

Forschung und Entwicklung des
Fachbereichs Zuchtwertschätzung der
Qualitas AG im Jahr 2016

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.....	7
2.1	Sequenzieren von Schlüsseltieren von Schweizer Rinderrassen	7
2.2	Gene2Farm.....	7
2.3	Neue Varianzkomponenten Braunvieh	8
2.4	Selektionsindices Braunvieh	8
2.5	ZWS LBE Fleischrassen.....	8
2.6	Fehlermerkmale LBE	8
2.7	Weide-/Effizienzindex Holstein.....	8
2.8	Test Programm MiX99 für ZWS Fruchtbarkeit und Geburtsablauf	9
3	Laufende Projekte.....	10
3.1	Genomische Selektion: Weiterentwicklungen / Optimierungen	10
3.2	GMACE und Intergenomics.....	10
3.2.1	GMACE	10
3.2.2	Intergenomics.....	10
3.3	Genotypenaustausch Holstein (CDDR, ANAFI).....	10
3.4	Genomische Selektion Simmentaler und Swiss Fleckvieh	10
3.5	Analyse Acetondaten Suisselab.....	11
3.6	Genetisches Monitoring, missing Homozygotie	11
3.7	Infrarotspektren CombiFoss.....	11
3.8	Copy number variation in Brown Swiss cattle	11
3.9	Core Organic - 2-ORG-COWS	12
3.10	MethaGENE plus.....	12
3.11	Zuchtwertschätzung Gesundheitsdaten.....	12
3.12	Zuchtwertschätzung Aufzuchtverluste	13
3.13	Kuhbasierte genomische Selektion für neue Zuchtziele.....	13
3.14	Neuschätzung der Faktoren für die Aufrechnung der AT4-Wägungen	13

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 Tierwissenschaften (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)
- EFFAB Patent Watch (B. Gredler, U. Schnyder)
- EMR EEIG Scientific committee (F. Grandl)
- INTERBEEF Technical Group (S. Kunz)

1.2 Teilnahme an Fachtagungen und Weiterbildungskursen

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

- 6th International Greenhouse Gas and Animal Agriculture (GGAA), 14.-18.02.2016, Melbourne, Australien.
- Workshop Forschungsstrategie des BLV, 18.03.2016, Bern, Schweiz
- 10. Braunvieh Weltkongress, 07./08.04.2016, Mende, Frankreich
- Frühjahrstagung der Schweizerischen Vereinigung für Tierproduktion, 13.04.2016, HAFL Zollikofen, Schweiz
- Drei-Länder-Seminar Rinderzucht, 19./20.04.2016, Schwägalp, Schweiz
- Frühjahrstagung Tierernährung, 11.05.2016, Zürich, Schweiz
- Workshop "Optimal Contribution Selection", 6.-10.06.2016, Hafjell, Norwegen
- Swiss Animal Breeding Technology Platform (SABRE-TP) Workshop, 9.06.2015, Zug, Schweiz
- 5th International Conference on Quantitative Genetics, 12.06.-17.06.2016, Madison, USA
- Profi-Lait-Workshop zu Forschungsanliegen Agroscope, 17.06.2016, SMP Bern, Schweiz
- 67. Jahrestagung der Europäischen Vereinigung für Tierproduktion (EAAP), 29.08.-2.09.2016, Belfast, Nordirland, UK
- Methagene Annual Meeting, 12.-14.10.2016, Padua, Italien
- Interbull-Meeting/ICAR Session, 23.-28.10.2016, Puerto Varas, Chile
- Nationale Bioforschungstagung, 2.12.2016, Zürich Reckenholz, Schweiz

1.3 Publikationen und Vorträge

- Bapst B. Mit Genomik in die Zukunft. Tier & Technik Forum. 26. Februar 2016. St. Gallen
- Bapst B. Swiss Brown Swiss in different environments: Does GxE play an important role? 10. Braunvieh Weltkongress, 07. April, 2016, Mende, Frankreich
- Bapst B. 2016. Genotype x Environment Interactions in Dual Purpose Cattle in Harsh Environments. Book of Abstracts of the 67th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers The Netherlands, p.309
- Bapst B. Wo liegen die genomischen Zuchtwerte von Kühen? CHbraunvieh 5/2016, 8-11; Holstein News Juli 2016, 7-9; swissherdbook bulletin 4/2016, 18-20

