

Qualitas⁺

Jahresbericht F+E 2021

Forschung und Entwicklung des Fachbereichs
Zuchtwertschätzung der Qualitas AG im Jahr 2021

Inhaltsverzeichnis

1	Allgemeines	3
1.1	Mitarbeit in Fachgremien	3
1.2	Teilnahme an Fachtagungen und Weiterbildungskursen	3
1.3	Publikationen und Vorträge	4
1.4	Kurs Zuchtwertschätzung	5
2	Abgeschlossene Projekte	6
2.1	ZWS Geburtsablauf Milchvieh	6
2.2	ZWS Geburtsmerkmale Fleischrassen	6
2.3	SESAM	7
2.4	GENMON	7
3	Laufende Projekte	7
3.1	Genomische Selektion: Weiterentwicklungen / Optimierungen	7
3.2	Genetisches Monitoring, missing Homozygotie	7
3.3	Resilient Dairy Genome Project (RDGP)	8
3.4	Ejakulatqualität	8
3.5	QS Routine-ZWS	8
3.6	Single Step genomische ZWS	8
3.7	HappyMoo	9
3.8	Effizienz – Residual Feed Intake	10
3.9	Resilienz	10
3.10	GWAS 1k Bull Run 7	11
3.11	Projekt Nutzungsdauer FiBL	11
3.12	Gesamtzuchtwert mit Produktionsmodell Fleischrassen	11
3.13	Mastitis-Vorhersage aus MIR-Daten	11
3.14	LBE-Composites	12
3.15	Einfluss von Temperatur und Luftfeuchtigkeit auf die Spermaqualität	12

1 Allgemeines

1.1 Mitarbeit in Fachgremien

Mitarbeitende der Qualitas AG waren im Jahr 2021 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)
- ICAR Task Force Sustainability (B. Bapst)
- INTERBEEF Carcass Working Group (S. Kunz)
- INTERBEEF Fertility Working Group (S. Kunz)
- INTERBEEF Genomic Task Force (F. Seefried)
- INTERBEEF Information Exchange Working Group (S. Kunz)
- INTERBEEF Technical Group (S. Kunz)
- INTERBEEF Variance Component Estimation Working Group (S. Kunz)
- INTERBULL Steering Committee (U. Schnyder)
- Intergenomics Technical Committee (F. Seefried)
- Kommission Agrarwissenschaft und Produktion der SVIAL (U. Schnyder)
- Organisationskomitee EAAP – 72nd Annual Meeting, Davos 2021 (B. Bapst und temporär J. Gearing)
- Organisationskomitee für 10th MSP Meeting of the Global Agenda for Sustainable Livestock in 2020/2021 in Switzerland (B. Bapst)
- Swiss Animal Breeding Technology Platform (U. Schnyder, F. Seefried)
- Reviewer Tätigkeiten für wissenschaftliche Zeitschriften (M. Spengeler, F. Seefried, B. Bapst und A. Butty) wie Journal of Dairy Science, Animals, Journal of Animal Breeding and Genetics und Revista Brasileira de Zootecnia, Genomics, Cancers, Genes, BMC Genomics

1.2 Teilnahme an Fachtagungen und Weiterbildungskursen

Der unbestrittene Tagungs-Höhepunkt im Jahr 2021 war die 72. Jahrestagung der Europäischen Vereinigung für Tierwissenschaften (EAAP), welche vom 29. August bis 3. September 2021 in Davos stattfand. Unser Mitarbeiter Beat Bapst war in seiner Funktion als Geschäftsführer der Schweizerischen Vereinigung für Tierwissenschaften (SVT) und Mitglied des Organisationskomitees massgeblich am grossen Erfolg dieser Konferenz beteiligt. Die vielen Teilnehmenden haben die Möglichkeit geschätzt, sich wieder einmal live vor Ort zu treffen. Mitarbeitende der Qualitas AG haben zudem die folgenden Fachtagungen und Kurse besucht:

