

# Qualitas<sup>+</sup>

---

## Jahresbericht F+E 2019

Forschung und Entwicklung des Fachbereichs  
Zuchtwertschätzung der Qualitas AG im Jahr 2019

---

## Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Allgemeines</b>	<b>3</b>
1.1	Mitarbeit in Fachgremien	3
1.2	Teilnahme an Fachtagungen und Weiterbildungskursen	3
1.3	Publikationen und Vorträge	3
<b>2</b>	<b>Abgeschlossene Projekte</b>	<b>5</b>
2.1	Core Organic - 2-ORG-COWS	5
2.2	MethaGENE plus	7
2.3	Infrarotspektren CombiFoss	7
2.4	Intergenomics	7
2.5	Genomische Selektion: Deregression MACE-ZW für Effektschätzung	7
2.6	Absetzgewicht mit Hilfsmerkmal Schlachtgewicht	8
2.7	Zuchtwertschätzung Aufzuchtverluste	9
2.8	Sequenzierung Holstein	9
2.9	Imputing SNP	10
<b>3</b>	<b>Laufende Projekte</b>	<b>10</b>
3.1	Genomische Selektion: Weiterentwicklungen / Optimierungen	10
3.2	Genetisches Monitoring, missing Homozygotie	10
3.3	Efficient Dairy Genome Project (EDGP) und Nachfolgeprojekt	10
3.4	Ejakulatqualität	11
3.5	QS Routine-ZWS	11
3.6	Varianzkomponentenschätzung Schlachtmerkmale Kühe	12
3.7	Single Step genomische ZWS	12
3.8	Genomische Selektion Limousin	12
3.9	ZWS Ketose	13
3.10	ZWS Geburtsablauf Milchvieh	14
3.11	ZWS Geburtsablauf Fleischrassen	14
3.12	HappyMoo	15
3.13	SESAM	15
3.14	Effizienz – Residual Feed Intake	16

## 1 Allgemeines

### 1.1 Mitarbeit in Fachgremien

Mitarbeitende der Qualitas AG waren im Jahr 2019 in folgenden Fachgremien vertreten:

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

### 1.2 Teilnahme an Fachtagungen und Weiterbildungskursen

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

- Workshop "Milch bietet mehr", Deutscher Verband für Leistungs- und Qualitätsprüfungen, 25.3.2019, Köln, Deutschland
- Frühjahrstagung der Schweizerischen Vereinigung für Tierproduktion, 16.4.2019, AgroVet Strickhof, Lindau, Schweiz
- Drei-Länder-Seminar Rinderzucht, 14.-16.5.2019, Bad Waldsee, Deutschland
- Jahrestagung EFFAB/FABRE-TP, 15./16.5.2019, Dublin, Irland
- Swiss Animal Breeding Technology Platform (SABRE-TP) Workshop, 5.6.2019, ETH Zürich, Schweiz
- ICAR Conference / Interbeef Meeting, 17.-21.6.2019, Prag, Tschechien
- Interbull-Meeting / ADSA Conference, 21.-24.6.2019, Cincinnati, Ohio, USA
- 17<sup>th</sup> International Conference on Production Diseases in Farm Animals (ICPD), 27.-29.6.2019, Bern, Schweiz
- 37<sup>th</sup> International Society for Animal Genetics Conference, 7.-12.7.2019, Lleida, Spanien
- 70. Jahrestagung der Europäischen Vereinigung für Tierproduktion (EAAP), 26.-30.8.2019, Gent, Belgien
- Kurs „Statistical Models for Genomic Prediction in Animals and Plants“, 12.-16.8.2019, Aarhus, Dänemark
- Interbeef Meeting, 4.-6.11.2019, Strickhof, Schweiz
- Profi-Lait Forschungstag „Tiergesundheit in der Milchproduktion“, 26.11.2019, AgroVet Strickhof, Lindau, Schweiz

### 1.3 Publikationen und Vorträge

Im Jahr 2019 waren Mitarbeitende der Qualitas AG an folgenden Publikationen beteiligt:

- Bapst B., Bohlouli M., König S., Brügemann, K. How does Holstein cattle in Switzerland react to heat stress?. Book of abstracts of the 70th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science p.610 Presentation