- Berweger M. Nur noch TVD-Daten für die ZWS Geburtsablauf. CHbraunvieh 4/2016, 10-13
- Berweger M., Görlich S. ICAR/Interbull-Kongress in Chile. CHbraunvieh 10/2016, 20-21
- Burren, A.; Neuditschko, M.; Signer-Hasler, H.; Frischknecht, M.; Reber, I.; Menzi, F.; Drögemüller, C.; Flury, C.; 2016. Genetic diversity analyses reveal first insights into breed specific selection signatures within Swiss goat breeds. *Animal Genetics*, 47(6):p.727-739
- Butty, A.; Frischknecht, M.; Gredler, B.; Neuenschwander, S.; Moll, J.; Bieber, A.; Baes, C.F.; Seefried F.R.; 2017. Genetic and genomic analysis of hyperthelia in Brown Swiss cattle. *J Dairy Sci*, 100(1):p.402-411
- Butty, A.M.; Frischknecht, M.; Gredler, B.; Baes, C.; Neuenschwander, S.; Moll, J.; Bieber, A.; Seefried, F.R.; 2016. Genome-wide association study for supernumerary teats in Swiss Brown Swiss Cattle reveals LGR5 as a major gene on chromosome 5. *J. Anim. Sci Vol. 94, E-Suppl. 5/J. Dairy Sci. Vol. 99, E-Suppl. 1*, p.153.
- Erbe, M.; Frischknecht, M.; Pausch, H.; Emmerling, R.; Meuwissen, T.H.E.; Gredler, B.; Bapst, B.; Intergenomics Consortium, Götz, K.U.; Simianer, H.; 2016. Genomic prediction using imputed sequence data in dairy and dual purpose breeds. *J. Anim. Sci Vol. 94, E-Suppl. 5/J. Dairy Sci. Vol. 99, E-Suppl. 1*, p.194.
- Frischknecht, M.; 2016 Genomische ZWS mit Sequenzdaten. 5. SABRE-TP Workshop, 09 June 2016, Zug, Presentation: M. Frischknecht.
- Frischknecht, M.; 2016. Sequenzvarianten für die Zucht. Drei-Länder-Seminar für Rinderzucht, 19-20 April 2016, Schwägalp, Presentation: M. Frischknecht .
- Frischknecht, M., Bapst, B., Flury, C., Signer-Hasler, H., Garrick, D., Stricker, C., Intergenomics Consortium, Fries, R., Russ, I., Sölkner, J., Biber, A., Bagnato, A., Gredler, B.: [Genomic prediction using haplotypes in Brown Swiss](http://www.interbull.org/ib/puerto_varas_presentations), http://www.interbull.org/ib/puerto_varas_presentations
- Frischknecht, M.; Bapst, B.; Flury, C.; Seefried, F.R.; Signer-Hasler, H.; Garrick, D.; Stricker, C.; Intergenomics Consortium; Fries, R.; Russ, I.; Sölkner, J.; Bieber, A.; Bagnato, A.; Gredler, B.; 2016. Genome-wide association study in Brown Swiss for fertility traits based on sequence data. *Book of Abstracts of the 67th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers The Netherlands*, p.111
- Frischknecht, M.; Flury, C.; Signer-Hasler, H.; Stricker, C.; Garrick, D.; Bieber, A.; Seefried, F.R.; Bapst, B.; Gredler B.; 2016 Sequencing Brown Swiss cattle: GWAS and genomic prediction based on sequence data. 10. Braunvieh Weltkongress, 6 -10 April 2016, Mende, France
- Frischknecht, M.; Flury, C.; Bapst, B.; Seefried, F.R.; Signer-Hasler, H.; Garrick, D.; Stricker, C.; Intergenomics Consortium; Bagnato, A.; Bieber, A.; Fries, R.; Russ, I.; Sölkner, J.; Gredler, B.; 2016. Genome-wide association study in Brown Swiss for udder traits based on sequence data. *Book of Abstracts of the 67th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers The Netherlands*, p.109
- Frischknecht, M.; Meuwissen; T.H.E.; Bapst, B.; Seefried, F.R.; Flury, C.; Garrick, D.; Signer-Hasler, H.; Stricker, C.; Intergenomics Consortium, Bieber, A.; Fries, R.; Russ, I.; Sölkner, J.; Bagnato, A.; Gredler, B.; 2016. Genomic prediction in cattle based on sequence data. *Book of Abstracts of the 67th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers The Netherlands*, p.104
- Frischknecht, M.; Pausch, H.; Bapst, B.; Seefried, F.R.; Flury, C.; Signer-Hasler, H.; Fries, R.; Garrick, D.; Stricker, C.; Gredler, B.; 2016. Accurate sequence imputation enables precise QTL mapping in Brown Swiss cattle. *Book of Abstracts of the 67th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers The Netherlands*, p.104
- Grandl, F. Effizienzmerkmale in der Rinderzucht. SVT-Tagung, 13. April 2016, Zollikofen
- Grandl, F. Climate-smart Züchten Drei-Länder-Seminar Rinderzucht, 20. April 2016, Schwägalp

