

Forschung und Entwicklung des Fachbereiches Zuchtwertschätzung der Qualitas AG im Jahr 2015

1 Allgemeines

1.1 Mitarbeit in Fachgremien

Mitarbeitende der Qualitas AG sind in folgenden Fachgremien vertreten:

- Kommission Agrarproduktion und Umwelt der SVIAL (U. Schnyder)
- Leitungsgremium Profi-Lait (U. Schnyder)
- Expertengruppe tiergenetische Ressourcen des BLW (J. Moll)
- Swiss Animal Breeding Technology Platform (J. Moll und U. Schnyder)
- Vorstand Schweizerische Vereinigung für Tierproduktion (B. Gredler)
- Management Committee EU-Cost Action Methagene (Ersatzmitglied, B. Gredler)
- Forschungsausschuss ASR (J. Moll und U. Schnyder)
- EAAP Commission on Animal Genetics (Industry Representative, B. Gredler)
- ICAR working group Feed and Gas (B. Gredler)

1.2 Teilnahme an Fachtagungen und Weiterbildungskursen

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

- Interbull Technical Workshop & Industry-Meeting, 24.-25.02.2015, Verden, Deutschland
- Synbreed Colloquium "Understanding and predicting complex traits through genome discovery", 4. – 6. 3.2015, Weihenstephan, Deutschland
- Frühjahrstagung der Schweizerischen Vereinigung für Tierproduktion, 9.04.2015, HAFL Zollikofen, Schweiz
- Final OptiMIR Scientific and Expert Meeting, 16.-17.4.2015, Namur, Belgien
- 31. Europäischer Simmentaler Fleckviehkongress, 16.-19.04.2015, Thun, Schweiz
- Maitagung ETH 2015: Gesunde und leistungsfähige Nutztiere: Futter an Genotyp oder Genotyp an Futter anpassen?, 13.05.2015, ETH Zürich, Schweiz
- Livestock Research Group Network Meeting, 4.-5.06.2015, Reading, UK
- Swiss Animal Breeding Technology Platform (SABRE-TP) Workshop, 18.06.2015, Zug, Schweiz
- Interbull-Meeting, 9.-12.07.2015, Orlando, Florida, USA
- ADSA – ASAS Joint Annual Meeting, 12.-16.07.2015, Orlando, Florida, USA
- Podiumsdiskussion "Vom Nutztier zur eierlegenden Wollmilchsau", 20.08.2015, Aarau, Schweiz

- 66. Jahrestagung der Europäischen Vereinigung für Tierproduktion (EAAP), 31.08.-4.09.2015, Warschau, Polen
- Winterschool Gene2Farm, 3.-6.02.2015, Università cattolica Piacenza
- Winterschool Gene2Farm, 9.-13.11.2015, Università cattolica Piacenza
- Europäisches Rotbunttreffen, 7.-8.09.2015, Tramelan, Schweiz
- METHAGENE Training School on "Large scale methane data handling, analysis and interpretation, 23.-25.09.2015, Posen, Polen
- RuminOmics Regional Workshop Lodi, 5.-6.10.2015, Lodi, Italien
- Annual Methagene Workshop and Management meeting, 7.-9.10.2015, Wageningen, Niederlande
- AgroCleanTech-Expertenworkshop "klimafreundliche Milchproduktion", 3.11.2015, Bern
- Short term Scientific Mission "Prediction of CH₄ emission in Swiss dairy cows based on a milk MIR prediction equation", Forschungsaufenthalt, 14.-18.12.2015, Gembloux, Belgien

1.3 Publikationen und Vorträge

- Kurs Zuchtwertschätzung, 27. – 30. Januar 2015, Zug
- Baes C.F., Bapst B., Berweger M., Gredler B., Schnyder U., Schuler U., Seefried F., Moll J. Genomische Selektion Braunvieh Akademie 2015, 3., 5., 11., 13. Februar 2015, Cham / Flawil / Landquart / Seedorf, Switzerland
- Baes, C.F., Bapst B., Seefried F.R., Flury C., Signer-Hasler H., Garrick D., Stricker, C., Schmitz-Hsu F., Gredler B. Genomic evaluation of female fertility in Brown Swiss dairy cattle. Jahrestagung Physiologie und Pathologie der Fortpflanzung (Februartagung 2015), 11th-13th February 2015, Zürich, Switzerland
- Baes C.F., Bapst B., Flury C., Signer-Hasler H., Stricker C., Fernando R., Garrick D.J., Schmitz-Hsu F., Fries R., Gredler B. Across-breed imputation with whole genome sequence data in dairy cattle. Gordon Research Conference on Quantitative Genetics and Genomics, 21st February 2015, Lucca, Italy
- Butty, A., Moll, J., Neuenschwander, S., Baes, C., Seefried, F. Genetic Analysis of Hyperthelia in Brown Swiss Cattle. Poster SVT-Tagung, 9.4.2015, HAFL, Zollikofen.
- Baes, C., Seefried, F., Bapst, B., Flury, C., Signer-Hasler, H., Garrick, D., Stricker, C., Gredler, B. Using whole genome sequence data for across-breed imputation in dairy cattle. Poster SVT-Tagung, 9.4.2015, HAFL, Zollikofen.
- Baes, C., Bapst, B., Seefried, F., Signer-Hasler, H., Flury, C., Garrick, D., Stricker, C., Gredler, B. Imputation using whole-genome sequence data in Brown Swiss and Original Braunvieh. JAM 2015, Orlando, Florida.
- Baes, C., Gredler, B., Bapst, B., Seefried, F., Signer-Hasler, H., Flury, H., Stricker, C., and Garrick, D. A comparison of short and long range phasing methods. Book of Abstracts of the 66th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, 31 August – 4 September, 2015, Warschau, Polen.

