

Qualitas⁺

Jahresbericht F+E 2022

Forschung und Entwicklung des Fachbereichs
Zuchtwertschätzung der Qualitas AG im Jahr 2022

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	HappyMoo	5
2.2	Effizienz – Residual Feed Intake	5
2.3	Mastitis-Vorhersage aus MIR-Daten	5
2.4	LBE-Composites	6
2.5	Einfluss von Temperatur und Luftfeuchtigkeit auf die Spermaqualität	6
3	Laufende Projekte	7
3.1	Genomische Selektion: Weiterentwicklungen / Optimierungen	7
3.2	Genetisches Monitoring, missing Homozygosity	7
3.3	Futtermittelfizienz und Methanemissionen: RDGP und Lancierung inländischer Projekte	7
3.4	QS Routine-ZWS	8
3.5	Single Step genomische ZWS	8
3.6	Resilienz	9
3.7	Projekt Nutzungsdauer FiBL	9
3.8	Gesamtzuchtwert mit Produktionsmodell Fleischrassen	10
3.9	SWISSCOW 2.0	10

1 Allgemeines

1.1 Mitarbeit in Fachgremien

Mitarbeitende der Qualitas AG waren im Jahr 2022 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)
- Organisationskomitee EAAP – 72nd Annual Meeting, Davos 2021 (B. Bapst und temporär J. Gearing); das Projekt wurde Anfangs 2022 ordentlich abgeschlossen.
- Swiss Animal Breeding Technology Platform (U. Schnyder, Organisation F. Seefried)
- Reviewer Tätigkeiten für wissenschaftliche Zeitschriften (B. Bapst und A. Butty) wie Journal of Dairy Science, Animals, Journal of Animal Breeding, Genetics und Revista Brasileira de Zootecnia

1.2 Teilnahme an Fachtagungen und Weiterbildungskursen

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

- SVT-Tagung, 13.4.2022, HAFL Zollikofen
- EFFAB AGM, 4.5.2022, online (Evora, Portugal)
- SVIAL GV, 13.5.2022, BBZN Schüpfheim
- Interbull Meeting and ICAR Conference, 29.5.-3.6.2022, Montreal, Kanada/online
- Swiss Animal Breeding Technology Platform (SABRE-TP) Workshop, 8.6.2022, ETH Zürich
- World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP), 3.-8.7.2022, Rotterdam, Niederlande
- 73. Jahrestagung der Europäischen Vereinigung für Tierwissenschaften (EAAP), 5.-9.9.2022, Porto/online
- Fachtagung der Fondation Sur-la-Croix, 6.9.2022, Betrieb Sur-la-Croix, St-Ursanne
- Begleitgruppentreffen Projekt Nutzungsdauer FiBL, 28.10.2022, AGRIDEA Lindau
- Symposium automated phenotyping, 29.10.2022, online (Wageningen, Niederlande)
- 8. Fachtagung Schafe und Ziegen am Plantahof, 06.12.2023.

1.3 Publikationen und Vorträge

Im Jahr 2022 waren Mitarbeitende der Qualitas AG an folgenden Publikationen beteiligt:

- Bapst B., Alles spricht von Zuchtwerten – Was steckt aber dahinter? 8. Fachtagung Schafe und Ziegen am Plantahof, 06.12.2023.
- Bapst B., Schädigen die Nutztiere unsere Umwelt? CHbraunvieh 5/2022, swissherdbook bulletin 5/2022