- Bapst B., Bohlouli M., König S., Brügemann, K. Different genetic reactions of Simmental and Holstein dairy cattle concerning udder health along a continuous climate scale. 17th International Symposium on Production Diseases in Farm Animals, Bern. Presentation.
- Bapst B., Seefried, F. R. Führt die genomische Selektion zu einer "Entfremdung" der Rindviehpopulationen? Internationale Verknüpfungen der Schweizer Rinderpopulationen vor und nach Einführung der genomischen Selektion. 3-Länder-Seminar 2019. Bad Waldsee. Präsentation.
- Barenco A., Schuler U. Neuer Zuchtwert Mastitisresistenz. swissherdbook bulletin 3/2019, 9.
- Bastin C., Calmels M., Werner A., Schuler U., Massart X., Grelet C., Gelé M, Glauser D., Dale L.M. Capitalizing on European collaboration for large-scale screening for ketosis in dairy cows. 2019. Book of Abstracts of the 70th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, Wageningen Academic Publishers, The Netherlands p.533
- Berweger M. Daten – das A und O einer zuverlässigen Auswertung. Swissherdbook bulletin 1/2019, 8-9. CHbraunvieh 1/2019, 14-15.
- Berweger M. Tierhaltung für eine gesunde Welt. Swissherdbook bulletin 6/2019, 60-61. CHbraunvieh 8/2019, 24-25.
- Berweger M. Zuchtwertschätzung für Aufzuchtverluste. Profi-Lait Forschungstag, 26.11.2019, AgroVet Strickhof, Lindau, Schweiz
- Denninger T M, Schwarm A, Dohme-Meier F, Münger A, Bapst B, Wegmann S, Grandl F, Vanlierde A, Sorg D, Ortmann S, Clauss M, Kreuzer, M. 2020. Accuracy of methane emissions predicted from milk mid-infrared spectra and measured by laser methane detectors in Brown Swiss dairy cows. Journal of Dairy Science, 103(2), 2024-2039.
- Denninger T M, Schwarm A, Birkinshaw A, Terranova M, Dohme-Meier F, Münger A, Eggerschwiler L, Bapst B, Wegmann S, Clauss M, Kreuzer M. 2020. Immediate effect of Acacia mearnsii tannins on methane emissions and milk fatty acid profiles of dairy cows. Animal Feed Science and Technology, 261, 114388.
- Denninger, T M, Dohme-Meier F, Eggerschwiler L, Vanlierde A, Grandl F, Gredler B, Kreuzer M, Schwarm A, Münger A. 2019. Persistence of differences between dairy cows categorized as low or high methane emitters, as estimated from milk mid-infrared spectra and measured by GreenFeed. Journal of Dairy Science, 102(12), 11751-11765.
- Hiltbold M., Spengeler M., Schmitz-Hsu F., Bollwein H., Pausch H. Haplotyp auf Chromosom 6 reduziert Spermienmotilität und Fruchtbarkeit von Brown Swiss Stieren. Vortrag SVT Jahrestagung
- Kunz S. Fleischrinderzucht, Gastvorlesung LI Grangeneuve, 4.4.2019, Posieux.
- Kunz S., Strasser S. Projekt Absetzgewicht. Die Mutterkuh 2/2019, 50-51.
- Kunz S. Tierzuchtstrategie 2030 der Schweiz. Die Mutterkuh 3/2019, 50.
- Kunz S. Ressourcenprojekt „Gesunde Klauen - das Fundament für die Zukunft“. Die Mutterkuh 3/2019, 51.
- Kunz S., Strasser S. Herdebuchthemen: Interbeef Meeting in Prag 17. bis 19. Juni 2019. Die Mutterkuh 3/2019, 46-47.
- Kunz S., Strasser S. Herdebuchthemen. Die Mutterkuh 4/2019, 33.
- Moll J. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. HF und BLS LBBZ Schluechthof, 31.1.2019, Cham
- Moll J. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. Gastvorlesung ETHZ, 8.5.2019, Zürich
- Moll J. Analyse zur Entwicklung der Genetik und Schlachtkörperwerte bei Banktieren. Vortrag Plattform Rassenclubs, 13.12.2019, Brunegg

