheiten für die Rassen BS/OB und SF, für welche bereits bis anhin genomische Zuchtwerte für Banktiere und Bankkälber publiziert wurden, wurden ebenfalls überprüft und diese werden mit den neuen Varianzkomponenten und Zuchtwerten bestehen bleiben.

2.4 Varianzkomponentenschätzung Schlachtmerkmale Kühe

Mit dem Projekt Varianzkomponentenschätzung Schlachtmerkmale Kühe sollte abgeklärt werden, ob eine Integration der Schlachtkategorie Kühe in die Zuchtwertschätzung Schlachtmerkmale Vorteile für die Entwicklung einer genomischen Selektion für diesen Merkmalskomplex bringen könnte. Da als Folge der Überarbeitung der Zuchtwertschätzung Schlachtmerkmale die Auswertungen ab April 2021 innerhalb der Schlachtkategorien durchgeführt werden, erübrigt sich die weitere Bearbeitung dieses Projektes.

2.5 Chip Design

Im Sommer 2020 wurde das LD Design bei Thermo Fisher eingereicht. Dieses umfasst insgesamt 64'176 Marker, wovon 42'616 Marker mit bisherigen Illumina Chips überlappen. Für die Chip Validierung wurden 386 Tiere wiederholt genotypisiert. Nach mehreren Datenanalysen wurden Wiederholbarkeitswerte von 99.91% erreicht. Im Vergleich zum SWISScow Chip wurde die Palette an bekannten Tests aus der Literatur ausgedehnt, so dass der SWISSLD Chip 131 relevante Zusatztests untersucht. Die Konkordanz mit den Illumina Chips lag bei 99.99%. Der SWISSLD Chip wurde danach international beim CDCB validiert und eingeführt. Seit KW 41 werden alle Routine Proben mit LD-Auftrag mit dem SWISSLD Chip genotypisiert.

2.6 ZWS Ketoseresistenz

In den Jahren 2018 bis 2020 wurde eine ZWS für Ketoseresistenz entwickelt. Diese ZWS basiert auf Schätzungen und Messungen von Ketoseindikatoren in Milchproben aus der Milchleistungsprüfung. Es wurden die Ketoseindikatoren Aceton und β -Hydroxybutyrat (BHB) in Milch (basierend auf Algorithmen und Parametern der Firma FOSS), Fett:Eiweiss-Verhältnis, Aceton in Milch (gemessen mit einem Autoanalyser-Gerät) sowie Aceton in Milch, BHB in Blut und nicht veresterte Fettsäuren (NEFA) in Blut (basierend auf Algorithmen und Parametern von European Milk Recording) evaluiert. Ketosediagnosen aus der Gesundheitsdatenerfassung wurden aufgrund der geringen Anzahl erfasster Diagnosen bei der Entwicklung der ZWS Ketoseresistenz nicht berücksichtigt.

Ausgehend von den Ketoseindikatoren wurden Ketosemerkmale und genetische Modelle entwickelt. Zur Identifikation der geeignetsten Merkmale und zur Validierung der ZWS wurden die neuen Zuchtwerte mit Zuchtwerten ähnlicher Merkmale aus den USA und

Kanada verglichen und es wurden Vergleiche von Ketosefrequenzen von Kühen mit ihren eigenen Zuchtwerten und mit den Zuchtwerten ihrer Väter gemacht. Es hat sich gezeigt, dass unsere Zuchtwerte für NEFA in Blut deutlich besser als die Zuchtwerte unserer weiteren Merkmale mit den Zuchtwerten für „Resistance to Ketosis“ aus den USA übereinstimmen. Die Übereinstimmung war am höchsten bei der Verwendung eines Mehr-Merkmale-Modells mit den Merkmalen Fett:Eiweiss-Verhältnis, Aceton in Milch (gemessen mit dem AutoAnalyzer-Gerät) und NEFA in Blut. Bezogen auf das zweite Validierungskriterium waren die Ergebnisse inkonsistent. Je nachdem ob die Ketosefrequenzen mit den Zuchtwerten der Kühe selbst oder mit den Zuchtwerten ihrer Väter verglichen wurden, je nachdem welche Rasse betrachtet wurde, je nachdem welche Prozentsätze der Tiere mit den tiefsten bzw. höchsten Zuchtwerten betrachtet wurden, sahen die Ergebnisse unterschiedlich aus. Das Merkmal NEFA in Blut zeigte aber oft gute Ergebnisse. Auf Basis dieser Erkenntnisse wurde entschieden, die ZWS Ketoseresistenz mit einem Mehr-Merkmale-Modell mit Ketosemerkmalen basierend auf den Ketoseindikatoren Fett:Eiweiss-Verhältnis, Aceton in Milch (gemessen mit dem AutoAnalyzer-Gerät) und NEFA in Blut durchzuführen. Die Zuchtwerte für Ketoseresistenz werden ab April 2021 den Zuchtorganisationen zur Verfügung gestellt.