- Bapst B., von Rohr P., Seefried, F., Deep data recording for developing resilience traits in Swiss cattle populations: a proof of concept and an application. World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP), 3.-8.7.2022, Rotterdam, Niederlande
- Berweger Baschnagel M., Nutzungsdauer im Fokus. CHbraunvieh 3/2022, swissherdbook bulletin 2/2022
- Berweger Baschnagel M., Porto live – 73. Jahrestagung der EVT. CHbraunvieh 9/2022, swissherdbook bulletin 7/2022
- Butty A., Berger N., Zuchtwertschätzertreffen in Montreal. CHbraunvieh 8/2022, swissherdbook bulletin 6/2022
- Butty A.M., von Rohr P., Stratz P., Schuler U., Berweger M., Schnyder U., Spengeler M., Development of a single-step genomic evaluation for udder support in a multi-breed population with crossbred animals. Proceedings of the 2022 Interbull Meeting, Montreal, Kanada
- Butty A.M., Standortangepasste Rindviehhaltung und Genetik. Fachtagung Fondation Sur-la-Croix, St-Ursanne, 6.9.2022
- Butty A.M., Genomische Selektion und die Schweizer Rindviehzucht. Gastvorlesung Universität Bern, 30.11.2022
- Häfliger I.M., Spengeler M., Seefried F.R., Drögemüller C. (2022) Four novel candidate causal variants for deficient homozygous haplotypes in Holstein cattle. Scientific Reports 12:5435 <https://doi.org/10.1038/s41598-022-09403-6>
- Häfliger I.M., Wolf-Hofstetter S., Casola C., Hetzel U., Seefried F.R., Drögemüller C. (2022) A de novo variant in the bovine ADAMTSL4 gene in an Original Braunvieh calf with congenital cataract. Animal Genetics, 53, 416-421 <https://doi.org/10.1111/age.13178>
- Hauser M., Signer-Hasler H., Küttel L., Capitan A., Guldbransten B., Hinrichs D., Flury C., Seefried F.R., Drögemüller C. (2022) Identification of two new recessive MC1R alleles in red-coloured Evolèner cattle and other breeds. Animal Genetics, 53, 427-435 <https://doi.org/10.1111/age.13206>
- Hiltbold M., Janett F., Mapel X.M., Kadri N.K., Fang Z.H., Schwarzenbacher H., Seefried F.R., Spengeler M., Witschi U., Pausch H. (2022) A 1-bp deletion in bovine QRICH2 causes low sperm count and immotile sperm with multiple morphological abnormalities. Genetics Selection Evolution 54:18 <https://doi.org/10.1186/s12711-022-00710-0>
- Jacinto J.G.P., Häfliger I.M., Christen M., Paris J.M., Seefried F.R., Drögemüller C. (2022) Is a heterozygous missense variant in SGSH the cause of a syndromic form of congenital amastia in an Original Braunvieh calf? Animal Genetics, 53, 530-531 <https://doi.org/10.1111/age.13207>
- Kunz S., Spengeler M., Überarbeitung Zuchtwertschätzung Geburtsmerkmale. die Mutterkuh 1/2022, CHbraunvieh 6/2022, swissherdbook bulletin 4/2022
- Paternoster G., Struchen R., Brock J., Lange M., Schnyder U., Schärner S., Hadorn D., Classification of cattle herds in Switzerland based on their herd management type using a machine-learning algorithm. 4th International Conference on Animal Health Surveillance - Bridging Science and Policy. 3-5 May 2022, Copenhagen, Denmark icahs4.org
- Schnyder U. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. Gastvorlesung HAFL Zollikofen, 16.5.2022
- Schnyder U. Neues von der Qualitas AG. AGRIDEA/SVIAL-Kurs „Aktuelles aus Rindvieh- und Schweinehaltung“, 3.11.2022, Zollikofen
- Schuler U., von Rohr P., HappyMoo – Daten fürs Herdenmanagement. CHbraunvieh 9/2022, swissherdbook bulletin 7/2022