- Grandl, F. Nutzung von Milch MIR-Spektren für die Rinderzucht. SABRE-TP Workshop, 09. Juni 2016, Zug
- Grandl, F., Furger, M., Schwarm, A., Kreuzer, M. Longevity does matter: Performance and efficiency of Brown Swiss cows of different age. 10. Braunvieh Weltkongress, 07. April, 2016, Mende, Frankreich
- Grandl, F., Gredler, B. Genomik und neue Merkmale. CHbraunvieh 6/2016, 24-26; Holstein News Oktober 2016, 8-10; swissherdbook bulletin 5/2016, 16-18
- Grandl, F., Peter, S., Kreuzer, M., Zehetmeier, M. How longevity drives greenhouse gas emissions of milk produced by dairy cows in two feeding regimes. Book of Abstracts of the 67th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers The Netherlands, p.372
- Grandl, F., Vanlierde, A., Colinet, F.G., Vanrobays, M.-L., Grelet, C., Dehareng, F., Gengler, F., Soyeurt, H., Kreuzer, M., Schwarm, A., Münger, A., Dohme-Meier, F., Gredler, B. Application of a milk MIR methane prediction equation to Swiss dairy cattle population data. Book of Abstracts of the 67th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers The Netherlands, p.630
- Gredler B. Zuchtwertschätzung August 2016. CHbraunvieh, 7/2016, 10-11
- N.-T. Ha, A. R. Sharifi, M. Schlather, U. Schnyder, J. J. Groß, F. Schmitz-Hsu, R. M. Bruckmaier, H. Simianer, 2016. Ein Reaktionsnorm-Modell zur Charakterisierung der Stoffwechselstabilität bei Milchkühen. Vortragstagung der DGfZ und GfT, 20./21. September 2016, Hannover, Deutschland.
- Khayatzaheh, N., Meszaros, G., Utsunomiya, Y., Garcia, J., Schnyder, U., Gredler, B., Curik, I., Sölkner, J.; Locus-specific ancestry to detect recent response to selection in admixed Swiss Fleckvieh cattle. *Animal Genetics* 47(6), doi: 10.1111/age.12470.
- N. Khayatzaheh, G. Mészáros, Y.T. Utsunomiya, J.F. Garcia, U. Schnyder, B. Gredler, I. Curik and J. Sölkner. Local vs global ancestry: regions deviating from genome wide admixture in a composite cattle breed. Book of Abstracts of the 67th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers The Netherlands, p.125
- Kunz, E., Rothhammer, S., Pausch, H., Schwarzenbacher, H., Seefried, F.R., Matiasek, K., Seichter, D., Russ, I., Fries, R., Medugorac, I.: Confirmation of a non-synonymous SNP in PNPLA8 as a candidate causal mutation for Weaver syndrome in Brown Swiss cattle. <http://gsejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12711-016-0201-5>
- F. Miglior, C.B. Baes, A. Canovas, M. Coffey, E.E. Connor, M. De Pauw, B. Gredler, E. Goddard, G. Hailu, V. Osborne, J. Pryce, M. Sargolzaei, F.S. Schenkel, E. Wall, Z. Wang, T. Wright and P. Stothard. 2016 An international initiative to decrease the environmental footprint of dairy cattle using genomics. Book of Abstracts of the 67th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers The Netherlands, p.450.
- Moll, J. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. HF und BLS LBBZ Schluechthof, 07.01.2016, Cham
- Moll, J. Leistungssicherheit – was ist der Weg? CHbraunvieh 1/2016, 6-7
- Moll, J. Internationale Zusammenarbeit im Bereich Tierzucht. Arbeitstagung 2016 “Strategie Tierzucht” Bundesamt für Landwirtschaft, 05.04.2016, Bern
- Moll J. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. Gastvorlesung ETHZ, 27.04.2016, Zürich
- Moll J. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht, Gastvorlesung Vetsuisse Universität Bern, 06.12.2016, Bern
- Prinsen, R., Strillacci, M., Schiavini, F., Santus, E., Rossoni, A., Maurer, V., Bieber, A., Gredler, B., Dolezal, M., Bagnato, A.; 2016 A genome-wide scan of copy number variants using high-density SNPs in Brown Swiss dairy cattle, *Livest. Sci.*, Vol 191, 153-160.
- R.T.M.M. Prinsen, M.G. Strillacci, F. Schiavini, A. Rossoni, B. Gredler, M.A. Dolezal, A. Bagnato and Bieber, A. 2016. A genome-wide association study using CNVs for production traits in Brown Swiss dairy cattle. Book of Abstracts of the 67th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers The Netherlands, p.344.