2.7 ZWS Temperament BVCH

Seit August 2018 werden im Rahmen der LBE 1. Laktation von BVCH durch Züchterbefragung Daten zum Melkverhalten (Temperament beim Melken) erhoben. Mitte 2020 lagen von über 60'000 Tieren Informationen zu diesem Merkmal vor. Im Laufe des Herbsts 2020 wurden anhand dieser Daten Varianzkomponenten für das Temperament geschätzt und eine entsprechende Zuchtwertschätzung (ZWS) entwickelt. Das verwendete Modell entspricht weitgehend den Vorgaben aus der ZWS LBE. Die Erblichkeit liegt mit 0.13 im erwarteten Rahmen. Die Zuchtwertschätzung Temperament für Braunvieh wird auf April 2021 eingeführt. Publiziert werden nur die konventionell geschätzten Zuchtwerte von Stieren mit CH-Label (mind. 10 Töchter auf mind. 10 Betrieben). Aufgrund der aktuell noch dünnen Datenbasis ist eine zuverlässige genomische ZWS zurzeit nicht möglich.

2.8 Update ZWS Nutzungsdauer BVCH

Die aktuelle ZWS Nutzungsdauer für Braunvieh Schweiz wurde im Frühjahr 2008 eingeführt und erfolgte seither mit der Software Survival Kit Version 5.0. Seit einiger Zeit ist mit dem Survival Kit 6.12 eine neuere Version dieser Software verfügbar, welche bei Qualitas bereits für die gemeinsame ZWS Nutzungsdauer von Holstein Switzerland und swissherdbook eingesetzt wird. Ziel des vorliegenden Projektes war der Wechsel auf die neuere Version des Survival Kit und eine Neuschätzung der genetischen Parameter. Während die neuen Varianzkomponenten nur geringe Auswirkungen auf die geschätzten Zuchtwerte hatten, bewirkte die neue Software-Version eine leichte Zunahme beim geschätzten genetischen Trend. Durch die Anpassungen verbesserte sich auch die Validierungssicherheit der genomischen Zuchtwertschätzung, wenn auch auf nach wie vor bescheidenem Niveau. Die überarbeitete ZWS Nutzungsdauer wird im April 2021 in die Routine eingeführt.

3 Laufende Projekte

3.1 Genomische Selektion: Weiterentwicklungen / Optimierungen

Nach der Einführung der eigenen Custom Chips sind im laufenden Jahr Anpassungen beim Marker Set der genomischen Selektion geplant. Basierend auf GWAS Ergebnissen sollen identifizierte Regionen mit einem Hauptgeneffekt im zukünftigen Routine Genomiksystem berücksichtigt werden, sofern ein zusätzlicher Genauigkeitsgewinn beobachtet wird.

3.2 Genetisches Monitoring, missing Homozygotie

Der Fokus lag hier auf der Auswertung der generierten SWISScow Daten im Kontext der missing homozygotie. Es ist davon auszugehen, dass neu entdeckte kausale Marker mit Effekt auf Fruchtbarkeits-, Geburts- oder Wachstumsmerkmale im Laufe des Jahres kommuniziert werden. Daneben steht im Bereich «genetisches Monitoring» die Berücksichtigung der mendelian Sampling Varianz im OGC-Konzept im Vordergrund. Elterntiere mit besonders viel Streuung in den Gameten sollen im Zuchtprogramm bevorzugt werden.