- Seefried F., Drögemüller C., Evolèner Rasse – Erbfehler neu auch ein Thema. swissherdbook bulletin 6/2022
- Spengeler M., Bapst B., Genetik-Weltkongress – Der Olymp der Tierzucht. CHbraunvieh 8/2022, swissherdbook bulletin 6/2022
- Team ZWS, Kurs Zuchtwertschätzung – Einführung in die Grundlagen. CHbraunvieh 1/2022, swissherdbook bulletin 1/2022
- Widmer S., Seefried F.R., von Rohr P., Häfliger I.M., Spengeler M., Drögemüller C. (2022) Associated regions for multiple birth in Brown Swiss and Original Braunvieh cattle on chromosomes 15 and 11. Animal Genetics, 00, 1–13
<https://doi.org/10.1111/age.13229>

2 Abgeschlossene Projekte

2.1 HappyMoo

Das Projekt HappyMoo wurde 2022 fristgerecht abgeschlossen. Zu den in HappyMoo erzielten Resultaten wurde ausführlich in den Fachmagazinen der Zuchtorganisationen berichtet. Das Nachfolgeprojekt von HappyMoo namens "HoliCow" wurde eingereicht. Das Projekt wurde in der ersten Evaluationsrunde genehmigt und für die zweite Gesuchsrunde zugelassen. Den definitiven Entscheid zum Projekt HoliCow ist noch ausstehend. Qualitas wird in HoliCow allenfalls den Status einer "Observer"-Organisation einnehmen.

2.2 Effizienz – Residual Feed Intake

Mit Hilfe des Datensatzes bezogen aus dem Pool des RDGP Projektes wurde das Mehr-Merkmals Modell um die zweite Laktation erweitert um so die Zuchtwert-Sicherheiten zu steigern. Dabei wurde das Modell für jede Laktation so aufgestellt, dass die Daten aufgrund der Laktationsperioden 5-60 Tage und 61-305 Tage in jeweils zwei Merkmale unterteilt sind. Nach Anwendung der Single-Step Methode zur Zuchtwertschätzung (ZWS) konnte festgestellt werden, dass die Sicherheiten der RFI-ZW immer noch gering sind. Um in Periode 2 der ersten Laktation eine Sicherheit der RFI-Zuchtwerte von über 50% zu erreichen, benötigt ein Stier mindestens 5 Töchter mit insgesamt mehr als 350 Futterverzehrdaten. Insgesamt erfüllen nur wenige ausländische Holstein-Stiere diese Anforderungen. Für RFI in der zweiten Laktation gibt es selbst im Ausland noch keine Stiere mit einer Sicherheit von > 50%.

Der Aufbau einer nationalen ZWS nach dem Vorbild Kanada ist mit dem Datensatz bezogen aus dem Pool des RDGP Projektes deshalb noch nicht möglich. Dazu benötigt es Zugriff auf mehr Daten, der nur gewährleistet werden kann, wenn weiterhin Futterverzehrdaten in der Schweiz erhoben werden und in den Pool des RDGP Projektes einfließen. Aus diesem Grund werden die Weiterentwicklungen im Hinblick auf die Routineimplementierung einer Single-Step Zuchtwertschätzung für RFI verschoben. In Zukunft steht die Datenerhebung im Vordergrund, die im Rahmen eines nationalen Projektes vorangetrieben werden soll.

2.3 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.

Erste Schritte zur Entwicklung von MIR-Spektraldaten-basierten Modelle zur Schätzung der Mastitiserkrankungsklassen sind erfolgt und ansprechende Resultate liegen vor.

Aufgrund der personellen Engpässe und aufgrund des Entscheids im Frühling 2022 Vorhersagen aufgrund von MIR-Daten aktuell auf die ZWS Ketose zu beschränken, wurden die Schwerpunkte auf die Qualitätssicherung, die Datenablage und -zusammenführung gesetzt. Letztere wird momentan intensiv bearbeitet, um möglichst alle Informationen in kommenden Projekten optimal nutzen zu können.