- Introduction to R Shiny, 2.-3. März 2021, Physalia-Courses, online
- Advanced Programming in R, 8.-12. März 2021, Physalia-Courses, online
- EFFAB AGM, 27.5.2021, online
- SVT-Tagung, 1.6.2021, online
- Interbull Meeting and ICAR Conference, 26.-30.4.2021, Leeuwarden/online
- ISAG Conference, 26.-30.7.2021, online
- 72. Jahrestagung der Europäischen Vereinigung für Tierwissenschaften (EAAP), 30.8.-3.9.2021, Davos/online
- Swiss Animal Breeding Technology Platform (SABRE-TP) Workshop, 10.11.2021, ETH Zürich

1.3 Publikationen und Vorträge

Im Jahr 2021 waren Mitarbeitende der Qualitas AG an folgenden Publikationen beteiligt:

- Bapst B., Ist Zucht auf Nutzungsdauer möglich? Die Perspektive der Zuchtverbände. Workshops zum Thema Nutzungsdauer von Agridea, FiBL und HAFL am Strickhof und am Plantahof.
- Berweger Baschnagel M., Tierwissenschaft zu Gast in Davos. CHbraunvieh 9/2021, die Mutterkuh 4/2021, swissherdbook bulletin 7/2021
- Butty A.M., Schuler U., Spengeler M., von Rohr P., Single step evaluation for resistance to ketosis in a Brown Swiss cattle population. EAAP Meeting, Davos
- Butty A.M., Heckendorn F., Spengeler M., Seefried F.R., Bapst B., Single step genetic evaluation of resistance to parasites in the Swiss Alpine goat population. EAAP Meeting, Davos
- Gearing J., Kunz S., von Rohr P., Economic weights for beef production traits in three different fattening systems in Switzerland. EAAP Meeting, Davos
- Häfliger I.M., Seefried F.R., Spengeler M., Drögemüller C., Exploiting massive genotyping and sequencing data to improve fertility in Swiss dairy cattle. EAAP Meeting Davos
- Häfliger I.M., Seefried F.R., Spengeler M., Drögemüller C., Mining massive genomic data of two Swiss Braunvieh cattle populations reveals six novel candidate variants that impair reproductive success. 2021. Genetics Selection Evolution. 53(1)
- Häfliger I.M., Seefried F.R., Spengeler M., Drögemüller C., Reverse Genetic Screen for Deleterious Recessive Variants in the Local Simmental Cattle Population of Switzerland, Animals 11-2021
- Häfliger I.M., Marchionatti E., Stengard M., Wolf-Hofstetter S., Paris J.M., Jacinto, J.P.G., Watté C., Voelter K., Occeli L.M., Komaromy A.M., Oevermann A., Goepfert C., Borgo A., Roudit R., Spengeler M., Seefried F.R., Drögemüller C., CNGB3 missense variant causes recessive day-blindness (achromatopsia) in Original Braunvieh cattle. EAAP Meeting, Davos
- Häfliger I.M., Marchionatti E., Stengard M., Wolf-Hofstetter S., Paris J.M., Jacinto, J.P.G., Watté C., Voelter K., Occeli L.M., Komaromy A.M., Oevermann A., Goepfert C., Borgo A., Roudit R., Spengeler M., Seefried F.R., Drögemüller C. CNGB3 Missense Variant Causes Recessive Achromatopsia in Original Braunvieh Cattle. 2021. International Journal of Molecular Science. 22. 12440
- Hiltpold M., Janett F., Mapel X.M., Kadri N.K., Fang Z., Schwarzenbacher H., Seefried F.R., Spengeler M., Witschi U., Pausch H., A 1-bp deletion in bovine *QRICH2* causes low sperm count and immotile sperm with multiple morphological abnormalities, biorxiv
- Kunz S., Strasser S., Schnyder U., Spengeler M., Seefried F.R., von Rohr P., Genetic evaluation of carcass traits considering different fattening systems in Switzerland. EAAP Meeting, Davos
- Kunz S., Spengeler M., Revision Zuchtwertschätzung Schlachtmerkmale. die Mutterkuh 1/2021
- Kunz S., Genetische Trends bei den Schlachtmerkmalen für Bankkälber, Natura-Beef und Banktiere, die Mutterkuh 4/2021
- Schnyder U., Auf Fitness züchten lohnt sich. UFA-Revue 5/2021, 60-61.
- Schnyder U., Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. Gastvorlesung HAFL, 19.5.2021, online
- Schnyder U., Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. Gastvorlesung Vetsuisse Universität Bern, 9.12.2021
- Schuler U., Entwicklung Zuchtwert Ketoseresistenz, swissherdbook bulletin 2/2021
- Schuler U., Zuchtwertschätzung Ketoseresistenz, CHbraunvieh 3/2021