3.3 Resilient Dairy Genome Project (RDGP)

Das RDGP ist das Nachfolgeprojekt von EDGP. EDGP hatte als Ziel, Forschung in den Bereichen Futtereffizienz und Methanemission voran zu treiben. Im RDGP wird eine umfassende Resilienz erforscht, neben Futter- und Methaneffizienz, wird an Fruchtbarkeits- und Gesundheitsmerkmalen gearbeitet und ein Resilienzindex entwickelt. In diesem Projekt ist Qualitas am Aufbau eines Datenpools für Methanemissionen und für Futtereffizienz weiterhin involviert. Zu den bisherigen EDGP-Partnern sind Spanien, Deutschland und Frankreich neu dazugekommen. Es finden regelmässige Video-Meetings statt, um Updates zwischen den Partnern auszutauschen. Bisher wurde vor allem der Datenpool aktualisiert. Die Daten aus dem Pool werden Qualitas für die Entwicklung und Betreuung einer ZWS Effizienz zur Verfügung stehen.

3.4 Ejakulatqualität

Das Projekt zur Auswertung der Ejakulatsqualitätsdaten von Braunvieh wird in Zusammenarbeit mit der Forschungsgruppe Tiergenomik an der ETH Zürich durchgeführt. Bereits 2019 konnte mit einem rezessiven Modell ein QTL entdeckt werden, der signifikant mit der Motilität der Spermien und der männlichen Fruchtbarkeit assoziiert ist. Eine mögliche kausale Variante wurde im Gen WDR19 identifiziert, welche das Splicing des Transkripts beeinflusst. Diese Resultate wurden im Journal PLoS Genetics publiziert. An der ETH wurde anschliessend nach weiteren QTL für die männliche Fruchtbarkeit gesucht und auf verschiedenen Chromosomen gefunden. Diese Ergebnisse sind in bioRxiv als Preprint publiziert und das Paper ist bei einem peer-reviewed Journal eingereicht.

3.5 QS Routine-ZWS

Ein wichtiges Werkzeug zur Beurteilung der Qualität von Resultaten aus der Zuchtwertschätzung sind Scatterplots. Dabei werden die geschätzten Zuchtwerte der aktuellen Auswertung jenen aus der vorangegangenen Routine gegenübergestellt. Die einzelnen Plots wurden zu einem Report zusammengefasst, wobei immer ein Plot der aktuellen Aus-

wertung zusammen mit dem entsprechenden Plot aus der vorangegangenen Auswertung gezeigt werden. Diese Darstellung erlaubt neben der Einschätzung der Qualität der Resultate aus der aktuellen Auswertung auch eine Beurteilung der Entwicklung der geschätzten Zuchtwerte. Damit Zusatzinformationen (Pedigree, Besetzung fixer Effektklassen und Bestimmtheitsmass) für Ausreisserpunkte in den Plots einfach verfügbar gemacht werden können, haben wir die Scatterplots in interaktive Webapplikationen verwandelt. Diese Zusatzinformationen helfen bei der Diagnose von allfälligen Problemen in einer Auswertung.