2.4 LBE-Composites

Bisher werden aus der Zuchtwertschätzung für die Merkmale der linearen Beschreibung und Einstufung (LBE) direkt geschätzte Zuchtwerte von Einstufungsnoten publiziert. In Zukunft sollen für die Einstufungsnoten nicht mehr direkt geschätzte Zuchtwerte, sondern aus den relevanten LBE-Einzelmerkmalen gebildete Indices, so genannte Composites publiziert werden. Damit sollen insbesondere bei den genomischen Zuchtwerten vereinzelt aufgetretene schwer nachvollziehbare Zuchtwert-Konstellationen verhindert werden.

Die im Vorjahr in separaten Projekten hergeleiteten linearen und quadratischen Regressionsfaktoren zur Gewichtung der LBE-Einzelmerkmale wurden eingehend validiert. Dabei wurde auch geprüft, ob für die Referenzpopulation zur Vorhersage der ZW der Blocknoten Kühe statt nachzuchtgeprüfter Stiere verwendet werden sollten, um insbesondere bei den kleineren Populationen die Datenbasis für die Schätzung zu erweitern. Die aus der Stierreferenzpopulation geschätzten Regressionsfaktoren zeigten jedoch auch für Swiss Fleckvieh und Original Braunvieh die beste Übereinstimmung mit den direkt geschätzten Zuchtwerten. Auch für Kühe und Jungtiere sind nur geringe Rangverschiebungen zu erwarten, was auf eine gute Verallgemeinerung des Modelles hinweist.

Das Modell mit den Composites bietet auch die Möglichkeit ungünstige genetische Korrelationen in den Zuchtmodellen zu berücksichtigen und zu korrigieren. Ein Beispiel für eine ungünstige Korrelation ist die Grösse bei der Euternote. Bekanntlich besteht zwischen diesen beiden Merkmalen eine positive genetische Korrelation. Das heisst, dass ein Zuchtfortschritt in der Euternote mit einem Zuchtfortschritt in der Grösse parallel einhergeht. Diese Korrelation wird im neuen System teilweise korrigiert, so dass Tiere der Rasse Braunvieh und Holstein mit einem hohen ZW für Grösse einen tieferen Euter-ZW haben werden. Da jede Korrektur eine künstliche Verringerung der genetischen Varianz verursacht, muss unbedingt so wenig wie möglich und nur so viel wie nötig korrigiert werden. Aus diesem Grund wird jeweils nur die Hälfte des geschätzten Einflusses der Grösse korrigiert. Die neuen LBE-Composites sollen in der Routine-ZWS im April 2023 eingeführt werden.

2.5 Einfluss von Temperatur und Luftfeuchtigkeit auf die Spermaqualität

Die im Auftrag von Swissgenetics durchgeführte Untersuchung an 69'430 Ejakulaten, von Stieren sieben verschiedener Rassen, zeigt, dass sich die Spermaqualität (Konzentration, Motilität und Volumen) bei erhöhten THI-Werten generell verschlechtert. Diese Resultate werden auch durch verschiedene, in der Literatur festgehaltene Ergebnisse, abgestützt. Ab welchem THI-Wert Einbussen zu verzeichnen sind, kann generell nicht gesagt werden, da ebenfalls das Alter der Stiere, die Rassen, der Absamungszeitpunkt, der Abstand zur letzten Absamung sowie der Samengewinner einen Einfluss haben und entlang der THI-Skala unterschiedliche Reaktionsmuster zeigen. Ab dem Bereich THI 55 – 60 müssen jedoch Qualitätseinbussen verzeichnet werden; dies kann als grober Richtwert angenommen werden.

Die vorliegende Auswertung beinhaltet keine genetischen Aspekte, insbesondere auch keine zum Thema Genotyp x Umwelt-Interaktionen.