- Bapst, B., Baes, C., Seefried, F., Dolezal, M., Flury, Ch., Signer-Hasler, H., Garrick, D., Stricker, Ch., Sölkner, J., Bagnato, A., Russ, I., Potocnik, K., and Gredler, B. Genome-wide association studies for fertility traits in Brown Swiss cattle using single SNP regression and Bayesian approaches applied to high-density SNP array (and Sequence) information. JAM 2015, Orlando, FL
- Bapst, B. LowInputBreeds: Ein grosses Projekt – vielfältige Erkenntnisse. CHbraunvieh 4/2015, 4-5
- Bapst, B. Meeting in Florida, Interbull- und Wissenschafts-Jahreskonferenz. swissherdbook bulletin, 7/15, 14-15
- Bapst, B. Mehr als nur Alligatoren ... Bericht vom Interbullmeeting. CHbraunvieh 8/2015, 46-47
- Bapst, B. Zuchtwertschätzung Dezember 2015. CHbraunvieh 10/2015, 12-13
- Bapst, B. Zuchtwertschätzung bei Milchschaften und Ziegen. 20./22.11.2015. Vortrag an der Suisse Tier, Luzern.
- Bapst, B. 2-Org-Cows - Eignung von Zweinutzungsrasen für Biobetriebe. Vortrag SABRE-TP Treffen 18.06.2015. Zug
- Berweger M. Zuchtwertschätzung April 2015. CHbraunvieh 4/2015, 14-15
- Grandl, F., Bapst, B., Gredler, B. Gesundheit und Effizienz – Neue Merkmale für die Zucht. CHbraunvieh 07/2015, 4-6.
- Grandl, F., Bapst, B., Gredler, B. Gesundheit und Effizienz – Neue Merkmale für die Zucht. Swissherdbook bulletin 06/2015, 32-33.
- Gredler, B., Bapst, B., Moll, J. Eine Kuh für alle? Zuchtziele in der Schweizer Milchviehzucht. Maitagung der ETH „Gesunde und leistungsfähige Nutztiere: Futter an Genotyp oder Genotyp an Futter anpassen? 13. Mai 2015, ETH Zürich.
- Gredler, B. Enthält die Milch mehr Informationen als Fett, Eiweiss und Zellzahl? CHbraunvieh 07/2015, 9.
- Gredler, B. Enthält die Milch mehr Information? Milchinfrastrukturspektren für neue Merkmale. swissherdbook bulletin 07/15, 34.
- Gredler, B. Zuchtwertschätzung August 2015. CHbraunvieh 07/10-11.
- Gredler, B. GHG emissions - Perspective from cattle breeding in Switzerland. Presentation Workshop RuminOmics Regional Workshop, 5-6 October, 2015, Lodi, Italy.
- Moll, J. Genomische Selektion. HF und BLS LBBZ Schluechthof, 08.01.2015, Cham.
- Moll, J. Gesund durch Zucht – Gesundheitsdatenerfassung beim Schweizer Milchvieh. SVT Frühjahrstagung, 09.04.2015, Zollikofen
- Moll J. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. Gastvorlesung ETHZ, 15.04.2015, Zürich
- Moll J. Wie kann eine positive Rassenentwicklung erreicht werden? Vorstandsseminar Braunvieh Schweiz, 25.08.2015, Eich LU
- Schmid M. Hoher GZW des Vaters lässt Kälber eher leben. CHbraunvieh 7/2015, 26-27
- Schnyder U. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. Gastvorlesung HAFL, 22. Mai 2015, Zollikofen