3.6 Single Step genomische ZWS

Die Anzahl Genotypen von weiblichen Tieren hat stark zugenommen. Die aktuelle Methode der genomischen Zuchtwertschätzung erlaubt es nicht die Information dieser Genotypen optimal zu nutzen. Dieses Problem kann durch die Einführung eines sogenannten Single-Step-Verfahrens gelöst werden. Dieses Verfahren erlaubt es alle Genotypen, Phänotypen und das Pedigree gleichzeitig für die Schätzung von genomischen Zuchtwerten zu verwenden. Single Step Methoden wurden 2010 vorgeschlagen und werden weltweit seit 2014 eingesetzt und weiterentwickelt. Dabei wurden viele praktische Probleme, wie die Modell-Konvergenz oder die benötigten Rechenressourcen bearbeitet. Qualitas arbeitet in einer ersten Phase an der Entwicklung einer grundlegenden Single Step Pipeline für ein Einmerkmalsmodell (Zentralband) mit einem Datensatz der Rasse Braunvieh. Alle Entwicklungen im Bereich Single Step basieren auf den Ansätzen von Luke (Finnisches Kompetenzzentrum für ZWS) mit dem Softwarepaket MiX99. Dieses Programm wird von Luke entwickelt und von Qualitas schon für fast alle traditionellen ZWS eingesetzt. Die weiteren Entwicklungsschritte im Bereich Single Step bestehen aus der Modellierung von genetischen Gruppen, der Berücksichtigung von internationalen MACE-Zuchtwerten und der Optimierung der Bestimmtheitsmassschätzungen. Erste vielversprechende Ergebnisse für das Merkmal Zentralband resultierten für einen gemischten Datensatz der Rassen Holstein, Swiss Fleckvieh und Simmental. Zur Intensivierung der Zusammenarbeit mit Luke wurde eine Forschungszusammenarbeit gestartet. Diese wurde auf eine Dauer von drei Jahren angelegt, mit der Option auf eine einjährige Verlängerung. Die Zusammenarbeit mit Luke wird eine schnellere Entwicklung der Single Step Methode in der Schweiz ermöglichen.

3.7 ZWS Geburtsablauf Milchvieh

Im Rahmen eines Praktikumsprojektes wurden im Herbst 2018 im Zusammenhang mit der Zuchtwertschätzung Geburtsablauf Milchvieh diverse Analysen durchgeführt und mit verschiedenen Modellen und Methoden neue Populationsparameter geschätzt. Neben dem bisher in der Routine-ZWS verwendeten Vatermodell wurde für die Schätzungen auch das theoretisch bessere Tiermodell angewendet.

Die Arbeiten an der ZWS Geburtsablauf Milchvieh wurden Ende 2019 wieder aufgenommen und weitergeführt:

- Aktualisierung der Programmpipeline für die Datenaufbereitung
- Entwicklung einer ZWS Geburtsablauf mit dem Tiermodell
- Effektschätzungen für Geburtsablauf mit unterschiedlichen Modellen und Parametereinstellungen
- Interbull Validierungen für konventionelle und genomische Zuchtwerte Geburtsablauf

Da im Spätsommer 2020 vor allem in Bezug auf die Schätzung der maternalen Zuchtwerte mit dem Tiermodell noch zu viele Fragen ungeklärt waren, wurde entschieden, auf April 2021 nur die neue Programmpipeline und Datenaufbereitung einzuführen. Es ist geplant, das Thema im Sommer 2021 nochmals aufzunehmen und wenn möglich mit dem Tiermodell am Interbull-Testlauf vom September 2021 teilzunehmen.

3.8 ZWS Geburtsablauf Fleischrassen

Das Interesse an Zuchtwerten für alle Tiere und für den maternalen Einfluss beim Geburtsablauf ist in den letzten Jahren gestiegen. Dazu kommt, dass die im aktuellen Modell vorhandene Trennung beef/dairy für Doppelnutzungsrassen wie Simmental und Original Braunvieh keinen Sinn macht. Die genetischen Parameter wurden zuletzt im Jahr 2010 überarbeitet. Aus diesem Grund soll das Modell der Zuchtwertschätzung für Geburtsablauf bei Fleischrassen sowie für deren Einsatz auf Milchvieh überarbeitet und die aus dem Jahr 2010 stammenden genetischen Parameter neu geschätzt werden.

Dabei soll folgendes geprüft werden:

- Umstellung von Vatermodell auf Tiermodell
- Integration von maternalen Effekten
- Optimierung der Merkmalsdefinition für Mutterkühe (Beef) und für den Einsatz auf Milchvieh (Dairy)

Zusätzlich soll die ganze Zuchtwertschätzung von blupf90 auf MiX99 umgestellt, sowie die Qualitätssicherung und Automatisierung ausgebaut werden.

Dieses Projekt wurde aufgrund der Priorität der Projekte 2.2 und 2.3 zurückgestellt und erst Ende Jahr wieder aufgenommen.