3 Laufende Projekte

3.1 Genomische Selektion: Weiterentwicklungen / Optimierungen

Die bestehenden Abläufe im SNP Prozess Rind wurden optimiert bzgl Prozessdauer und generellem Ablauf. Anfang 2022 wurde die SNP-Datenbank TheSNPpit in Betrieb genommen. Diese erlaubt eine wesentlich effizientere Speicherung der Genotypen als es bisher der Fall war. Der Import der Genotypen vom Labor in die Qualitas TheSNPpit Datenbank wurde in einen komplett automatisierten Job umgebaut, welcher auf täglicher Basis seit Anfang 2023 läuft. Darin mitinbegriffen war die automatisierte Verarbeitung von externen SNP-Genotypenfiles welche von Drittquellen zur Verfügung gestellt werden. Im Imputing wurde der Check des Generationenintervalls in die Abstammungskontrolle und Elternsuche integriert. Die SNP-basierte Verwandtschaftsanalyse wurde auf weitere Rassen ausgedehnt. Ausserdem wurde die beiden Tools findhap und fixped in den Prozess nach einer vorherigen Validierung eingebaut. Dieser ermöglicht eine haplotypenbasierte Suche nach Grosseltern und Ur-Grosseltern. Daneben wurde mit dem CHEcowV2 Array die zweite Generation des Swisscow HD Arrays validiert und in Anwendung gebracht. Details dazu im Punkt 3.2.

Anfang 2022 wurde mit der routinemässigen Verarbeitung von Schaf-Genotypen begonnen.

3.2 Genetisches Monitoring, missing Homozygotie

Die Implementation des CHEcowV2 Arrays brachte eine Reihe von neuen Zusatztests in das Portfolio der bisher untersuchten Zusatztests. In Zahlen ausgedrückt sind die Angus-spezifischen Zusatztests am prominentesten vertreten. Daneben sind auch HH2 (HOL), BH14 (BSW) oder JNS (JER) nennenswert. BH14 wurde ausserdem international im BSW-Netzwerk implementiert. Bei der Rasse Evolèner wurden über den Missing homozygotie basierten Ansatz 2 Regionen gefunden, wovon eine (EH1) am WCGALP Kongress 2022 vorgestellt wurde.

Im Bereich der haplotypenbasierten Paarungen (Mendelian Sampling Variance) wurde der bestehende Ablauf auf das kürzlich publizierte Paket PyMSQ umgebaut, nachdem für BS und OB neue Recombinationshotspots geschätzt wurden. PyMSQ schätzt Wahrscheinlichkeiten für Top-Gameten ausgehend von SNP-Effekten, Recombination Maps und Haplotypendiversität. Erste Ergebnisse wurden der Forschungskommission der ASR anlässlich der Sitzung im Herbst 2022 präsentiert.

3.3 Futtereffizienz und Methanemissionen: RDGP und Lancierung inländischer Projekte

Qualitas ist weiterhin Partner im kanadischen Resilient Dairy Genome Project (RDGP). Im RDGP wird eine umfassende Resilienz erforscht. Neben Futter- und Methaneffizienz wird an Fruchtbarkeits- und Gesundheitsmerkmalen gearbeitet und ein Resilienz Index entwickelt. In diesem Projekt ist Qualitas am Aufbau eines Datenpools für Methanemissionen und für Futteraufnahme involviert. 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 2022 konnten nur Daten aus einem Forschungsprojekt der ETHZ geliefert werden. Insgesamt wurden damit 11 und 22 Kuhtage für Futteraufnahme und Methanproduktion dem Datenpool hinzugefügt. Um die Zukunft der Datenlieferung zum RDGP zu gewährleisten, wurden bilaterale Gespräche mit Agroscope sowie mit dem neuen ETH Professor Dr. Mutian Niu zu weiteren Datenlieferungen aus ihren Forschungsprojekten lanciert. Die weiterführende Zusammenarbeit mit Agroscope ist auf gutem Weg; dafür ist Dr. Mutian Niu an einer

Kollaboration aktuell nicht interessiert. Parallel wurde im Jahr 2022 versucht eine Swiss Joint Initiative zur nachhaltigen Futtermittelerhebung und Methanemissionserhebung auf Forschungs- und Produktionsbetrieben mit denselben Partnern und der Universität Bern zu starten. Dieses Unterfangen zeigte sich als eher schwierig, weil die Interessen sehr unterschiedlich sind und sehr hohe Kosten anfallen würden. Darum werden aktuell mehrere kleinere und fokussiertere Projekte mit weniger Partnern vorbereitet.