- Schnyder U. Führungswechsel bei Interbull. CHbraunvieh 7/2019, 36-37. swissherdbook bulletin 6/2019, 58-59.
- Schnyder U. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht. Gastvorlesung HAFL, 14. 5.2019, Zollikofen
- Schnyder U. Genomische Selektion in der Schweizer Milchviehzucht, Gastvorlesung Vetsuisse Universität Bern, 3.12.2019, Bern
- Schnyder U. Mit GZW/ISET und Paarungsplan ans Ziel. CHbraunvieh 10/2019, 14-15. swissherdbook bulletin 8/2019, 16-17.
- Schnyder U. Neues von der Qualitas AG. AGRIDEA/SVIAL-Kurs „Aktuelles aus Rindvieh- und Schweinehaltung“, 26.9.2019, Zollikofen
- Schuler U. Daten für gesunde Tiere. CHbraunvieh 4/2019, 16-17. swissherdbook bulletin 3/2019, 22-23.
- Schuler U. Gesundheitsdaten für fruchtbare Kühe. CHbraunvieh 7/2019, 4-5.
- Schuler U. Genetic evaluation for ketosis. 8. SABRE-TP Workshop, 05. Juni 2019, Zürich
- Schuler U. Zucht auf Klauengesundheit; wie geht das?, Profi-Lait-Forschungstag 2019, Eschikon-Lindau, Vortrag
- Schuler U. Zuchtwertschätzung Ketose, Profi-Lait-Forschungstag 2019, Eschikon-Lindau, Poster
- Schuler U. Zucht auf Gesundheit – lohnt sich das? Vortragsabend LBD Uri, Urner Braunviehzuchtverband und Züchtergruppe Uri-Gotthard, 30. Oktober 2019, Seedorf
- Seefried F.R., Pausch H., Häfliger I.M., Drögemüller C., Spengeler M. Effects of changing annotation and SNP density on genomic prediction accuracy in Brown Swiss cattle. Book of abstracts of the 70th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science p.127 Poster
- Seefried F.R., Häfliger I.M., Spengeler M., Drögemüller C. Comparative approach of missing homozygosity and GWAS in Brown Swiss cattle. Book of abstracts of the 70th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science p.523 Presentation
- Spengeler M. Wie gut ist meine Herde verknüpft? CHBraunvieh 9/2019 16-17. swissherdbook bulletin 7/2019, 16-18
- Spengeler M., Häfliger I.M., Drögemüller C., Pausch H., Seefried F.R. Effects of including sequence variants on imputation accuracy. Book of Abstract of the 37th International Society for Animal Genetics Conference P371 on p.163, Poster
- Wegmann S. Milch bietet mehr – was für Infos in einer Probe stecken. Swissherdbook bulletin 4/2019, 8-9. CHbraunvieh 5/2019, 14-15.
- Yin, T., Jaeger M., Scheper C., Grodkowski G., Sakowski T., Klopčič M., Bapst B., König S. 2019. Multi-breed genome-wide association studies across countries for electronically recorded behavior traits in local dual-purpose cows. PLoS One 14:1–23. doi:10.1371/journal.pone.0221973.

## 2 Abgeschlossene Projekte

### 2.1 Core Organic - 2-ORG-COWS

Das Projekt wurde im Herbst mit der Verfassung des Abschlussberichtes auf offizieller Ebene beendet. Der Projektmanager (Prof. Sven König) musste in ein Abschlusshearing, um Fragen bezüglich Abweichungen vom Projektplan, zu beantworten. Dieses wurde erfolgreich bestanden und der Abschlussbericht wurde genehmigt.