3.9 HappyMoo

Das Ziel von HappyMoo ist Landwirten, Tierärzten und Beratern ein digitales Werkzeug zur Verfügung zu stellen, mit dessen Hilfe die Freiheit der Kühe von Krankheit, Hunger und Stress überwacht werden kann. Es wurde hierfür eine internationale Datenbank mit Tierdaten aufgebaut. Mit den Daten werden MIR-basierte Vorhersagemodelle entwickelt, welche die Basis für das digitale Werkzeug bilden.

Qualitas hat die Daten von Braunvieh Schweiz, Holstein Switzerland und swissherdbook plausibilisiert, gepoolt, anonymisiert und übermittelt. Des Weiteren wurden Milchproben gesammelt um MIR-basierte Vorhersagemodelle für Laktatdehydrogenase, NAGas, Haptoglobin und Cathelicidin zu entwickeln.

In HappyMoo wird auch Wissensaustausch gepflegt. Regelmässig werden Webinare durchgeführt, bei denen die verschiedenen Partner selbst verwendete Technologien und Methoden vorstellen.

3.10 SESAM

Für dem grossen Pilotversuch konnten fünf Betriebe im Kanton Graubünden ausgewählt werden. Die Infrastruktur zur Erfassung der Bewegungsprofile und der Verhaltensmerkmale der Kühe auf den ausgewählten Betrieben wurde an Qualitas ausgeliefert. Aufgrund der Situation mit der Corona-Pandemie musste der Installationszeitpunkt der Infrastruktur auf den Betrieben auf Frühjahr / Sommer 2021 verschoben werden. Die Übertragung der

Leistungs-, Fruchtbarkeits- und Gesundheitsdaten der Kühe der im grossen Pilotversuch beteiligten Betriebe von der Datenbank der Zuchtorganisationen zum zentralen SESAM-Projekt-Server wurde vorbereitet.

3.11 Effizienz – Residual Feed Intake

Die Futterverwertungseffizienz 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 Futterverzehrdaten benötigt, die nur in Versuchen erhoben werden können. Im Herbst 2018 wurde deshalb mit Agroscope Posieux ein Vertrag über den Bezug von Futterverzehr- und Leistungsdaten abgeschlossen. Es wurden umfassende Daten aus der Winterfütterung von 2016 bis 2020 geliefert, diese wurden aufbereitet und in den Datenpool von EDGP/RDGP eingebracht. Der Vertrag ist Ende 2020 abgelaufen und Verhandlungen für eine Erneuerung sind im Gange. Ein Bezug von Daten aus dem Versuchsstall des Agrovet Strickhof wird ebenfalls angestrebt, konnte aber aus technischen und personellen Gründen seitens Agrovet Strickhof noch nicht umgesetzt werden. Ein umfassender Datensatz kann 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 mit der single-step Methode 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.

3.12 Resilienz

Um Resilienz-Merkmale entwickeln zu können müssen einerseits Daten von Umweltfaktoren, die einen Einfluss auf die Milchleistung haben, in einer viel höheren Dichte vorliegen (1) oder andererseits müssen die Leistungsdaten in einer hohen Frequenz vorliegen, um Veränderungen mit statistischen Modellen auswerten und tierindividuelle Effekte schätzen zu können (2).

Aufbauend auf dem 2019 abgeschlossenen Projekt «Core Organic - 2-ORG-COWS» (siehe Jahresbericht F+E 2019) und auf dem Modell der Routine ZWS für Produktionsmerkmale wurden sogenannte Reaction Norm Models entwickelt (1), welche die genetisch determinierten tierindividuellen Reaktionen von Milchkuhen auf wetterbedingte (Temperatur und

Luftfeuchtigkeit) Veränderungen schätzen. Diese Reaktion könnte ein allgemeines Hilfsmerkmal sein, um das Zielmerkmal Resilienz im Allgemeinen beschreiben zu können. Mit grösseren Modellanpassungen konnten plausible genetische Parameter geschätzt werden, die vergleichbar mit denjenigen aus der Routine ZWS sind. In einem nächsten Schritt werden nun ZW für das Reaktionsmuster geschätzt und diese werden dann mit ZW von Gesundheitsmerkmalen verglichen.