3.4 QS Routine-ZWS

Reproduzierbarkeit ist eine wichtige Eigenschaft von Software für Routine-ZWS Auswertungen. Unter Reproduzierbarkeit verstehen wir die Eigenschaft eines Auswertungssystems mit den gleichen Eingabedaten und den gleichen Programmen identische Resultate zu erzeugen. Ein wichtiges Werkzeug für die Erreichbarkeit von Reproduzierbarkeit ist eine zentrale Verwaltung von Software-Programm-Code. Verschiedene Technologien und Plattformen für die Erstellung einer zentralen Code-Verwaltung wurden evaluiert. Bitbucket vom Hersteller Atlassian wurde als die geeignetste Plattform identifiziert. Nach Abschluss des Evaluationsprozesses werden jetzt laufend neue Auswertungs-Software-Pakete in Bitbucket importiert. Sobald alle relevanten Pakete importiert sind, wird die Arbeit mit Bitbucket an das ganze ZWS-Team in einer internen Schulung weitergeben werden.

3.5 Single Step genomische ZWS

Im Jahr 2022 wurde anhand des Versuchsmerkmals Zentralband die allgemeine Single-Step Pipeline weiterentwickelt. Zuerst wurde getestet, ob das aktuelle System der Auswertungen über mehrere Rassen resp. Sub-Populationen (bv mit BS und OB, rh mit HO/RH, SF, SI, MO und weiteren von swissherdbook betreuten Rassen) mit Single-Step weiterhin beibehalten werden kann. Da die Mehr Rassenauswertungen gegenüber nach Rassen getrennten Auswertungen höhere Sicherheiten und weniger verzerrte Zuchtwerte zeigten, konnte diese Frage bejaht werden.

Im Rahmen der Forschungsk Kooperation mit dem „Natural Resources Institute Finland“ (LUKE) wurden am Beispiel Zentralband fünf verschiedene Methoden zur Schätzung der Bestimmtheitsmasse evaluiert. Dabei wurde nicht nur darauf geachtet, dass die Bestimmtheitsmasse der nicht-genotypisierten Tiere durch die Zusatzinformation der genotypisierten Tiere steigen. Vielmehr war es wichtig, dass die Zusatzinformation möglichst wenig Doppelzählung, wie z.B. durch Verwandte, durch Genom- und Pedigree-basierte Modellinformation und durch Korrelation zwischen Merkmalen enthält. Die auf Basis der neusten Erkenntnisse beste Methode (Nr. 5) wurde in unsere Single-Step Pipeline zur Schätzung der Bestimmtheitsmasse eingebaut.

Während der Praktikumsarbeit von Sara Derighetti wurde untersucht, welcher Anteil an Pedigree Verwandtschaft für genotypisierte Tiere eingesetzt werden muss. Diese „residual polygenic genetic“ (rpg) Konstante erlaubt die genetische Varianz, die von den SNP-Markern nicht erfasst wird, zu berücksichtigen. Resultate zeigten, dass eine rpg-Konstante von 5% zu den tiefsten Verzerrungen bei Zuchtwerten und Sicherheiten führt. Zudem sind in Zusammenarbeit mit LUKE effiziente Ansätze für die alle zwei Wochen stattfindende Berechnung von genomischen Zuchtwerten für neu genotypisierte Tiere getestet worden. Erste Resultate zeigen eine sehr hohe Übereinstimmung von vorhergesagten Zuchtwerten aus diesen Zwischenläufen mit jenen aus den vollen Auswertungen. Die Laufzeiten der Zuchtwertschätzungen waren sehr kurz, aber die Berechnung der Bestimmtheitsmasse für die neu genotypisierten Tiere muss angepasst werden. Die Erstellung einer Pipeline für die zweiwöchige genomische Zuchtwertschätzung ist noch im Gange.