Über alle 8 Partner gesehen, wurden folgende Aufgaben abgearbeitet:

- Jeder Partner hat auf mindestens einem grösseren Betrieb mit Zweinutzungs-Kühen die Sensor-Technologie (SensOor® technology) installiert und man war befähigt, partner- und länderübergreifend identische, neue Merkmale, vor allem aus dem funktionellen Bereich, zu erfassen. Darauf aufbauend konnten genetische Auswertungen (GWAS) erstellt werden.
- Ergänzend wurden manuell weitere funktionelle Merkmale erhoben, dazu wurde ein sogenannter «Trait-Atlas» erstellt, der nun auch für andere Projekte – vor allem länder- und populationsübergreifend – verwendet werden kann.
- Einzelne Projektpartner erfassten aktiv (z.B. Temperatur und Feuchtigkeitslogger) und/oder passiv (Bezug von Meteodaten über Dritte) Umweltindikatoren, die weiter für genetische Analysen (GenotypxUmwelt Interaktionen (GxU)) verwendet wurden.
- Verschiedene Partner führten umfangreiche GxU Studien durch. Dabei wurden Umweltbeschreibungen auf unterschiedlichste Arten (kategorisch, kontinuierlich) in den genetischen Analysen berücksichtigt.
- Für neue funktionelle Merkmale wurden Varianzkomponentenschätzungen durchgeführt und darauf aufbauend Zuchtwertschätzverfahren entwickelt.
- Zusätzlich wurden von einzelnen Ländern mittels Zuchtplanungsmethoden Zuchtprogramme für Zweinutzungskühe entwickelt, die hauptsächlich für biologische sowie graslandbasierte Produktionssysteme angewendet werden könnten. Ergänzend wurden wirtschaftliche Gewichte für Einzelmerkmale geschätzt und neue Methoden getestet, um Zuchtziele zu formulieren.
- Jeder Projektpartner hat Zweinutzungs-Schlüsseltiere genotypisiert, so dass umfangreiche Diversitätsstudien durchgeführt werden konnten.

Alle Partner haben Resultate einerseits auf wissenschaftlicher Ebene und andererseits aber auch im Praxisbereich publiziert. Nicht jeder Partner hat alle oben aufgeführten Teilprojekte durchgeführt. Aus Schweizer Sicht können folgende Resultate herausgestrichen werden:

- Auch wenn die verwendeten Sensoren in unseren Haltungssystemen nur bedingt gut funktioniert haben, konnten wertvolle Erfahrungen gesammelt werden, die nun in weitere Projekte einfließen können (z.B. Projekt SESAM).
- Es konnten funktionierende Pipelines über MeteoSchweiz aufgebaut werden, um kontinuierliche Umweltdaten zu sammeln und anschliessend in genetischen Analysen verwenden zu können.
- Mit dem sogenannten Trait-Atlas liegt ein Handbuch vor, wie neue Merkmale, die über ICAR noch nicht geregelt sind, definiert und erfasst werden können. Diese Merkmale stammen hauptsächlich aus dem Gesundheits- und Haltungsbereich.
- Ausführliche GxU Studien zeigten, dass zumindest für Schweizer Verhältnisse, bei einer kategorialen Einteilung der Umwelten, keine relevanten GxU bei unseren Milch- und Zweinutzungsrasen vorliegen. Werden nun die Umweltbeschreibungen als kontinuierliche Variablen in genetischen Analysen berücksichtigt, zeigt es sich, dass sich einerseits die Milchrasen von den Zweinutzungsrasen unterscheiden und dass aber auch innerhalb Rasse, auf Einzeltierebene, unterschiedlichste Reaktionsmuster vorliegen. Diese Informationen könnten dazu dienen, um resiliente Tiere zu identifizieren und zu selektieren. Weiterführende Studien sind notwendig,

zugleich liegen nun auch Schnittstellen vor, um mit anderen Projekten zu kooperieren.

- Die Diversitätsstudien belegten, dass europaweit die Zweinutzungsrasen als eigenständige Populationen geführt werden und dass die Überlappungen mit den Milchrasen klein sind. Dies bestätigt auch die Strategien, dass Zweinutzungsrasen heute, bei tiefem Milchpreis, nicht nur wirtschaftlich sind, sondern auch als Genpool erhalten werden müssen.