- Schuler U., Herausforderung Tiergesundheit: Umsetzung in der Rindviehzucht, SVT-Jahrestagung
- Schuler U., Tiergesundheit – ein Dauerthema, swissherdbook bulletin 5/2021
- Schuler U., Tiergesundheit – auch in der Zucht ein Dauerthema, CHbraunvieh 6/2021
- Schuler U., Dale L.M., Wegmann S., Genetic relationships between multiple ketosis related traits in Swiss Brown Swiss dairy cattle, EAAP Meeting Davos
- Seefried F.R., Häfliger I.M., Drögemüller C., Spengeler M., Effects of adding large scale custom genotypes on genomic prediction accuracy, EAAP Meeting, Davos
- Spengeler M., Berweger M., Widmer S., Häfliger I.M., Drögemüller C., Seefried F.R., Mapping of multiple loci affecting rearing success in four Swiss dairy cattle populations. EAAP Meeting, Davos
- Widmer S., Seefried F.R., von Rohr P, Häfliger I.M., Spengeler M., Drögemüller C. A major QTL at LHCGR for multiple birth in Holstein cattle, EAAP Meeting, Davos
- Widmer S., Seefried F.R., von Rohr P, Häfliger I.M., Spengeler M., Drögemüller C., A major QTL at the LHCGR/FSHR locus for multiple birth in Holstein cattle. Genetics Selection Evolution. 53(1):57
- Tran M.-N., Dale L., Gengler N., Jattiot M., Leblois J., Matthews D., Schuler U., HappyMoo Consortium, El Jabri M., HappyMoo – dairy cows lameness prediction through milk mid-infrared spectral analysis, EAAP Meeting Davos

1.4 Kurs Zuchtwertschätzung

Auf Wunsch der Zucht- und KB-Organisationen hatte der Fachbereich Zuchtwertschätzung der Qualitas AG für das Frühjahr 2020 einen Zuchtwertschätzungskurs geplant. Dieser musste wegen COVID-19 auf unbestimmte Zeit verschoben werden. Nachdem die Massnahmen gegen die Pandemie soweit gelockert worden waren, dass physische Treffen wieder möglich wurden, wurde der eintägige Einführungskurs im Herbst 2021 neu angesetzt. Damit die empfohlenen Abstände im verfügbaren Schulungsraum am Schluechtof in Cham eingehalten werden konnten, wurde der Kurs doppelt geführt (4. und 9. November 2021). Insgesamt 33 Teilnehmende, vorwiegend Mitarbeitende von Zucht- und KB-Organisationen, erhielten eine Einführung in die Zuchtwertschätzung. Während der Vormittag den Grundlagen der Genetik und Statistik gewidmet war, wurden am Nachmittag die Themen genomische Selektion, sowie Zuchtplanung, Zuchtziel und Zuchtprogramm behandelt.

2 Abgeschlossene Projekte

2.1 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.

Aufgrund von zahlreichen ungeklärten Fragen im Zusammenhang mit der Schätzung der maternalen Effekte im Tiermodell wurden im April 2021 lediglich die neue Programmpipeline und Datenaufbereitung eingeführt. Im Zuge der Umstellung auf die single step Methode soll der Wechsel zum Tiermodell nochmals geprüft werden.

2.2 ZWS Geburtsmerkmale Fleischrassen

Nachdem in den letzten Jahren bereits die ZWS für Absatzmerkmale und Schlachtmerkmale aktualisiert wurden, konnte nun noch die ZWS für Geburtsmerkmale revidiert werden. Grund für die Überarbeitung sämtlicher ZWS war einerseits eine Anpassung der Prozesse, um den automatisierten Qualitätsstandard zu gewährleisten und die verwendete Software auf die Arbeitsumgebung der Server bei der Qualitas AG anzupassen. Andererseits wurden die genetischen Parameter neu geschätzt und die Modelle unter Berücksichtigung der Bedürfnisse der Züchtenden sowie der internationalen Zusammenarbeit angepasst. Ein weiterer wichtiger Aspekt war die Optimierung der Ausgangslage für die genomische ZWS.