Im April 2023 sollen den Zuchtverbänden erste Single-Step Zuchtwerte zugestellt werden. Für diese erste Einführung in Form von Listen wurde der Aufzuchtverlust-Index (CAS) gewählt, da es bis jetzt keine genomischen Zuchtwerte für dieses Merkmal gibt und das Merkmal heute nicht das grösste Gewicht in der Schweizer Zucht hat. Ergebnisse der Entwicklungen für Zentralband wurden auf CAS übertragen und konnten auch gleich validiert werden. Dazu wurde die Stabilität der Zuchtwerte von Routine zu Routine mit historischen Datenständen analysiert. Diese Analyse zeigte einerseits die Wichtigkeit der Definition der genetischen Gruppen und andererseits, dass Single-Step Zuchtwerte stabil sind, vor allem für genotypisierte Tiere.

Als Vorbereitung auf die Einführung der Single-Step Methode für die Produktionsmerkmale muss die konventionelle ZWS vom kanadischen System auf MiX99 umgestellt werden. Arbeiten zur Optimierung der Laufzeiten und des Memorybedarfs sowie der Stabilität der Zuchtwerte und Bestimmtheitsmasse sind abgeschlossen. Aktuell laufende Arbeiten konzentrieren sich auf die Standardisierung von konventionellen Zuchtwerten und der Berechnung der ZW für Fett- und Eiweissgehalt sowie Persistenz.

Die Validierung von geschätzten Zuchtwerten ist im Projekt Single-Step von grosser Wichtigkeit. Ein möglicher Ansatz für die Validierung besteht in der sogenannten "LR"-Methode. In dieser Methode werden Zuchtwerte für eine ausgewählte Gruppe von Tieren (z.B. Selektionskandidaten) einmal anhand eines reduzierten Datensatzes und einmal anhand aller vorliegenden Daten geschätzt. So erhält jedes Tier der ausgewählten Gruppe zwei geschätzte Zuchtwerte. Aufgrund der für die Zuchtwertschätzung verwendeten BLUP-Methode lassen sich für die geschätzten Zuchtwerte gewisse Eigenschaften ableiten. Die Überprüfung dieser Eigenschaften wurde in einem R-Software-Paket umgesetzt, welches in der Entwicklung der Single-Step Auswertungen eingesetzt wird.

3.6 Resilienz

Im Bereich der Resilienz wurde im letzten Jahr ein Konzept, welches an der Universität Wageningen (Holland) entwickelt wurde, mit Schweizer Daten verifiziert: Kühe, die resilient sind können schnell wieder zu einer Normleistung zurückkehren, wenn Umwelteinflüsse ihre Leistungen beeinträchtigen. Mit AMS-Daten konnte für jedes Tier eine individuelle "Norm"-Laktationskurve modelliert werden. Danach wurde verifiziert, wie schnell bei Abweichungen diese Norm wieder erreicht wurde. Mit diesem Phänotyp wurde eine Varianzkomponentenschätzung, mit nachfolgender Zuchtwertschätzung durchgeführt. Es wurden mittlere Heritabilitäten (~ 0.30) realisiert, die auch mit den holländischen Resultaten korrespondieren.

In einem abschliessenden Schritt müssen nun noch die Zusammenhänge zu Gesundheits- und evtl. Fruchtbarkeitszuchtwerten verifiziert werden.

3.7 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 Informationen zur Modellierung verschiedener Umwelteinflüsse im Modell der Zuchtwertschätzung Nutzungsdauer geliefert. Nach einer ersten Diskussion der provisorischen Resultate der Modellrechnungen zu den Einflüssen auf die Nutzungsdauer

wurde eine ergänzende Datenlieferung nötig, damit anlässlich des Begleitgruppentreffens von Ende September bei Agridea für alle Rassen plausible Resultate präsentiert werden konnten.