## 2.2 MethaGENE plus

Das Projekt MethaGENE, eine Kooperation von ETH Zürich, Agroscope und Qualitas mit dem Ziel, Infrarotspektren aus der Milchanalyse sowie weitere kostengünstige Messmöglichkeiten als Hilfsmerkmale für tierindividuelle Methanemission und Futteraufnahme zu evaluieren, wurde abgeschlossen. Die aus den Infrarotspektren geschätzten Methanwerte stimmten im zweiten Versuch nur wenig mit den Messungen überein, deshalb konnte die Vorselektion der Kühe nach hohem und tiefen Methanausstoss so nicht bestätigt werden. Im ersten Versuch ist die Übereinstimmung besser. Für eine praktische Anwendung ist die Schätzgleichung aber noch zu wenig präzise. Die Methanmessungen aus den beiden Versuchen und die zugehörigen Milchspektren wurden zur Erweiterung des Datenpools sowohl nach Belgien als auch ins Projekt EDGP geliefert, mit der Absicht, dass genauere Schätzgleichungen erarbeitet werden können. Der Doktorand schloss seine Dissertation an der ETH ab, dazu wurden drei Papers (siehe Kapitel 1.3) in Fachzeitschriften veröffentlicht.

## 2.3 Infrarotspektren CombiFoss

2019 wurde mit dem täglichen (zuvor monatlich) Transfer der MIR-Spektraldaten von Suisselab zu Qualitas AG begonnen. Zudem wurden bei Suisselab neue MilkoScan™-Geräte installiert. Diese Änderungen zogen Anpassungen an den Prozessen im Zusammenhang mit den MIR-Spektraldaten nach sich. Konkret wurde die Identifikation von Spektren und Analysegeräten, die Datenhaltung und die Standardisierung überarbeitet. Künftige Anwendungsbereiche von MIR-Spektraldaten sind vielfältig, jedoch mit Unsicherheiten behaftet. Die Prozesse im Zusammenhang mit diesen Anwendungen sind daher noch nicht definiert bzw. im Aufbau begriffen. Die künftigen Entwicklungsarbeiten werden in separaten Projekten abgehandelt und dieses Projekt wurde daher abgeschlossen.

## 2.4 Intergenomics

Der Routinebetrieb ist am Laufen. Die Weiterentwicklung zu Intergenomics 2.0, die eigentlich dringend notwendig wäre, ist hängig.

## 2.5 Genomische Selektion: Deregression MACE-ZW für Effektschätzung

Hintergrund dieses Projekts bildete die Beobachtung, dass es innerhalb eines Exterieurmerkmalblocks teilweise grosse Diskrepanzen zwischen den Zuchtwerten für die beschriebenen bzw. gemessenen Merkmale und dem Zuchtwert für die Einstufung gibt. Mittels Anpassungen an der genomischen Zuchtwertschätzung (ZWS) sollte versucht



werden das Problem zu lösen. Konkret sollte die von Pete Sullivan am Interbull-Meeting 2015 vorgestellte Varianzkorrektur de-regressierter MACE-Zuchtwerte geprüft werden. Eine Software zur Schätzung von additiv genetischen Varianzen aus Zuchtwerten, Abstammungszuchtwerten und den dazugehörigen Bestimmtheitsmassen wurde durch agn Genetics GmbH entwickelt. Die Software erlaubt neben der Schätzung von Varianzen auch die Korrektur der Varianz von MACE-Zuchtwerten auf die Varianz von nationalen Zuchtwerten. Diese Software wurde in die Prozesse der genomischen ZWS integriert und verschiedene Varianten der Varianzschätzung wurden getestet. Ergebnisse der Varianzschätzungen sowie die Auswirkungen der Varianzkorrektur auf die genomischen Zuchtwerte wurden evaluiert.