Anhand der Einzelgemelksdaten von AMS werden im zweiten Fall (2) die Veränderungen der Milchmengen im Laufe der Zeit auf Einzeltierebene ausgewertet und der Einfluss der Genetik wird bestimmt (Parameterschätzung und nachfolgende ZWS). Die daraus resultierenden ZW werden dann ebenfalls mit vorliegenden ZW von Gesundheitsdaten verglichen. Die Datenaufbereitung und -plausibilisierung der einzelnen AMS Daten ist in Bearbeitung, damit ebenfalls Varianzkomponenten und nachfolgend ZW geschätzt werden können, um genetische Unterschiede auf Einzeltierebene identifizieren zu können.

3.13 GWAS 1k Bull Run 7

Die Projektpartner des 1k Bull Projektes wollen mit den Sequenzdaten aus Run 7 wieder ein wissenschaftliches Paper veröffentlichen. Ziel ist es eine Meta-Analyse für Fruchtbarkeits- und Produktionsmerkmale durchzuführen. Alle Partner, die sich an diesem Paper beteiligen wollen, haben mit ihren eigenen Daten genomweite Assoziationsstudien für diese Merkmale in ihren Populationen gerechnet. Hierzu wurden zunächst mit Hilfe der 1k Bull Daten sämtliche Tiere auf Sequenzebene imputiert. Anschliessend wurden bei der Qualitas GWAS für 5 Produktionsmerkmale und 5 Fruchtbarkeitsmerkmale für die Populationen Holstein, Simmental und Swiss Fleckvieh berechnet, jeweils getrennt für männliche und weibliche Tiere. Für die Populationen Brown Swiss und Original Braunvieh wurden die GWAS an der ETH in der Animal Genomics Group durchgeführt. Die summary statistics der GWAS, wie die p-Werte, Effektgrössen und Allelfrequenzen wurden ans Agriculture Victoria Research in die Gruppe von Hans Daetwyler gesendet, um die Meta-Analysen durchzuführen.

3.14 GENMON

GENMON ist ein Projekt zur Bestimmung des Gefährdungsstatus von Schweizer Nutztier-rassen. Die Software für GENMON wurde in einem früheren Projekt der EPFL erarbeitet. Die damalige Version der EPFL ist nicht mehr funktionsfähig. Wir haben GENMON auf einem eigenen Server implementiert und für erste Rassen getestet. GENMON benötigt Informationen zu den spezifischen Populationen (insbesondere Pedigree-Daten und Standort), sowie sozio-ökonomische Faktoren zu den einzelnen Standorten. Mit verschiedenen Subindizes, welche helfen spezifische Probleme der Erhaltung einzelner Rassen zu erkennen wird ein globaler Index berechnet, welcher den Gefährdungsstatus einer Rasse beschreibt. Ziel des Projektes ist es jährlich den globalen Index neu zu berechnen, um so den Gefährdungsstatus von Schweizer Nutztier-rassen zu verfolgen.

3.15 Projekt Nutzungsdauer FiBL

In einem auf fünf Jahre angelegten Forschungs- und Dialogprojekt sollen in Zusammenarbeit von Forschungseinrichtungen, LandwirtInnen, Branchenorganisationen sowie weiteren Stakeholdern und ExpertInnen die Faktoren herausgearbeitet werden, die in der

Vergangenheit und aktuell zum Absinken der Nutzungsdauer von Milchkühen führen bzw. geführt haben. Gleichzeitig sollen aus diesem Verständnis heraus konkrete gangbare Strategien entwickelt werden, um die Nutzungsdauer der schweizerischen Milchkühe wieder deutlich nach oben zu korrigieren. Im Berichtsjahr hat Qualitas für das Projekt Herdebuch- und Leistungsdaten der Schweizer Milchviehzuchtverbände aufbereitet und geliefert. Zudem wurde das FiBL bei der Auswahl der Fokusbetriebe mit besonders hoher oder besonders niedriger Nutzungsdauer unterstützt.