- Schnyder U. Neues von der Qualitas AG. AGRIDEA/SVIAL-Kurs „Aktuelles aus Rindvieh- und Schweinehaltung“, 24. September 2015, Zollikofen
- Schuler U. Basisdefinition ist wichtig. swissherdbook bulletin 3/2015, 12-13
- Seefried, F. Genomische Zuchtwertschätzung für Schweizer Simmentaler – quo vadis. Europ. Simmentalkongress, 17.03.2015, Thun
- Seefried, F. OB Genomik- die Richtung stimmt. CHbraunvieh 08/2015
- Signer-Hasler H., Gredler, B., Burren, A., Neuditschko, M., Bapst, B., Baes, C., Garrick, D., Stricker, C., Flury, C. Genetische Diversität bei Schweizer Rinderrassen. Poster SVT-Tagung, 9.4.2015, HAFL, Zollikofen.
- Signer-Hasler, H. Gredler, B., Neuditschko, M., Burren, A., Baes, C., Bapst, B., Garrick, D., Stricker, C., and C. Flury. Genetic diversity in Swiss cattle breeds. Book of Abstracts of the 66th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, 31 August – 4 September, 2015, Warschau, Polen.
- Vanlierde, A., Vanrobays, M.-L., Dehareng, F., Froidmont, E., Gengler, N., McParland, S., Grandl, F., Kreuzer, M., Gredler, B., Soyeurt, H., and Dardenne, P. Can chamber and SF6 CH4 measurements be combined in a model to predict CH4 from milk MIR spectra? Book of Abstracts of the 66th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, 31 August – 4 September, 2015, Warschau, Polen.
- Vanlierde, A., Vanrobays, M.-L., Dehareng, F., Froidmont, E., Soyeurt, H., McParland, S., Lewis, E., Deighton, M.H., Grandl, F., Kreuzer, M., Gredler, B., Dardenne, P., Gengler, N. Innovative lactation-stage-dependent prediction of methane emissions from milk mid-infrared spectra. J. Dairy Sci. 98, 5740-5747, 2015

2 Abgeschlossene Projekte

2.1 Gemeinsame ZWS swissherdbook – SHZV

Mit dem Projekt zur Entwicklung einer gemeinsamen ZWS für die Rassen von swissherdbook und des Schweizerischen Holsteinzuchtverbands (SHZV), wurden die Zuchtwertschätzungsmodelle der beiden Zuchtorganisationen für sämtliche Merkmale zusammengeführt. Nachdem die Entwicklung der traditionellen Zuchtwertschätzungen mit der erfolgreichen Teilnahme am Interbull-Testlauf vom Januar 2015 abgeschlossen werden konnte, wurde die SNP-Effektschätzung für die genomische ZWS an die neue Datengrundlage angepasst. Im April 2015 wurden für die Holsteintiere beider Zuchtorganisationen erstmals offizielle Zuchtwerte auf der neuen gemeinsamen Basis publiziert. Dabei kamen zunächst noch die alten Publikationsbedingungen, aber bereits die neue gemeinsame Definition der Selektionsindices ISET (Index Selektion Total), IPL (Index Produktion Leistung), IFF (Index Funktionalität/ Fruchtbarkeit) und ITP (Index Typ) zur Anwendung. Im August wurde dann das neue Zuchtwert-Publikationskonzept eingeführt. Kernstück dieses Konzeptes ist, dass jedes Tier für alle Merkmale Zuchtwerte erhält. Die bisherigen Publikationsbedingungen wurden abgeschafft und durch Anforderungen

an ein Qualitätslabel (ZW-Label) ersetzt. Der jeweils genaueste verfügbare Zuchtwert wird mit einem ZW-Label (A, CH, I, GA, G, GI) versehen und publiziert. Für Tiere ohne Nachkommen oder Eigenleistung werden Abstammungszuchtwerte berechnet und ausgewiesen. Diese fliessen auch in die Berechnung der Selektionsindices ein. Im April 2016 soll das neue Publikationskonzept auch für Braunvieh Schweiz eingeführt werden.

2.2 Erstauswertung Gesundheitsdaten

Mit den Gesundheitsdaten wurden 2015 erste Analysen durchgeführt. Ziel war es die Machbarkeit einer Zuchtwertschätzung für direkte Gesundheitsmerkmale zu beurteilen und Informationen über die Menge und die Qualität der erfassten Gesundheitsdaten zu gewinnen. Es konnte die Erkenntnis gewonnen werden, dass der Anteil der Betriebe die Gesundheitsdaten erfassen tief (unter 20%) ist, wobei Prüfbetriebe Gesundheitsdaten besser erfassen als die übrigen Betriebe. Aufgrund der geringen Datenmenge ist zu erwarten, dass aus Zuchtwertschätzungen für Gesundheitsmerkmale Zuchtwerte mit ziemlich tiefen Sicherheiten resultieren würden. Darüber hinaus wurde die Gesundheitsdatenerfassung von Betrieben, die beim Projekt Netzwerk Rindergesundheit (PNRG) teilnehmen, mit derjenigen der übrigen Betriebe verglichen. PNRG-Betriebe erfassen im Allgemeinen mehr Diagnosen als Nicht-PNRG-Betriebe, wobei dies nicht über alle Organsysteme hinweg konsistent ist.