Im bisherigen Modell wurde nur zwischen den Nutzungsarten Beef und Dairy unterschieden und diese in einem 6-Merkmals-Vatermodell ausgewertet. Neu werden die Merkmale in zwei Tiermodellen (Beef, Dairy) ausgewertet. Die Auftrennung erlaubt die Nutzungsart besser zu trennen. Die Auswertungen erfolgen in Mehrassen-Auswertungen. Die Information, ob ein Tier als Beef oder Dairy geboren wurde, wird anhand des Zuchtverbandes, bei dem der Abkalbebetrieb Mitglied ist, zugeordnet. Neben den bereits im bisherigen Modell definierten Umwelteffekten (Geschlecht, Jahr*Monat, Laktationsnummer innerhalb Mutterrasse*Altersquartil, Rassenkombination) wird zusätzlich der Umwelteffekt Abkalbealter berücksichtigt. Weiter wurden für Beef noch die maternalen Aspekte angeschaut.

Die Basis für die ZWS für Dairy ist leider zu klein für Aubrac und Charolais, deswegen werden für diese Rassen keine Zuchtwerte für die Dairy-Merkmale mehr publiziert. Zu beachten ist, dass die Richtung der Zuchtwerte für Geburtsgewicht und Trächtigkeitsdauer anders ist als diejenige der Phänotypen. Das heisst, je höher ein Zuchtwert für Geburtsgewicht, desto leichter das Geburtsgewicht und je höher ein Zuchtwert für Trächtigkeitsdauer, desto kürzer die Trächtigkeitsdauer.

Für die Berechnung der direkt-genomischen Zuchtwerte (DGZW) werden die konventionellen Zuchtwerte von Tieren mit hohen Sicherheiten genutzt. Aufgrund dieser werden anschliessend SNP-Effekte geschätzt und diese anhand des Genotyps zum DGZW verrechnet. Hier werden, im Gegensatz zur konventionellen ZWS, nur Limousin-Tiere berücksichtigt. Um die Sicherheit der genomischen Zuchtwerte zu berechnen, werden die 100 jüngsten Tiere vom ursprünglichen Trainingsdatensatz (also der Tiere mit sicheren Zuchtwerten aus der konventionellen ZWS) aus der Effektschätzung ausgeschlossen (Validierungs-Tiere). Mit den restlichen Tieren wird eine separate Effektschätzung durchgeführt. Die Sicherheit der DGZW aller Tiere resultiert aus der Übereinstimmung zwischen dem DGZW und den Zuchtwerten der Validierungs-Tiere. Bei Dairy ist die Anzahl Trainings-tiere unter 1000 und somit nicht publizierbar. Grosse Veränderungen in der Trainingspopulation können zu starken Schwankungen bei den Zuchtwerten führen. Daher werden für Dairy derzeit keine genomischen Zuchtwerte eingeführt. Die Trainingspopulationen für die

Beef Merkmale sind gross genug und auch die gefundenen Validierungssicherheiten sind hoch genug, um eine Einführung der genomischen Zuchtwerte zu erlauben.

2.3 SESAM

Das Interreg-Projekt SESAM konnte mit der Schlussstagung in Kempten (D) erfolgreich abgeschlossen werden. Aufgrund der unbesetzten Lead-Position des Working Package 2 (Standardisation and Alert-System Development) hatten wir ad interim die Leitung dieser Arbeitsgruppe übernommen. Somit konnten wir an der Abschlussstagung auch die Ergebnisse aus dieser Arbeitsgruppe in einem viel beachteten Vortrag präsentieren. Einige der wissenschaftlichen Fragestellungen aus dieser Arbeitsgruppe werden aktuell durch Jessica Gearing in ihrer Masterarbeit untersucht. Die Resultate aus dieser Arbeit werden hilfreiche Informationen für das Nachfolgeprojekt von SESAM names "DigiDairy" liefern.