Bei der überwiegenden Zahl der Merkmale wurden geringe Auswirkungen auf die DGZW und GOZW beobachtet. Es wurde jedoch festgestellt, dass bei Merkmalen mit hohen Korrekturfaktoren ( $> 1.05$ ) die durchschnittlichen Bestimmtheitsmasse (B%) der MACE-Abstammungszuchtwerte deutlich höher sind als die durchschnittlichen B% der nationalen Abstammungszuchtwerte. Bei den Merkmalen handelte es sich um Melkbarkeit, Temperament, Nutzungsdauer, alle Fruchtbarkeitsmerkmale und alle Merkmale des direkten und maternalen Geburtsablaufs. Diese Unterschiede in den durchschnittlichen B% kommen daher, dass bei der Schätzung der nationalen Abstammungszuchtwerte keine Zuchtwerte der Mütter als Datengrundlage verwendet wurden, bei den MACE-Abstammungszuchtwerten allerdings schon. Die Mütterzuchtwerte wurden darauf hin in die Schätzung der Abstammungszuchtwerte integriert. Möglich war dies nur bei den Merkmalen, bei denen Tiermodelle für die genetischen Analysen verwendet werden. Es wurde festgestellt, dass die geschätzten Varianzen der nationalen Zuchtwerte deutlich tiefer sind wenn Mütterzuchtwerte miteinbezogen werden. Es nehmen auch die Varianzen der DGZW und GOZW ab und die Eigenschaften der DGZW/GOZW werden, anhand des GEBV-Tests beurteilt (<https://wiki.interbull.org/public/CoPAppendixVIII?action=print&rev=44>), bei einigen Merkmalen besser.

Die Berücksichtigung der Mütterzuchtwerte bei der Schätzung der Abstammungszuchtwerte wurde ab Dezember 2018 in die routinemässige genomische ZWS integriert. Aufgrund der geringen Auswirkungen auf die DGZW und GOZW wurde die Varianzkorrektur der MACE-ZW nicht in die genomische ZWS integriert.

## **2.6 Absetzgewicht mit Hilfsmerkmal Schlachtgewicht**

Die Daten für das Absetzgewicht stammen aus Wägungen im Rahmen der Fleischleistungskontrolle (FLEK), welche durch Verbandsexperten auf den Herdebuchbetrieben von Mutterkuh Schweiz vorgenommen werden. Diese Wägungen finden im Alter zwischen 90 und 320 Tagen statt.

Von allen Betrieben, die bei Mutterkuh Schweiz registriert sind, sind lediglich 20% Herdebuchbetriebe. Diese Betriebe liefern ihre Daten der Wägungen aus der FLEK in die Zuchtwertschätzung Absetzgewicht. Die restlichen 80%, und damit bei weitem der grösste Anteil der Betriebe, sind Produktionsbetriebe, die nach den Anforderungen von Natura-Veal, Natura-Beef und SwissPrimBeef produzieren, aber auf die FLEK verzichten. In diesen Produktionsbetrieben werden keine Absetzgewichte erhoben. Jedoch stehen von diesen Betrieben die Proviande-Daten aus der Schlachtung der Mastremonten, wie zum Beispiel CHTAX, Fettklasse und Schlachtgewicht, zur Verfügung. Da Natura-Beef-Kälber direkt von



der Kuh abgesetzt und geschlachtet werden, könnte sich das Schlachtgewicht dieser Kälber als Hilfsmerkmal für die beiden Merkmale 'Absetzgewicht direkt' (AGD) und 'Absetzgewicht maternal' (AGM) eignen. Diese sind die eigentlichen Zielmerkmale in der Zuchtwertschätzung Absetzgewicht. Durch dieses Vorgehen könnten wir die Datengrundlage vergrössern und die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung für die Zielmerkmale Absetzgewicht erhöhen. Entscheidend für den Profit aus diesem Ansatz sind unter anderem die genetischen Korrelationen zwischen den Hilfs- und Zielmerkmalen, sowie die Datenmengen. Das Problem der Datenmenge der Hilfsmerkmale stellt sich bei den Schlachtdaten nicht. Da die genetische Korrelation zwischen Schlacht- und Absetzgewicht bisher nie geschätzt wurde, war diese Fragestellung der Kern unseres Projekts.

Allein anhand von den genetischen Korrelationen 0.49 und 0.38 zwischen AGD / AGM und SG würden wir von einer günstigen Situation ausgehen. Leider aber ergaben sich hohe Standardfehler ( $> 0.05$ ), insbesondere zwischen SG und AGM, so dass wir von der Schätzung nicht vollumfassend überzeugt waren. Schlussendlich haben wir uns dazu entschieden, auf eine Anpassung beim Modell der Zuchtwertschätzung Absetzgewicht durch eine Erweiterung um das Hilfsmerkmal Schlachtgewicht zu verzichten. Über die Ursachen für diese Ergebnisse kann man spekulieren. Ein Punkt könnte die mangelnde genetische Verknüpfung zwischen Herdebuch- und Produktionsbetrieben sein, bedingt z.B. durch einen unterschiedlichen Stiereinsatz in den beiden Betriebskategorien. Ein weiterer Punkt ist sicher die suboptimale Datenstruktur, um die Parameter der maternalen Effekte zu schätzen.