- Richardson, C., Malchiodi, F., Wilson, A., Butty, A., Baes, C., Canovas, A., Coffey, M., Connor, E., De Pauw, M., Gredler, B., Goddard, E., Hailu, G., Osborne, V., Pryce, J., Sargolzaei, M., Schenkel, F., Stothard, P., Wall, E., Wang, Z., Wright, T., Miglior, F. 2016 A survey on breeding strategies and selection objectives for increased feed efficiency and decreased methane emission. *Journal of Animal Science* 94(supplement5):183.
- Sàanches-Molano E., Tsiokos, D., Chatzilis, D., Jorjani, H., Degano., L., Diaz, D., Rossini, A., Schwarzenbacher, H., Seefried, F.R., Varona, L., Vicario, D., Nicolazzi, E., Banos, G.: A practical approach to detect ancestral haplotypes in livestock populations <http://bmcbgenet.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12863-016-0405-2>
- Schnyder U. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. Gastvorlesung HAFL, 22. Mai 2016, Zollikofen
- Schnyder U. Neues von der Qualitas AG. AGRIDEA/SVIAL-Kurs „Aktuelles aus Rindvieh- und Schweinehaltung“, 22. September 2016, Zollikofen
- Schuler U. Neue Wege in der Zucht. UFA-Revue 2/2016, 47
- Schuler U. Gesundheitsdaten – Erfassung und erste Erfahrungen. Drei-Länder-Seminar Rinderzucht, 20. April 2016, Schwägälp
- Schuler U. Tiefere Kosten durch Datenerfassung. CHbraunvieh 4/2016, 4-5; swissherdbook bulletin 3/2016, 6-9
- Schuler U. Eine ungenaue Information ist besser als keine Information. CHbraunvieh 4/2016, 8-9
- Schuler U. Qualitätstest für genomische Zuchtwerte. CHbraunvieh 7/2016, 26-27; Holstein News Dezember 2016, 11-12; swissherdbook bulletin 6/2016, 22-23
- Schuler, U.; Frischknecht, M.; Meuwissen, T.H.E.; Bapst, B.; Seefried, F.R.; Flury, C.; Garrick, D.; Signer-Hasler, H.; Stricker, C; Intergenomics Consortium; Bieber, A.; Fries, R.; Russ, I.; Sölkner, J.; Bagnato, A.; Gredler, B.; 2016. Genomic prediction in cattle based on sequence data. 5th International Conference on Quantitative Genetics, 12 -17 June 2016, Madison, Wisconsin, USA, Poster.
- Schuler U., Seefried F. Genomische Zuchtwerte in der eigenen Herde. Braunvieh Akademie 2016, 1., 14., 16. und 21. Dezember 2016, Wetzikon / Salez / Hohenrain / Ursenbach
- Schwarzenbacher, H., Burgstaller, J., Seefried, F.R., Wurmer, Ch., Hilbe, M., Jung, S., Fuerst, Ch., Dinhopf, N., Weissenböck, H., Fuerst-Waltl, B., Dolezal, M., Winkler, R., Grueter, O., Bleuel, U., Wittek, T., Fries, R., Pausch, H., A missense mutation in TUBD1 is associated with juvenile mortality in Braunvieh and Fleckvieh cattle. <http://bmcbgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-016-2742-y>
- Seefried F. Chips, Chips, Chips. CHbraunvieh 1/2016, 15; Holstein News März 2016, 6; swissherdbook bulletin 2/2016, 14
- Seefried F. Was SNPs sonst noch können. CHbraunvieh 2/2016, 20-21; Holstein News Mai 2016, 6-7; swissherdbook bulletin 2/2016, 15-16
- Seefried F. Verwandtschaften mit SNP-Daten ausrechnen. CHbraunvieh 4/2016, 25; Holstein News Juli 2016, 6-7; swissherdbook bulletin 3/2016, 24-25
- Signer-Hasler, H.; Burren, A.; Neuditschko, M.; Gredler, B.; Bapst, B.; Frischknecht, M.; Garrick, D.; Stricker, C.; Flury, C.; 2016. Analysis of runs of homozygosity and genomic inbreeding in bulls of nine Swiss cattle breeds. Book of Abstracts of the 67th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers, The Netherlands, p.421
- H. Simianer, N. T. Ha, J.J. Gross, U. Schnyder, F. Schmitz-Hsu, R. Bruckmaier, 2016. Lost in transition – a reaction norm model to breed cows that can better stand metabolic stress. Book of Abstracts of the 67th Annual Meeting of the European Federation of Animal Sciences, Wageningen Academic Publishers The Netherlands, p.378.
- Veerkamp, R.F., Miglior, F., Wilson, A., Butty, A., Richardson, C., Pryce, J., Gredler, B., Garnsworthy, P., Finocchiaro, R., Lassen, J., Benoit, R., Renand, G., Thaller, G., de Haas, Y. 2016. ICAR Working Group on Feed & Gas – Overview of WG Scope and Survey. 2016 Puerto Varas,

Chile, 40th ICAR Biennial Session.

- Wilson, A., Butty, A., Baes, C., Conovas, A., Coffey, M., Connor, E., De Pauw, M., Gredler, B., Goddard, E., Hailu, G., Osborne, V., Pryce, J., Sargolzaei, M., Schenkel, M., Stothard, P., Wall, E., Wang, Z., Wright, T., Miglior, F. 2016 An international effort to improve feed efficiency and reduce methane emissions in dairy cattle cows through genomics. *Journal of Animal Science* 94(supplement5):153

2 Abgeschlossene Projekte

2.1 Sequenzieren von Schlüsseltieren von Schweizer Rinderrassen

Das Projekt zur Entwicklung einer genomischen Zuchtwertschätzung basierend auf Sequenzdaten unter dem Titel "Swiss low input genetics" (SLIG) lief von August 2013 bis Dezember 2016. Dem Projekt standen 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. Rund 35'000 Tiere, für welche HD imputierte Genotypen vorlagen, wurden auf Sequenzebene imputiert. Anhand dieser Daten wurden Genomweite Assoziationsstudien (GWAS) durchgeführt. Es konnten verschiedene quantitative trait loci (QTL) identifiziert werden, insbesondere auch für funktionelle Merkmale wie Fruchtbarkeit. Für die genomische Zuchtwertschätzung basierend auf Sequenzdaten wurden verschiedene SNP Dichten in Kombination mit Informationen aus den GWAS evaluiert. Die genomische Zuchtwertschätzung wurde für vier Merkmale durchgeführt. Dabei stellte sich heraus, dass unabhängig vom getesteten Merkmal die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung mit Sequenzdaten nur sehr geringfügig besser ist als mit 50K SNP Chip Daten. Auch andere SNP-Auswahlverfahren, wie die Berücksichtigung der best-assoziierten SNPs aus der GWAS, brachten keine Verbesserung der Genauigkeit. Des Weiteren wurde auch getestet, ob genomische Selektion anhand von Haplotypen eine höhere Genauigkeit liefert. Auch mit Haplotypen anstatt SNP Information konnte keine deutliche Steigung der Genauigkeit der Zuchtwertschätzung gefunden werden. Daher ist die Nutzung von imputierten Sequenzdaten für die Routine-Zuchtwertschätzung im Moment nicht vorgesehen.

2.2 Gene2Farm

Inhaltlich wurde das EU-Projekt Gene2Farm bereits im Vorjahr weitgehend abgeschlossen. Im Berichtsjahr verursachte jedoch das Reporting gegenüber der EU noch einigen administrativen Aufwand. Im Nachhinein betrachtet wäre es wesentlich einfacher gewesen, wenn Qualitas direkt als KMU-Partner am Projekt beteiligt gewesen wäre, statt als Sub-Unternehmer von swissherdbook und Braunvieh Schweiz. Leider war dies aber wegen EU-Vorgaben nicht möglich. Auch wenn nicht alle methodischen Ziele erreicht wurden, konnten dank dem Projekt zumindest viele wertvolle Kontakte zu anderen Forschungsgruppen geknüpft werden. Den grössten Nutzen ziehen wir jedoch zweifellos aus den im Projekt generierten Genotypen für die Rassen Braunvieh und Simmental. Bei letzterer ermöglichte dies die Einführung der genomischen Zuchtwertschätzung für die Produktionsmerkmale und die Zellzahl.