2.3 GWAS Zusatzzitzen Braunvieh

20% der weiblichen Brown Swiss Population hat mehr als 4 Zitzen. Im Rahmen einer Masterarbeit (Adrien Butty, ETH Zürich) wurde das Merkmal Zusatzzitzen genetisch charakterisiert. Vorab wurden phänotypische Analysen, sowie eine Varianzkomponentenschätzung durchgeführt. Dabei wurde eine moderat hohe Erbllichkeit aufgezeigt. Mittels genomweiten Assoziationsstudien (GWAS) wurden mögliche kausale Regionen im Erbgut des Rindes entdeckt. Diese liegen auf den Chromosomen 5, 11, 14, 17, 20 und 21. Abschließend wurden die Ergebnisse mit Kuh-Genotypen bzw. Phänotypen validiert. Basierend auf diesen Ergebnissen wäre eine Einführung einer konventionellen bzw. genomischen Zuchtwertschätzung möglich und sinnvoll.

2.4 Kurs Zuchtwertschätzung

Im Januar 2015 bot Qualitas Mitarbeitenden von Zucht- und KB-Organisationen einen viertägigen Weiterbildungskurs zum Thema Zuchtwertschätzung an. Insgesamt nutzten 21 Kursbesucher dieses Angebot. Der Kursinhalt umfasste die allgemeinen Grundlagen der Genetik, die Begriffe Verwandtschaft und Inzucht, den Zusammenhang zwischen Selektion und Zuchtfortschritt und die Grundlagen der BLUP-Zuchtwertschätzung und der genomischen Selektion. Grosser Wert wurde dabei auf den praktischen Bezug zu den in der Schweiz angewendeten Verfahren gelegt. Die Kursteilnehmer waren sehr interessiert und beurteilten den Kurs bezüglich Qualität und Weiterempfehlung als gut bis sehr gut.

3 Laufende Projekte

3.1 Sequenzieren von Schlüsseltieren von Schweizer Rinderrassen

Das Projekt zur Entwicklung einer genomischen Zuchtwertschätzung basierend auf Sequenzdaten unter dem Titel "Swiss low input genetics" (SLIG) läuft seit August 2013. Dem Projekt stehen die von der ASR sequenzierten 65 Schlüsselstiere (33 Braunvieh/ Brown Swiss/Original Braunvieh und 32 (Rote) Holstein/Swiss Fleckvieh/Simmental) in Form von Binary Alignment Mapping Dateien zur Verfügung. Als Partner im 1000 Bull Genomes Projekt hat Qualitas AG auch Zugang zu allen sequenzierten Tieren im Projekt in Form von Variant Calling Dateien. Zur Zeit liegen Sequenzinformationen von 1'577 *Bos taurus* Tieren aus etwa 33 Rassen vor. Anhand dieser Daten wurden für Braunvieh, Simmental und Holstein verschiedene Szenarios zur Imputation von HD Daten auf Sequenzdaten evaluiert. Von den getesteten Programmen lieferte Minimac die besten Resultate. Wobei alle Programme Genauigkeiten um 90% und mehr aufwiesen. Rund 35'000 Tiere, für welche HD imputierte Genotypen vorlagen, wurden auf Sequenzebene imputiert. Anhand dieser Daten werden Genomweite Assoziationsstudien (GWAS) durchgeführt. Für die genomische Zuchtwertschätzung basierend auf Sequenzdaten werden verschiedene SNP Dichten in Kombination mit Informationen aus den GWAS evaluiert.

3.2 Genomische Selektion: Weiterentwicklungen / Optimierungen

Im Rahmen der Genomischen Selektion wurden interne Prozesse optimiert, verbessert und weiter entwickelt. Dadurch wurde eine Verdoppelung des vorher praktizierten monatlichen Rhythmus möglich. Seit Ende 2015 wird nun 2x pro Monat imputiert, bzw. genomische Zuchtwerte geschätzt. Zu den Weiterentwicklungen zählen die Validierungen von Ahnen aus der 3. Generation, bzw. die Validierung von eineiigen Zwillingen auf SNP-Basis. Im vierten Quartal wurde das Projekt „Probentracking“ lanciert. Dies hat das Ziel einer weiteren Automatisierung des genomischen Prozesses.

3.3 GMACE und Intergenomics

3.3.1 GMACE

Ziel von GMACE ist es, genomische Zuchtwerte aus den teilnehmenden Ländern auf die Zuchtwertskalen aller an der internationalen Zuchtwertschätzung (MACE) von Interbull für die Holsteinrasse beteiligten Länder umzurechnen. Im Jahr 2015 haben sich die Aktivitäten von Qualitas darauf beschränkt, nach jedem Routine-Lauf die GMACE-Resultate auf der CH-Skala zusammenzustellen. Nach der Umsetzung des Genotypenaustauschs mit CDDR soll die Teilnahme bei GMACE im Jahr 2016 wieder geprüft werden.