2.4 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. Wir haben GENMON auf einem eigenen Server implementiert. GENMON benötigt Informa-tionen 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. 2021 wurden zum ersten Mal Indizes für verschiedene Schweizer Rassen berechnet. Die Ergebnisse wurden mit dem BLW und einer Expertengruppe diskutiert und kleine Anpassungen wurden vorgenommen. Die Resultate wurden als ShinyApp veröffentlicht (<https://fagr.genmon.ch/shiny/users/zws/GenMonReportmitGG/index.Rmd>). Die Berechnung der Indizes soll jährlich wiederholt werden.

3 Laufende Projekte

3.1 Genomische Selektion: Weiterentwicklungen / Optimierungen

Nach der Einführung der eigenen Custom Chips wurden im Berichtjahr Anpassungen beim Marker Set der genomischen Selektion vorgenommen. Basierend auf GWAS Ergebnissen wurden identifizierte Regionen mit einem Hauptgeneffekt im Routine Genomiksystem berücksichtigt. Wie erwartet war der zusätzliche Gewinn an Genauigkeit zwar klein, aber positiv. In den lokalen Rassen wie z.B. Original Braunvieh oder Swiss Fleckvieh, war der Gewinn tendenziell grösser als in den internationalen Rassen Brown Swiss oder Holstein. Die Umstellung auf das neue Markernetz wurde umgesetzt.

3.2 Genetisches Monitoring, missing Homozygosity

Der Fokus lag hier auf der Auswertung der generierten SWISScow Daten im Kontext der missing homozygosity. Die Resultate wurden bei mehreren internationalen Tagungen präsentiert. Ausserdem entstanden vier Publikationen in namhaften Journals. Die Ergebnisse für BSW wurden bereits in Richtung praktische Umsetzung diskutiert. Für Holstein wurde dies verschoben, da das Paper den review Prozess noch nicht durchlaufen hat. 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 voranzutreiben. 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. Damit Qualitas weiterhin Zugang zum Datenpool hat, müssen Schweizer Daten geliefert werden. Im Jahr 2021 konnten Daten aus zwei Forschungsprojekten bezogen werden: aus dem Projekt ThermoCow von Agroscope und dem Wiesenmilchprojekt der ETH. Insgesamt wurden damit 624 und 240 Kutztage für Futteraufnahme und Methanproduktion dem Datenpool hinzugefügt. Um die Zukunft der Datenlieferung zum RDGP zu gewährleisten, wurden Diskussionen mit Agroscope sowie mit dem neuen ETH Professor Dr. Mutian Niu lanciert.

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. In BMC Genomics wurden diese publiziert. Weiter konnte für einzelne Stiere die Ursache für immotile Spermien aufgeklärt werden, eine 1-bp Deletion im Gen QRICH2. Auch diese Studie wird in einem peer-reviewed Journal publiziert.

3.5 QS Routine-ZWS

Die Qualitätssicherung (QS) wird im Rahmen der Routine-ZWS laufend verbessert. Das ZWS-Team trifft sich vor und nach jeder Zuchtwertschätzungsrunde, um die systematische Überprüfung von Inputdaten und von erzeugten Resultatdateien in den Auswertungen umzusetzen. Verschiedene Massnahmen von einfachen Formatsüberprüfungen bis hin zu detaillierten Vergleichen über verschiedene Auswertungsrunden hinweg wurden umgesetzt. Ein weiterer Schwerpunkt im Gebiet der QS bilden die Validierungsansätze, welche in einem ersten Schritt für das Projekt 'Single Step' umgesetzt werden. Diese können in analoger Weise auch für die traditionelle ZWS ausgebaut werden.

3.6 Single Step genomische ZWS

Die Zahl der Genotypen von weiblichen Tieren hat stark zugenommen. Die derzeitige Methode der genomischen Zuchtwertschätzung erlaubt es nicht, die Informationen dieser Genotypen optimal zu nutzen. Dieses Problem kann durch die Einführung einer so genannten single-step Methode gelöst werden. Dieses Verfahren ermöglicht es, alle Genotypen,

Phänotypen und das Pedigree gleichzeitig für die Schätzung der genomischen Zuchtwerte zu verwenden.