2.3 Neue Varianzkomponenten Braunvieh

Basierend auf den Erfahrungen und Entwicklungen aus dem Anfang 2015 abgeschlossenen Projekt „Gemeinsame ZWS swissherdbook – SHZV“ wurden im Herbst 2015 die Zuchtwertschätzungen Produktion und Geburtsablauf von BVCH überarbeitet. Die mit den neuen Parametern geschätzten Zuchtwerte für die Produktionsmerkmale und die überarbeitete ZWS Geburtsablauf wurden im Interbull-Testlauf vom Januar 2016 erfolgreich validiert. Im April 2016 wurden die beiden Verfahren in die Routine überführt.

2.4 Selektionsindices Braunvieh

Braunvieh Schweiz hat im Jahr 2016 das Zuchtziel für die Subpopulationen Braunvieh (BV) und Original Braunvieh (OB) diskutiert. Als Folge davon wurde die Gewichtung der Fitnessmerkmale im Gesamtzuchtwert (GZW) BV leicht angepasst. Die Gewichtung der Merkmale im GZW OB blieb unverändert. Eine deutlichere Anpassung erfuhr der Weidezuchtwert (WZW), wo bei BV die relative Gewichtung der Produktionsmerkmale zugunsten der Fitness und der stärkeren (negativen) Gewichtung der Grösse um zehn Prozent reduziert wurde. Zusätzlich wurde auch bei OB ein WZW eingeführt. Seit der Einführung des neuen Publikationskonzeptes im April 2016 erhalten auch Kühe und Jungtiere (Abstammungs-)Zuchtwerte für die Fitnessmerkmale. Deshalb werden deren Gesamtzuchtwerte seit Dezember 2016 mit den gleichen neuen Formeln gerechnet wie für Stiere. Bei allen Selektionsindices wird die Basis neu direkt durch die Basis der Einzelmerkmale bestimmt. Zudem wird der Hauptindex GZW neu mit Basis 1000 und genetischer Standardabweichung 120 publiziert.

2.5 ZWS LBE Fleischrassen

Details zu diesem Projekt können dem F+E-Jahresbericht des Jahres 2015 entnommen werden. Am 17. Februar 2016 wurden die Ergebnisse den Verantwortlichen von Mutterkuh Schweiz vorgestellt. Wegen anderen Prioritäten hat Mutterkuh Schweiz entschieden, vorerst auf die Einführung einer Routine-ZWS für die LBE-Merkmale bei den Fleischrassen zu verzichten.

2.6 Fehlermerkmale LBE

Das im Jahr 2008 von Canadian Dairy Network erworbene, aber nie in der Routine eingesetzte, Programm zur phänotypischen Auswertung der Fehlermerkmale aus der LBE war im Vorjahr an die aktuellen LBE-Schemen der Rassen Holstein/Red Holstein, Swiss Fleckvieh und Simmental angepasst worden. Im Berichtsjahr wurden die nötigen Anpassungen nun auch noch für Braunvieh vorgenommen. Nachdem Detailfragen bezüglich der Verwendung rassenfremder Töchter von Stieren geklärt worden waren, wurde die Routineschätzung implementiert. Seither werden für alle genannten Rassen Resultate an die Zuchtverbände geliefert. Deren Entscheid über die Form der Publikation der Resultate steht jedoch noch aus.

2.7 Weide-/Effizienzindex Holstein

Nachdem für Fleckvieh und Braunvieh die Futtermittelverwertungseffizienz 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 wurden verschiedene Möglichkeiten, die Effizienz zu quantifizieren und züchterisch zu bearbeiten und deren Zusammenhang zu anderen Selektionsmerkmalen untersucht. Zum heutigen Zeitpunkt bringt ein Zuchtwert für das eingesparte Futter, berechnet aus einem Körpergewichtsindex, der aus Kreuzbeinhöhe und Körpertiefe geschätzt wird, die beste Information für die Züchter. Der Zuchtwert kann als Einzelmerkmal publiziert und bei Bedarf in den Gesamtzuchtwert aufgenommen werden. Die Implementation der Routine ist in Arbeit. In einem späteren Schritt soll dann die metabolische Effizienz berücksichtigt werden, dazu werden Informationen über die tatsächliche Futteraufnahme benötigt. Diese sollen aus Projekten zum Thema Methanemissionen (MethaGENE plus) abgeleitet werden.