3.3.2 Intergenomics

Die Umsetzung von Intergenomics 2.0 ist weiterhin hängig. Der Genotypendatensatz (Stand Dezember 2015) wurde weiter ausgebaut und die Zusammensetzung sieht aktuell wie folgt aus:

<i>Herkunft</i>	AUT/DEU	CHE	FRA	ITA	SVN	USA	Total
<i>Anzahl</i>	7'967	5'987	645*	2'528	358	1'841	19'326*

* Bedingt durch einen Verarbeitungsfehler in Frankreich konnten nicht alle FRA-Genotypen verarbeitet werden. Demzufolge nahm die Anzahl der franz. Genotypen, im Vergleich zu 12.2014, ab und das aktuelle Total ist tiefer, als es in Wirklichkeit wäre.

3.4 Genomische Selektion Simmentaler und Swiss Fleckvieh

Im Rahmen der gemeinsamen Zuchtwertschätzung wurde für die Rasse SF eine separate Validierung der genomischen ZW eingeführt. Weitere Auswertungen zur Genauigkeit der Genomik wurden auch für die Rasse Simmental durchgeführt. Dafür konnten Genotypen / Phänotypen aus dem Projekt Gene2Farm berücksichtigt werden. Erste Auswertungen haben gezeigt, dass dank dieser internationalen Daten der Rasse Simmental in den Milchproduktionsmerkmalen eine Einführung der Genomik möglich ist. Zur Vervollständigung des Trainingsdatensatzes wurden daher im vierten Quartal weitere 300 Simmental Stiere genotypisiert. Mit diesen Daten soll die Genauigkeit der Genomik Simmental neu evaluiert werden.

3.5 Analyse Acetondaten Suisselab

Suisselab untersucht auf dem MilkoScan Aceton- und BHB-Werte. Das Ziel ist, die relativ aufwendige Aceton-Analyse auf dem Autoanalyser zu ersetzen bzw. mindestens umfangmässig zu reduzieren. Im Oktober 2014 wurden die MilcoScan gemäss der Geräteanleitung von Foss neu kalibriert. Die seither erfassten Daten wurden im Frühjahr 2015 ausgewertet. Die Korrelationen zwischen den Autoanalyser- und den MilcoScan-Werten waren tiefer als die Literatur es erwarten liess. Eine Auswertung mit mehr Daten im Herbst 2015 ergab nur leicht höhere Korrelationen. Auf dieser Basis sind die Analysen zu wenig aussagekräftig, um sie als Dienstleistung anzubieten.

Aus diesem Grund wird 2016 das Projekt "Die Erfassung des Stoffwechselstatus bei der Milchkuh durch den BHB-Aceton-Wert mit FTIR bei der Milchkontrolle" in Zusammenarbeit mit der Uni Bern, Prof. R. Bruckmaier, gestartet. Darin sollen neben Milchproben auch Blutproben auf BHB und Aceton untersucht werden und damit die Aussagekraft der Milkoscan-Analysen bezüglich Ketonkörpergehalt des Bluts überprüft werden.

3.6 Haplotypen mit Einfluss auf Fruchtbarkeit und Lebensfähigkeit?

Haplotypen mit Einfluss auf Fruchtbarkeit bzw. Überlebensfähigkeit sind bei den Rassen BV/BS (BH2), RH/HO (HH1, HH2, HH3, HH4, HH5) und Jersey (JH1) bekannt. Ausser für HH2 und HH5 stehen für alle genannten Haplotypen inzwischen direkte Gentests zur Verfügung. Des Weiteren wurde durch das vit Verden ein letaler Haplotyp aus dem Cholesterinstoffwechsel (CD) berichtet. In Zusammenarbeit mit dem vit wurde der Haplotypentest für CD in der Schweiz

erfolgreich validiert und eingeführt. Für HH2 wurde ebenfalls ein Haplotypentest eingeführt. Erste Auswertungen bei den nationalen Schweizer Rassen (Original Braunvieh, Simmentaler) wurden durchgeführt.

3.7 Gene2Farm

Die im Projekt Gene2Farm generierten Genotypen- und Sequenzdaten der Rassen Braunvieh und Simmental wurden ins eigene genomische System übernommen und stehen so für Routinearbeiten zur Verfügung. Des Weiteren wurde die Genauigkeit einer genomischen Zuchtwertschätzung für das Schweizer Simmentaler Fleckvieh eruiert (siehe 3.4). Die Projektpartner haben im Laufe des Jahres software entwickelt und zur Verfügung gestellt. Diese wurde getestet und validiert.