Das Projekt ist 2021 sehr gross geworden. Im Mai startete eine Forschungsk Kooperation mit dem „Natural Resources Institute Finland“ (Luke), deren Zuchtwertschätzungssoftware MiX99 wir im Projekt verwenden. Für die Zusammenarbeit sind insbesondere drei Themen vorgesehen: Recheneffizienz, Schätzung der Bestimmtheitsmasse und Integration von MACE-Zuchtwerten in nationale Auswertungen. Luke stellt eine Entwicklungsversion der Software MiX99 zur Verfügung, welche mehr Funktionen beinhaltet als die bisher bei Qualitas verwendete Version. Die Entwicklungsversion wurde spezifisch für single-step Auswertungen entwickelt. Dazu werden Hilfsprogramme rund um MiX99 von Luke zur Verfügung gestellt. Durch vierteljährliche Treffen und bilateralen Austausch konnte bereits eine grundlegende single-step Pipeline für ein Einmerkmalsmodell (Zentralband) mit einem Datensatz der Rasse Braunvieh erstellt werden. Eine erste Routine-Umsetzung von single-step ist in der Schweiz für die Aufzuchtverluste geplant, wobei die Resultate zunächst mittels Listen verteilt werden sollen. Mit dieser Auswertung sollen auch die notwendigen Änderungen in den Routineabläufen erkannt und bearbeitet werden.

Neben der Zusammenarbeit mit Luke lieferte auch ein Austausch mit Kollegen aus Süddeutschland und Österreich wertvolle Hinweise zu Umfang und Komplexität des Projektes. In dieser Diskussion wurde unter anderem klar, dass die mehrrassigen Modelle bei Qualitas einen Mehraufwand bei der Umsetzung des single-step Verfahrens bedeuten könnten. Erste Abklärungen dazu wurden in Angriff genommen.

Als Vorbereitung auf die Einführung der single-step Methode für die Produktionsmerkmale muss die konventionelle ZWS vom kanadischen System auf MiX99 umgestellt werden. Auch bei diesem Projekt kann Qualitas stark von der Kooperation mit Luke profitieren. In einem ersten Schritt ging es insbesondere darum, das bisherige Modell genau zu verstehen und möglichst exakt in MiX99 abzubilden. Die Entwicklungsarbeiten erfolgten mit den Jersey-Daten (kurze Laufzeiten), anschliessend wurden die Abläufe mit den Braunvieh- und Holstein-Daten getestet und verifiziert. Aktuell laufen Arbeiten zur Optimierung der Laufzeiten und des Memorybedarfs sowie der Stabilität der Zuchtwerte und Bestimmtheitsmasse.

3.7 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. Im Jahr 2021 stand für Qualitas das Erzeugen und Aufbereiten von Daten im Zentrum. Wie bereits im Jahr 2020 wurde eine Beprobung von Kühen durchgeführt, in deren Rahmen Milchproben gesammelt wurden zur Entwicklung MIR-basierter Vorhersagemodelle für mit Mastitis assoziierten Verbindungen (Laktatdehydrogenase, N-acetyl- β -D-glucosaminidase (NAGase), Haptoglobin und Cathelicidin). Des Weiteren wurden Daten zu Klauenerkrankungen und zum Energiedefizit von Kühen aufbereitet und anonymisiert den entsprechenden Arbeitsgruppen im Projekt zur Verfügung gestellt. Zudem wurden die Arbeiten am digitalen Werkzeug im Jahr 2021 in Angriff genommen. Dafür wurde mit Experten vom Institut de l'Elvage (FRA) zusammengearbeitet. Das digitale Werkzeug orientiert sich an der bereits bestehenden «Bilan de santé du troupeau laitier». Bei Qualitas wurden ökonomische Parameter und Gesundheitsinformationen verschiedener Kategorien von Schweizer Landwirtschaftsbetrieben zusammengetragen. Auch an den IT-Aspekten zur Umsetzung des digitalen Werkzeuges wurde gearbeitet, dabei stand die Anwendung MIR-basierter Vorhersagemodelle über das Internet im Zentrum.