3.8 Gesamtzuchtwert mit Produktionsmodell Fleischrassen

Der Gesamtzuchtwert für Fleischrassen soll für die Produktionssysteme "Beef-on-Beef" (Zucht- und Produktionsbetriebe in der Mutterkuhhaltung) und "Beef-on-Dairy" (Einsatz von Fleischrinderstieren auf Milchkühe und Zweinutzungsrasen) unterschiedlich definiert werden. Für das Produktionssystem "Beef-on-Beef" wurden für alle Zuchtwertschätzungsrasen wirtschaftliche Gewichte für alle Merkmale in der Zuchtwertschätzung berechnet (Geburts-, Absatz- und Schlachtmerkmale). Als Fleisch-Absatzkanal wurde aktuell das Natura-Beef berücksichtigt. Bei "Beef-on-Dairy" wurde zwischen den drei Absatzkanälen Tränkekälber, Kälbermast und Grossviehmast unterschieden. Als Vaterrassen wurden die reinen Fleischrassen Limousin und Angus und die Zweinutzungsrasen Original Braunvieh und Simmental ausgewählt. Als Mutterrasen wurden Brown Swiss und Holstein und die beiden Zweinutzungsrasen (nur Reinzucht) unterschieden. Wirtschaftliche Gewichte wurden über alle Kombinationen von Absatzkanälen und Rassen für Geburts- und Schlachtmerkmale sowie Trächtigkeitsdauer berechnet. Die Resultate wurden im November 2022 der Forschungskommission der ASR vorgestellt.

3.9 SWISSCOW 2.0

Dieses interdisziplinäre Forschungsprojekt soll auf Basis der im letzten Jahrzehnt in der Schweiz akkumulierten DNA-basierten SNP-Genotypisierungsdaten von über 125 Tausend Rindern aller Milchvieh- sowie einiger Mutterkuhrassen neue Erkenntnisse und praxistaugliche Selektionswerkzeuge liefern. Damit werden züchterische Massnahmen ermöglicht, mit denen die Fruchtbarkeit verbessert und Reproduktions- und Aufzuchtverluste vermieden werden. Gemeinsam mit der Gruppe Tiergenetik der VetSuisse Fakultät der Universität Bern und der Gruppe Tiergenomik der ETH Zürich sollen folgende grundlagenwissenschaftliche Fragen beantwortet werden: In welchem Ausmass kommen unerwünschte Allele in den schweizerischen Rinderpopulationen vor, welche genetischen Varianten erklären die vererbten Merkmale und Krankheiten, und wie manifestieren sich Allele, die ein Defizit an Homozygotie aufweisen. Ferner sollen weitere, unmittelbar praxisrelevante Fragen bearbeitet werden: Wie kann die stetig zunehmende genetische Information für verschiedenste Eigenschaften kombiniert werden, um langfristig das Auftreten unerwünschter genetischer Besonderheiten zu reduzieren und wie sollte ein ideales praxistaugliches digitales Werkzeug aussehen, mit dem die Information über eine Vielzahl an genetischen Besonderheiten in Echtzeit unmittelbar vor geplanten Anpaarungen berücksichtigt werden kann. Dabei sollen einerseits aktuelle genetisch statistische Ansätze sowie andererseits Genomsequenzdaten kombiniert zum Einsatz kommen. Das Projekt verspricht eine direkte Förderung der Tiergesundheit, des Tierwohls und der Wirtschaftlichkeit für die Schweizer Rinderzucht. Nach der erfolgreichen Beurteilung des Projektantrags Anfang 2022 wurden im Herbst eine grundlegende Auslegeordnung erarbeitet, bei der die Umsetzung der einzelnen Teilprojekte geplant wurde.