3.8 Infrarotspektren CombiFoss

Nach den vielversprechenden ersten Resultaten aus der Zusammenarbeit bei der Auswertung von Milch-MIR-Spektren zur Schätzung von Methanemissionen im Jahr 2014, hat Qualitas weitere Methanmessungen aus einem weiteren ETH-Versuch sowie von Agroscope Posieux erhalten. Diese werden gemeinsam mit den belgischen Partnern analysiert. Mit der Intensivierung der Zusammenarbeit wurde auch die Teilnahme an der Standardisierung der Milchanalysegeräte notwendig. Resultate aus einem EU-Projekt (OptiMIR) zeigten, dass für eine Nutzung der MIR-Spektren für neue Merkmale, die in Zusammenarbeit mit verschiedenen Partnern validiert werden, eine Standardisierung der von den Geräten ausgegebenen rohen Spektraldaten notwendig ist. Diese wird von einer Nachfolgeorganisation des OptiMIR-Konsortiums durchgeführt. Qualitas bzw. Suisselab nahmen bisher ausserordentlich an den monatlichen Standardisierungsrunden teil, eine routinemässige Standardisierung (11x pro Jahr) aller CombiFoss-Geräte ist sehr empfehlenswert, um Auswertungen mit den MIR-Spektren aus der Routinemilchleistungsprüfung durchführen zu können. Bei einem einwöchigen Forschungsaufenthalt in Belgien wurden weitere Analysen zur Methanschätzung durchgeführt, sowie die Nutzung von Milch-MIR-Spektren für andere Merkmale diskutiert.

3.9 Copy number variation in Brown Swiss cattle

Braunvieh Schweiz stellte für das Dissertationsprojekt von Raphaele Prinsen (Uni Mailand) zur Analyse von Copy Number Variations (Kopienzahlvariationen) beim Braunvieh rohe Illumina BovineHD Genotypen von etwa 1400 Stieren und Kühen zur Verfügung. In einer ersten Studie wurden Copy Number Variations mit verschiedenen Programmen (GoldenHelix, PennCNV) identifiziert. In einem nächsten Schritt werden genomweite Assoziationsstudien mit CNV für wichtige Merkmale durchgeführt werden. Zu diesem Zweck hat Braunvieh Schweiz deregressierte Zuchtwerte für verschiedene Merkmale (Milch-kg, Eiweiss-kg, Fett-kg, Zellzahlen, Eutermerkmale) zur Verfügung gestellt.

3.10 Core Organic - 2-ORG-COWS

Zusammen mit 8 europäischen Partnern, unter der Leitung der Universität Kassel (Prof. Sven König), nimmt Qualitas im European Research Network (ERA-Net) Core Organic am Projekt 2-ORG-COWS teil, welches die Eignung von Zweinutzungsrassen für biologische und graslandbasierte Produktionssysteme untersuchen soll. Für das Projekt konnte Qualitas jeweils einen Betrieb mit Original Braunvieh bzw. Simmentaler Kühen gewinnen. Auf diesen Betrieben werden bis ca. Mitte 2017 verschiedene Merkmale an den Kühen erhoben, sowie die Betriebscharakteristika (Fütterung, Wetterdaten, Management, ...) erfasst und gemeinsam mit den Projektpartnern ausgewertet. Der Schwerpunkt liegt dabei auf funktionalen, qualitäts- und umweltrelevanten Merkmalen. Genetische Auswertungen für Merkmale, die für oben genannte Produktionssysteme relevant sind, starten im Frühling 2016. Qualitas ist in beiden Bereichen tätig und hat zudem im zweiten Teil die Leitung eines Work Packages inne. Die Auswertungen bei Qualitas AG werden sich vor allem auf die Schätzung von Genotyp x Umwelt Interaktionen konzentrieren.

3.11 Genotypenaustausch mit CDDR

Nach mehrjährigen Verhandlungen konnten swissherdbook und der Schweizerische Holsteinzuchtverband im September 2015 einen Zusammenarbeitsvertrag mit CDDR (Cooperative Dairy DNA Repository) unterzeichnen. Dieser verspricht den Zugang zu sämtlichen SNP-Genotypen von Holsteinstieren, welche sich im Besitz dieses nordamerikanischen Konsortiums befinden. Technisch wird der Austausch über das CDCB (Council on Dairy Cattle Breeding) abgewickelt, welches in den USA für die Zuchtwertschätzung zuständig ist. Die Vorarbeiten waren Ende 2015 soweit fortgeschritten, dass der erste Austausch unmittelbar bevorstand.

3.12 Neue Varianzkomponenten Braunvieh

Basierend auf den Erfahrungen und Entwicklungen aus dem Anfang 2015 abgeschlossenen Projekt „Gemeinsame ZWS swissherdbook – SHZV“ wurden die Zuchtwertschätzungen Produktion und Geburtsablauf von BVCH überarbeitet.

3.12.1 Produktionsmerkmale (RRTDM)

Es wurden neue genetische Parameter für die Merkmale Milch kg, Fett kg, Eiweiss kg und Zellzahl geschätzt. Gegenüber der Schätzung von 2003 sind die Varianzen für Milch, Fett und Eiweiss gestiegen, für Zellzahl etwa gleich geblieben bzw. gesunken. Insgesamt stimmten die neuen Werte mit den bisherigen gut überein.