3.8 Effizienz – Residual Feed Intake

Die Futtermittelverwertungseffizienz der Milchkuh wird durch die beiden Faktoren Stoffwechsell-effizienz 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 Stoffwechsell-effizienz werden Futtermittelverzehrdaten benötigt. Ein umfassender Datensatz kann aus dem Pool des RDGP bezogen werden.

Aus diesen Rohdaten können geeignete Effizienzparameter entwickelt werden. Ein Mass für die Stoffwechsell-effizienz ist der residual feed intake (RFI), die Differenz zwischen erwarteter Futter- bzw. Energieaufnahme (für Leistung, Erhaltung) und gemessener Futteraufnahme. Mit Hilfe des Datenpools hat Kanada bereits eine genomische Zuchtwertschätzung für RFI aufgebaut. Dasselbe soll auch in der Schweiz realisiert werden. Der Grundstein dazu wurde im Jahr 2021 gelegt. Dazu erfolgte in einem ersten Schritt eine Datenaufbereitung der gepoolten Rohdaten. Aufgrund der Datenmenge und der überschaubaren und z.T. fehlenden Daten wurde ein Mehr-Merkmal-Modell aufgestellt das die Daten aufgrund der Laktationsperioden 5-60 Tage und 61-305 in zwei Merkmale unterteilt. Die Varianzkomponentenschätzung erfolgte mit MiX99. Basierend darauf wurde der Zuchtwert für RFI so berechnet, dass er genetisch unabhängig vom Körpergewicht und der Milchmenge in der zweiten Laktationsperiode ist. Klassische Zuchtwerte für diesen RFI wurden bereits geschätzt und stimmen mit den in Kanada geschätzten Zuchtwerten überein. Aufgrund der geringen Sicherheiten der Zuchtwerte würde es jedoch lange dauern, um eine Referenzpopulation für eine two-step Zuchtwertschätzung aufzubauen. Aus diesem Grund soll im Rahmen der Entwicklung der single-step Methoden die Zuchtwertschätzung für RFI in die Routine implementiert werden.

3.9 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 wurden im zweiten Fall (2) die Veränderungen der Milchmengen im Laufe der Zeit auf Einzeltierebene ausgewertet und der Einfluss der Genetik bestimmt (Parameterschätzung und nachfolgende ZWS). Es konnten mittlere Heritabilitäten (~0.20) geschätzt werden. Die nachfolgend berechneten ZW wurden zwischen Holstein- und Zweinutzungskühen (SI, SF und MO) verglichen, und es konnte ein Niveau-Unterschied zu Gunsten der Zweinutzungsrassen festgestellt werden. Die Resultate müssen nun verifiziert und in Relation zu Gesundheitsdaten gestellt werden, um abschätzen zu können, ob diese neuen Informationen als Resilienzmerkmale genutzt werden könnten. Zu diesem Thema wurde für WCGALP 2022 ein Paper eingereicht, welches für eine Präsentation akzeptiert wurde.

3.10 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. 2021 wurde dieses Projekt weitergeführt und erste Resultate einer Meta-Analyse wurden den Projektbeteiligten präsentiert.

3.11 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 das Projekt-Team bei Fragen zu den gelieferten Herdebuch- und Leistungsdaten der Schweizer Milchviehzuchtverbände unterstützt und zusätzliche Daten für die ausgewählten Fokusbetriebe mit besonders hoher oder besonders niedriger Nutzungsdauer geliefert. Neben der Teilnahme an Experten-Interview und Begleitgruppentreffen, waren Mitarbeitende von Qualitas im Herbst auch als Referenten bei den Workshops zur Nutzungsdauer engagiert.

3.12 Gesamtzuchtwert mit Produktionsmodell Fleischrassen

Die Selektion von potentiellen Elterntieren aufgrund von mehreren Merkmalen ist nur mit einem Gesamtzuchtwert effizient umsetzbar. In einem Gesamtzuchtwert werden die Zuchtwerte der einzelnen Merkmale aufgrund ihrer wirtschaftlichen Bedeutung gewichtet. Die wirtschaftliche Bedeutung eines Merkmals entspricht der Veränderung des Gewinns in einem Produktionsbetrieb bei einer kleinen Änderung des Populationsmittelwertes des Merkmals. Der Gewinn eines Produktionsbetriebs wird mit einem Produktionsmodell simuliert.