2.8 Test Programm MiX99 für ZWS Fruchtbarkeit und Geburtsablauf

Die Mehrheit der traditionellen Zuchtwertschätzungen und Berechnungen der Bestimmtheitsmasse (Geburtsverlauf, Fruchtbarkeit, LBE gemeinsame ZWS, Fleisch, Produktion Ziegen und Milchschafe) werden bei der Qualitas mit Software-Paketen von Ignacy Misztal durchgeführt (blup90iod, accf90). Verschiedene Gründe haben den FB_ZWS der Qualitas dazu bewogen, nach Alternativen für diese Software zu suchen:

- Unklare Situation betreffend Lizenz für kommerzielle Nutzung (Lizenz bei Christian Stricker)
- Zur Zeit nur Versionen für Macs vorhanden (keine Linux-Versionen)
- Stabilitätsprobleme bei der ZWS Geburtsverlauf (u.a. Streuung abhängig davon, wo Daten geschnitten werden)
- Unerklärbare Schwankungen bei der Sicherheit der ZW für die Fruchtbarkeitsmerkmale (v.a. Rindermerkmale)

Die Software der Wahl scheint zur Zeit MiX99 (Lidauer et al. 2008) zu sein. Das Programm-Paket wurde in Finnland entwickelt (und wird dort laufend weiterentwickelt) und bietet eine Vielzahl von Nutzungsmöglichkeiten: traditionelle ZWS mit verschiedensten Modellen, genomische ZWS, Varianzkomponentenschätzung und Approximation der Sicherheiten.

In der zweiten Jahreshälfte 2016 wurde diese Software anhand der ZWS Geburtsverlauf und Fruchtbarkeit Braunvieh intensiv getestet. Dabei stellte sich heraus, dass die oben erwähnten Stabilitätsprobleme nicht mehr auftraten. Obwohl die Nutzung der neuen Software zu einigen Veränderungen führen wird, werden die ZWS Geburtsverlauf und Fruchtbarkeit (Braunvieh und gemeinsame Zuchtwertschätzung shb/shzv) auf die Auswertung April 2017 auf MiX99 umgestellt. Die mit MiX99 durchgeführten Auswertungen wurden Anfang 2017 erfolgreich bei Interbull validiert.

3 Laufende Projekte

3.1 Genomische Selektion: Weiterentwicklungen / Optimierungen

Im vierten Quartal des Jahres wurde das Projekt „Probentracking“ umgesetzt. Dies hat das Ziel einer weiteren Automatisierung des genomischen Prozesses. Die Rückmeldungen der Statusmeldungen sowie der genomischen Zuchtwerte an die Auftraggeber erfolgt seither elektronisch.

3.2 GMACE und Intergenomics

3.2.1 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. Das Projekt hat für die betroffenen Kunden (ZO und KBO) keine Priorität. Deshalb haben sich die Aktivitäten von Qualitas 2016 wie schon im Vorjahr darauf beschränkt, nach jedem Routine-Lauf die GMACE-Resultate auf der CH-Skala zusammenzustellen. Die Teilnahme bei GMACE soll im Jahr 2017 wieder geprüft werden, wenn die Genotypen aus dem Austausch mit CDDR in die Effektschätzung mit eingeflossen sind.

3.2.2 Intergenomics

Die Umsetzung von Intergenomics 2.0 ist weiterhin hängig; die Aktivitäten werden 2017 wieder aufgenommen werden.

Der Genotypendatensatz (Stand Dezember 2016) wurde weiter ausgebaut und die Zusammensetzung sieht aktuell wie folgt aus (Mehrfachtypisierungen oder Typisierungen mit einer anderen Chipdichte eingeschlossen):

Herkunft	AUT/DEU	CHE	FRA	ITA	SVN	USA	Total
Anzahl	10'164	8'507	991	3'450	428	2'857	26'397

3.3 Genotypenaustausch Holstein (CDDR, ANAFI)

Dank dem Zusammenarbeitsvertrag mit CDDR (Cooperative Dairy DNA Repository) erhielt die Schweizer Holsteinzucht im Februar 2016 Zugang zu 125'000 SNP-Genotypen von über 115'000 Holsteinstieren, welche sich im Besitz dieses nordamerikanischen Konsortiums befinden. Technisch wird der Austausch zwischen Qualitas und dem CDCB (Council on Dairy Cattle Breeding) abgewickelt, welches in den USA für die Zuchtwertschätzung zuständig ist. Nachdem die Genotypen von CDDR schrittweise in unsere Imputation integriert worden waren, konnten für die betreffenden Stiere ab Herbst CH-GOZW berechnet und via CDCB an die CDDR-Partner übermittelt werden. Im Gegenzug erhalten die Schweizer Stiere kanadische und US-amerikanische genomische ZW. Seit Ende Jahr werden alle neu generierten Genotypen von Holsteinstieren monatlich ausgetauscht. Parallel zu diesen Entwicklungen haben der Schweizerische Holsteinzuchtverband und swissherdbook im Dezember einen ähnlichen Vertrag mit dem italienischen Holsteinzuchtverband ANAFI unterzeichnet.

3.4 Genomische Selektion Simmentaler und Swiss Fleckvieh

Im Jahr 2016 wurden provisorische genomische Zuchtwerte für Simmentaler interessierten Personen zur Verfügung gestellt. Dabei wurde festgestellt, dass es eine grosse Differenz zwischen den

konventionellen Zuchtwerten und den DGZW von nachzuchtgeprüften Stieren gibt. Diese Feststellung führte zu umfangreichen Forschungs- und Entwicklungsarbeiten an der genomischen ZWS für alle Populationen. Dabei standen die Anforderungen an die Sicherheiten konventioneller Zuchtwerte, die de-Regression konventioneller Zuchtwerte, die Definition von Validierungstieren und die Standardisierung von DGZW im Zentrum.

3.5 Analyse Acetondaten Suisselab

Im Jahr 2016 wurde 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. Dabei werden sowohl Milchproben, als auch Blutproben auf ihren Gehalt an BHB und Aceton untersucht und damit die Aussagekraft der Milkoscan-Analysen bezüglich Ketonkörpergehalt des Bluts überprüft. Darüber hinaus bietet dieses Projekt die Möglichkeit mit Hilfe der Milchspektren Systeme für die Früherkennung von Stoffwechselproblemen zu entwickeln.