Im Anschluss an die Parameterschätzung wurde mit den neuen Varianzen/Kovarianzen eine Zuchtwertschätzung durchgeführt. Am Modell, den genetischen Gruppen und den Vorkorrekturen für die Trächtigkeitsdauer wurde nichts geändert. Einzig bei der Definition der fixen Laktationskurven wurden vier und nicht wie bisher drei Kalbejahrklassen unterschieden. Weiter wurden die OB-Kühe aus der Basis ausgeschlossen (nur BV-/BS-Kühe der Basisjahrgänge). Die Korrelationen zwischen den bisherigen und neuen Zuchtwerten lagen durchwegs über 0.99.

Die mit den neuen Parametern geschätzten Zuchtwerte für die Produktion wurden in den Interbull Testlauf vom Januar 2016 geschickt und erfolgreich validiert.

3.12.2 Geburtsverlauf

Durch den Wechsel der Datenerhebung von der BGM-Karte zur Tierverkehrsdatenbank (TVD) haben sich in der Übergangszeit einige Lücken und Unregelmässigkeiten bei den Daten ergeben. In der Zwischenzeit hat sich die Meldung der Geburten und Abgänge bei der TVD gut etabliert. Im Rahmen einer Überarbeitung der ZWS Geburtsablauf Braunvieh wurden die folgenden Punkte abgehandelt:

- Berücksichtigung des TVD-Abgangsdatums für die Definition der Totgeburten
- Abgänge bis 48 Stunden nach der Geburt als Totgeburten zählen
- Ausschluss von alten Daten (Geburten vor Juli 2001) und von Mehrlingsgeburten

Mit den modifizierten Daten wurden neue Parameter für die Merkmale Trächtigkeitsdauer (TD), Normalgeburten (NG), Lebendgeburten (LG) und Geburtsgewicht (GG) (je direkt und maternal) geschätzt. In der untenstehenden Tabelle sind die neuen genetischen Korrelationen (oberhalb Diagonale) und Heritabilitäten (Diagonale) aufgeführt.

Heritabilitäten (Diagonale) und genetische Korrelationen

	TDd	NGd	LGd	GGd	TDm	NGm	LGm	GGm
TDd	0.520	-0.50	-0.06	0.51	0.72	-0.14	0.10	0.20
NGd		0.031	-0.10	-0.95	-0.25	0.44	-0.06	-0.60
LGd			0.007	0.20	0.05	0.04	0.61	0.25
GGd				0.113	0.25	-0.41	0.08	0.61
TDm					0.144	-0.25	0.02	0.47
NGm						0.018	0.50	-0.49
LGm							0.006	0.03
GGm								0.051

Im Anschluss an die Varianzkomponentenschätzung wurden mit den neuen Parametern Zuchtwerte geschätzt. Die vorgenommenen Massnahmen führten zu deutlichen Veränderungen bei den Zuchtwerten. Die überarbeitete ZWS Geburtsablauf wurde im Interbull-Testlauf vom Januar 2016 erfolgreich validiert.

3.13 ZWS LBE Fleischrassen

Mutterkuh Schweiz führt seit 2000 lineare Beschreibung und Klassierung (LB) bei Fleischrindern durch. Mit den dabei erhobenen Daten wurden im Rahmen dieses Projekts erstmals Varianzkomponenten- und Zuchtwertschätzungen gemacht. In einer ersten Phase wurden dabei LB-Daten von der Datenbank exportiert und plausibilisiert. Danach wurden für genetische Auswertungen geeignete Daten

selektiert und mögliche Modelle evaluiert. Die Merkmale wurden dann in sinnvolle Blöcke gruppiert und innerhalb dieser Blöcke wurden Parameter geschätzt. Mit den resultierenden Parametern wurden schliesslich Zuchtwerte geschätzt. Des Weiteren wurde ein Index konstruiert, mit dem mehrere Fleischigkeitsmerkmale kombiniert werden können.

Als Beispiel sind in der folgenden Tabelle die Heritabilitäten (Diagonale) und genetischen Korrelationen (oberhalb Diagonale) der bei der LB erhobenen Fleischigkeitsmerkmale aufgeführt

Heritabilitäten (Diagonale) und genetische Korrelationen

	Kondition	Schulter	Lenden	Stotzenrundung	Stotzenlänge
Kondition	0.12	0.84	0.83	0.69	0.60
Schulter		0.15	0.91	0.86	0.83
Lenden			0.15	0.75	0.71
Stotzenrundung				0.18	0.78
Stotzenlänge					0.10

Der grösste Teil der Arbeiten bei diesem Projekt wurde von Sophie Kunz im Rahmen ihres Praktikums bei Qualitas AG gemacht.