Im Rahmen eines Praktikums wurde Vorarbeit geleistet, indem ökonomische Gewichte für Angus und Limousin bei den Produktionssystemen Natura-Beef und SwissPrimBeef mit der Software ECOWEIGHT berechnet wurden. Dieses Projekt wird fortgesetzt und ausgebaut, damit der Gesamtzuchtwert neben den Fleischrindern auch für den Einsatz von Fleischrinderstieren auf Milchviehkühen (beef-on-dairy) verwendet werden kann.

3.13 Mastitis-Vorhersage aus MIR-Daten

Ziel dieses Projekts ist es, auf Basis der MIR-Spektraldaten von MLP-Milchproben den Mastitis-Status einer Kuh herzuleiten. Die Ergebnisse dieser Schätzung sollen später auf ihre Verwendbarkeit in Herdenmanagementhilfsmitteln und in Zuchtwertschätzungen geprüft werden.

Auf der Basis von Gesundheits- und Standortdaten wurden Betriebe identifiziert, welche die Gesundheitsdaten vollständig erfassen. Dafür wurden sehr ähnlich Konzepte und Regeln verwendet wie bei der ZWS für das Merkmal Mastitisresistenz. Anschliessend wurden den MLP-Milchproben von Kühen dieser Betriebe Mastitiserkrankungsklassen zugeordnet. Eine Mastitiserkrankungsklasse sagt aus, ob eine Kuh in einem definierten Zeitraum relativ zum Datum der MLP-Probenahme an Mastitis erkrankte oder nicht. Es wurden sechs Zeiträume definiert von drei Wochen vor bis drei Wochen nach der MLP-Probenahme in Schritten von einer Woche. Erste Schritte zur Entwicklung von MIR-Spektraldaten-basierten Modellen zur Schätzung der Mastitiserkrankungsklassen sind erfolgt. Dabei konnte mit Laura Dale vom LKV Baden-Württemberg zusammengearbeitet werden.

3.14 LBE-Composites

In Zukunft sollen für die Einstufungsnoten nicht mehr direkt geschätzte Zuchtwerte, sondern aus den relevanten Einzelmerkmalen gebildete Indices publiziert werden. Damit sollen insbesondere bei den genomischen Zuchtwerten vereinzelt aufgetretene schwer nachvollziehbare Zuchtwert-Konstellationen verhindert werden. Lineare und quadratische Regressionsfaktoren wurden durch Braunvieh Schweiz, Holstein Switzerland und Swissherdbook in separaten Projekten hergeleitet. Bei Qualitas wurden die nötigen Datensätze vorbereitet und konzeptionelle Arbeit zur Integration der Indexberechnung in die Routineprozesse geleistet.

3.15 Einfluss von Temperatur und Luftfeuchtigkeit auf die Spermaqualität

Ziel dieses Projekts ist es der Einfluss von Umweltfaktoren (in diesem Falle Temperatur und Luftfeuchtigkeit, zusammengefasst in einem Index (THI)) auf die Spermaqualität zu bestimmen. Die von Swissgenetics erhobenen Qualitätsmerkmale wie Volumen, Konzentration und Motilität wurden mit Wetterdaten aus den Jahren 2007 bis 2019 zusammengeführt und mittels linearer Modelle wurde der Einfluss des THI geschätzt. Eine grosse Herausforderung war die Bestimmung des Zeitfensters innerhalb der Spermatogenese, welches bezüglich Wettersensibilität den grössten Einfluss ausübt. Die Resultate zeigen, dass während der ganzen Spermatogenese das Wetter auf die Qualitätsmerkmale einen Einfluss ausübt, abhängig vom Merkmal ist der Zeitpunkt und die Dauer unterschiedlich. Des Weiteren wurde ersichtlich, dass nicht jede Rinderrasse gleich auf einen Wetterstress reagiert. Dieses Projekt wird direkt von Swissgenetics finanziert.