3.6 Genetisches Monitoring, missing Homozygosity

Im Rahmen der Qualitätssicherung der Genotypen für die genomische Selektion wurden mit selbst entwickelter Software Haplotypenscreenings nach Regionen mit unterrepräsentierter Homozygotie durchgeführt. Das Screening erfolgte in den 4 Populationen Brown Swiss, Original Braunvieh, Simmental und Holstein. In jeder dieser 4 Populationen wurden Regionen entdeckt, in denen homozygote Haplotypen fehlen bzw. signifikant weniger häufig auftreten. Nach der Identifikation der Regionen folgten phänotypische Analysen in denen Fruchtbarkeitsmerkmale, Merkmale des Geburtsverhaltens und Fleischmerkmale ausgewertet wurden. In jeder der 4 Populationen wurden assoziierte Regionen gefunden. Diese Regionen wurden in den Routine-Prozess der Imputation eingebaut. Trägerlisten wurden erstellt und an die Projektpartner bei der Uni Bern weiter geleitet. Des Weiteren besuchte F. Seefried einen Kurs zum Thema Optimal Genetic Contribution.

3.7 Infrarotspektren CombiFoss

Die Ringtestanalysen zur Standardisierung aller Milchanalysegeräte von Suisselab wird inzwischen routinemässig mit EMR EEIG (www.milkrecording.eu) durchgeführt. Die Spektraldaten werden monatlich von Suisselab zu Qualitas transferiert, wo die Daten einfachen Qualitätschecks unterzogen und sowohl unstandardisiert als auch standardisiert archiviert werden. Diese lassen sich dann gemäss den Anforderungen aus Projekten aufbereiten. Die Zusammenarbeit mit den Partnern im EMR EEIG Scientific Committee zur Nutzung der Spektraldaten wird weiter verfolgt. Limitierend für eine intensivere Nutzung der MIR-Spektraldaten ist allerdings im Moment das Fehlen von eigenen Referenzdaten für neue Merkmale. Diese sind notwendig, um Schätzgleichungen zu entwickeln bzw. Zugang zu bereits entwickelten Gleichungen anderer Organisationen zu erhalten.

3.8 Copy number variation in Brown Swiss cattle

Braunvieh Schweiz stellte für das Dissertationsprojekt von Raphaelle 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.

3.9 Core Organic - 2-ORG-COWS

Zusammen mit 8 europäischen Partnern, unter der Leitung der Universität Giessen (Prof. Sven König), nimmt Qualitas im European Research Network (ERA-Net) Core Organic am Projekt 2-ORG-COWS teil, welches die Eignung von Zweinutzungsrasen für biologische und graslandbasierte Produktionssysteme untersuchen soll. Die Datenerhebung auf den beiden Partnerbetrieben verlief erfolgreich, beide Betriebe wurden im Jahr 2016 viermal besucht. Dabei wurden neben den mit dem elektronischen Sensorsystem erhobenen Daten weitere tierindividuelle Daten zu Gesundheit, Fruchtbarkeit und Effizienz erfasst sowie die Betriebscharakteristika (Fütterung, Wetterdaten, Management, ...) aufgezeichnet.

Genetische Auswertungen für Merkmale, die für die oben genannten Produktionssysteme relevant sind, starteten im Frühling 2016. In einem ersten Schritt wurde zur Schätzung von Genotyp x Umwelt Interaktionen (GxU) mit Mehrmerkmalsmodellen verifiziert, ob Original Braunvieh, im Vergleich zu Braunvieh, in unterschiedlichen Umwelten, anders reagiert. Dazu wurden die einzelnen Produktionsmerkmale auf verschiedene Merkmale, abhängig von verschiedenen Umwelten, aufgeteilt. Danach wurden zwischen diesen gesplitteten Merkmalen die genetischen Korrelationen geschätzt. Folgende gegensätzliche Umwelten wurden definiert: Talbetriebe, Bergbetriebe; Betriebe mit hohen und tiefen SCS Werten; Betriebe mit hohen und tiefen Leistungen; konventionell wirtschaftende Betriebe und biologisch wirtschaftende Betriebe. Die genetischen Korrelationen zwischen den aufgeteilten Merkmalen waren in allen Fällen nahezu bei 1. Zwischen Original Braunvieh und Braunvieh konnten keine Unterschiede verifiziert werden. Daraus kann geschlossen werden, dass keine GxU bestehen oder dass die verschiedenen Umweltbeschreibungen nicht ausreichend sind.

Die Analysen werden 2017 auf weitere Merkmale und andere Rassen ausgedehnt. Vor allem soll auch getestet werden, ob mit sogenannten „reaction norm models“ die Unterschiede an kontinuierlichen Umweltskalen besser analysiert werden können.

3.10 MethaGENE plus

Das Projekt MethaGENE plus ist eine Kooperation von ETH Zürich, Agroscope und Qualitas und hat das Ziel, Infrarotspektren aus der Milchanalyse sowie weitere kostengünstige Messmöglichkeiten als Hilfsmerkmale für tierindividuelle Methanemission und Futteraufnahme zu evaluieren. Das Projekt startete Mitte 2016 mit einem Weideversuch bei Agroscope Posieux, bei dem die Methan- und Futteraufnahmemessungen auf der Weide im Vordergrund stehen. Aus diesem Versuch sowie einem unabhängigen weiteren Versuch konnten Ende des Jahres 240 neue Referenzdaten für die Entwicklung der Schätzgleichung an die Projektpartner in Belgien übermittelt werden. Erste Resultate einer populationsweiten Methanschätzung aus Milch MIR-Spektren für Holstein wurden bereits an internationalen Tagungen präsentiert.