3.14 Fehlermerkmale LBE

Im Rahmen der gemeinsamen Zuchtwertschätzung von Swissherdbook und Holsteinzuchtverband sollen auch die Fehlermerkmale aus der LBE ausgewertet werden. Im Jahr 2008 kauften die Zuchtverbände von Canadian Dairy Network ein Programm zur phänotypischen Auswertung dieser Fehlermerkmale, setzten es bisher jedoch nicht in der Routineauswertung ein. Das Programm ist sehr flexibel bezüglich Anzahl Merkmalen und kann deshalb mit kleinem Aufwand an verschiedene LBE-Schemen angepasst werden. Die Datenaufbereitung wurde neu programmiert und erste Auswertungen für die Rassen Holstein/Red Holstein, Swiss Fleckvieh und Simmentaler vorgenommen. Im Jahr 2016 sollen Detailfragen bezüglich Publikation der Resultate und Verwendung rassenfremder Töchter von Stieren geklärt und die Routineschätzung programmiert werden. Weiter soll der Einsatz des Programms auch für Braunvieh abgeklärt und allenfalls umgesetzt werden.

3.15 Weide-/Effizienzindex Holstein

Nachdem für Fleckvieh und Braunvieh die Futterverwertungseffizienz über die Körpergrösse als Selektionsmerkmal in den Gesamtzuchtwert bzw. Weideindex aufgenommen wurde, soll dieses Merkmal nun auch für Holstein/Red Holstein bearbeitet werden. In den letzten Jahrzehnten wurde die Effizienz stark verbessert, da die Milchleistung viel stärker angestiegen ist als die Körpergrösse und damit der Erhaltungsbedarf. Diese "Verdünnung" des Erhaltungsbedarfs nimmt bei hohen Leistungen nicht mehr sehr stark zu. Zudem nimmt die Verdaulichkeit der Ration

bei sehr hohen Futteraufnahmen (mehr als vier Mal Erhaltungsbedarf) tendenziell ab, was den "Verdünnungseffekt" zusätzlich vermindert. Dies ist einer der Gründe, warum die Futtermittelverwertungseffizienz auch in Produktionssystemen mit hoher Leistung immer wichtiger wird, weitere sind ökologischer Art (Flächenverbrauch, Methanausstoß). Eine weitere Verbesserung der Leistung ist vermutlich nur sinnvoll, wenn auch die Effizienz weiter zunimmt. Gegen einen weiteren Anstieg der Körpergröße spricht die Problematik der Mindestmasse der Ställe (Kuhkomfort, Tierschutzverordnung), Anpassungen verursachen hohe Kosten.

Es sollen verschiedene Möglichkeiten, die Effizienz zu quantifizieren und züchterisch zu bearbeiten, untersucht werden. Möglichkeiten sind der direkte Einbezug der Körpergröße in den Gesamtzuchtwert oder das Schätzen eines Teilindex Effizienz (Futtermenge oder –Energie pro Milch, Futterkosten pro Milchertrag, Grenzgewinn Milch usw.). Die Zusammenhänge mit andern Selektionsmerkmalen sollen untersucht werden. In einem späteren Schritt soll die metabolische Effizienz berücksichtigt werden, dazu müssen die Resultate aus den Projekten zum Thema Methanemissionen abgewartet werden.

3.16 MethaGENE plus

Im Rahmen der EU COST Action FA1302 (MethaGENE – large-scale methane measurements on individual ruminants for genetic evaluation) wurde vom Staatssekretariat für Bildung, Forschung und Innovation ein Projekt (MethaGENE plus) zur Evaluierung der Infrarotspektren als Hilfsmerkmal für die individuelle Methanemission und Futteraufnahme bewilligt. In der Literatur sind erste Studien verfügbar, welche Infrarotspektren als Hilfsmerkmal für Energieaufnahme und Effizienz vor-schlagen. Neu soll deshalb im beantragten Projekt auch die Eignung der Infra-rot-spektren als Hilfsmerkmal für die Futteraufnahme getestet werden. Das Projekt wird von ETH Zürich, Agroscope und Qualitas gemeinsam mit Partnern aus Belgien, Österreich und Deutschland durchgeführt. Projektbeginn ist 1.6.2016.

3.17 Entwicklung ZWS Produktionsmerkmale für Schweizer Milchschafe

Im Auftrag der Schweizerischen Milchschaftzucht Genossenschaft (SMG) wurde ein Verfahren für die Zuchtwertschätzung für die Merkmale Milch kg, Fett % und Eiweiss % entwickelt. Dabei wurde ein Mehrmerkmals-Tiermodell, welches wiederholte Messungen berücksichtigt, angewendet.

Die Entwicklung wurde in einen Routinebetrieb überführt, und es werden nun ab sofort zweimal pro Jahr (Sommer und Winter) Zuchtwerte geschätzt und publiziert.