3.11 Zuchtwertschätzung Gesundheitsdaten

Durch die Gesundheitsdatenerfassung liegen Daten zu Krankheitsereignissen vor. Für eine ZWS für direkte Gesundheitsmerkmale muss aber auch bekannt sein, welche Tiere die Krankheit nicht gezeigt haben. Im Jahr 2016 wurde geprüft, ob es möglich ist diese Information aus Standortdaten herzuleiten. Es zeigte sich, dass dieses Unterfangen aufwändig ist, da es nur schon in den Standortdaten von der Datenbank in Zug viele Überschneidungen gibt. Für eine gemeinsame ZWS mit den Daten von swissherdbook und des SHZV würden vermutlich noch viele weitere solche

Überschneidungen hinzu kommen. Es wurde daher entschieden den Standort einer Kuh anhand von MLP-Daten zu bestimmen.

3.12 Zuchtwertschätzung Aufzuchtverluste

Ungewollte Tierverluste während der Aufzuchtphase sind nicht nur aus tiergesundheitlicher und ethischer Sicht problematisch, sie verursachen darüber hinaus bedeutende wirtschaftliche und züchterische Verluste. Verschiedene Auswertungen deuten darauf hin, dass die ungewollten Abgänge während der Aufzucht in den letzten Jahren zugenommen haben.

In Bezug auf die Vitalität eines Tieres werden aktuell die Phasen der Geburt (Totgeburt) sowie der Produktion (Nutzungsdauer) züchterisch bearbeitet. Die Zeitspanne dazwischen wird dagegen bis jetzt vernachlässigt. Mit einer genetischen Auswertung der Überlebensraten in verschiedenen Zeitspannen zwischen der Geburt und der ersten Abkalbung könnte diese Lücke geschlossen werden. Zusätzliche Relevanz erhält dieser Merkmalskomplex im Zusammenhang mit neu entdeckten genetischen Defekten (missing homozygosity). Um die Auswirkungen dieser Defekte abschätzen zu können, müssen entsprechende Zuchtwerte vorliegen.

Im Rahmen dieser Arbeit sollen die vorliegenden Daten (Abgangsmeldungen TVD) der drei grossen Milchviehzuchtverbände (bvch, shb, shzv) analysiert und eine entsprechende Zuchtwertschätzung entwickelt werden.

3.13 Kuhbasierte genomische Selektion für neue Zuchtziele

Mit diesem Projekt sollen die Voraussetzungen geschaffen werden um zwei wesentliche Anforderungen an zukunftsfähige Rinderzuchtprogramme zu erfüllen: die Nutzung von Genotypen von weiblichen Tieren in der Referenzpopulation für die genomische Selektion und die Anpassung des Leistungsprüfungssystems an neue Zuchtziele. Die zugrunde liegende Projektidee ist folgende: Die Kombination der beiden Ansätze – Nutzung von Genotypen weiblicher Tiere und Anpassung der Leistungsprüfung an neue Zuchtziele – eröffnet die Chance, eine Vielzahl neuer Merkmale überhaupt züchterisch zu bearbeiten und die Zuchtwertschätzung für bereits bestehende Merkmale wesentlich zu verbessern. Mit der Etablierung von Vertragsbetrieben im System der Leistungsprüfung können mehr Merkmale und Umwelteffekte an genotypisierten Tieren mit höherer Qualität erfasst werden als in der bisherigen Leistungsprüfung für alle Betriebe. Für bestimmte Merkmale kann eine rein genomische Zuchtwertschätzung basierend auf einer SNP-Effektschätzung aus den auf den Vertragsbetrieben erhobenen Merkmalen entwickelt werden. Neben der züchterischen Nutzung lassen sich mit der Erfassung und Aufbereitung von neuen Merkmalen auch neue Management- und Entscheidungshilfen entwickeln, die als zusätzliches Dienstleistungsangebot der Zuchtorganisationen von den Betrieben genutzt werden können. Dieses Vorhaben wurde im Verlauf des Jahres im ASR-Forschungsausschuss präsentiert und in einer ersten Sitzung des Projektteams (bestehend aus Vertretern der involvierten Zuchtorganisationen BVCH, SHB, SHZV, den KB-Organisationen Swisssgenetics und Select Star, und Qualitas) konkretisiert.

3.14 Neuschätzung der Faktoren für die Aufrechnung der AT4-Wägungen

Bei der Einführung der alternierenden Milchkontrolle AT4 wurden die Aufrechnungsfaktoren verbandsspezifisch geschätzt, es existieren Faktoren für Tiere bei Braunvieh Schweiz, swissherdbook und Holstein, später wurden für Eringer noch zusätzlich Faktoren geschätzt. Im Projekt geht es nun darum, diese Faktoren neu zu schätzen, die Abgrenzungen sollen nicht mehr nach Verband, sondern nach Rasse vorgenommen werden. Es soll geprüft werden, ob allenfalls die Wägungen für einige

oder alle Rassen mit den gleichen Faktoren aufgerechnet werden können. Weiter soll überprüft werden, ob mit einer Aufteilung in kürzere Zwischenmelkintervalle genauere Aufrechnungen erzielt würden.