## 2.7 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. 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 dieses Projektes wurden anhand von Geburts-, Bewegungs- und Abgangsdaten Merkmale zur Charakterisierung der Tierverluste während der Aufzucht definiert und für diese Merkmale genetische Parameter und Zuchtwerte geschätzt. Die Erblichkeiten sind erwartungsgemäss tief (0.5 bis ca. 4 %), liegen aber im Bereich von Literaturwerten.

Die Entwicklungsarbeiten sind abgeschlossen und die Softwarepipeline für den Routinebetrieb ist aufgebaut. Für Swissherdbook und Braunvieh Schweiz wird die Zuchtwertschätzung auf April 2020 eingeführt. Da die Sicherheit der genomischen Zuchtwerte im Moment noch ungenügend ist, werden vorerst nur die traditionell geschätzten Zuchtwerte von Stieren mit mindestens 70 Nachkommen (CH-Label) publiziert.

## 2.8 Sequenzierung Holstein

Die Sequenzdaten der, im Rahmen des Datenaustauschs für Holsteingenotypen im Nordamerikanischen Konsortium zusätzlich sequenzierten Stiere liegen vor. Zusätzlich sind 250 Stiere mit HD und GGPF250 genotypisiert worden.

## 2.9 Imputing SNP

Ziel dieses Projekts war es unser Imputingsystem einerseits an das neue Referenzgenom ARS-UCD1.2 anzupassen und andererseits auf 150K statt auf 50K zu imputieren. Dies wurde im Frühjahr 2019 umgesetzt. Ein Posterbeitrag resultierte daraus an der EAAP 2019.

## 3 Laufende Projekte

### 3.1 Genomische Selektion: Weiterentwicklungen / Optimierungen

Das Jahr 2019 war gekennzeichnet vom Chipdesign und dem Wechsel in der Typisierung zum Labor IFN. Miteinander ging die Erweiterung der SNP-Routine auf Daten im Axiom Format. Im Sommer wurde das Chipdesign in Zusammenarbeit mit der Universität Bern (C. Drögemüller, I. M. Häfliger) abgeschlossen. Nach einer 6-wöchigen Produktionsphase wurden die ersten Chips im Oktober an das IFN ausgeliefert. Danach folgten 6 Validierungsläufe in denen die in-silico Ergebnisse aus dem Chip Design ausgewertet wurden. Nach Abschluss dieser internen Validierung erfolgte die internationale Validierung durch das CDCB. Diese hat im Wesentlichen die Ergebnisse der internen Validierung bestätigt. So konnte nach zwei kleineren Anpassungen die Routinetypisierung in der 2. Woche 2020 aufgenommen werden. Der Custom Axiom Chip umfasst 314'744 Varianten. Parallel mit dem Chipdesign erfolgten Anpassungen im Bereich der genetischen Marker. Erstens wurde die Anzahl genetischer Marker die in der Datenbank gespeichert werden erweitert, da der Axiom Chip rund 100 bekannte genetische Marker typisiert. Darüber hinaus erfolgte eine Korrektur bzw. Aufschlüsselung der bisherigen Kodierung des Polled Markers auf die beiden kausalen Varianten (keltisch, friesisch).

### 3.2 Genetisches Monitoring, missing Homozygotie

In diesem Punkt besteht eine enge Verknüpfung zum Punkt 3.1. Die Varianten für das populationsweite Screening und das Chipdesign wurden im Projekt missing homozygotie selektiert. Daneben wurden zwei Case-Control Ansätze erfolgreich abgeschlossen. Im ersten Fall handelte es sich um ein Bulldog-Kalb aus der Original Braunvieh Population. Hier wurde die Ursache in einer chromosomalen Trisomie BTA29 gefunden. Im zweiten Ansatz haben wir die Ursache einer zentralen Sehstörung aufgeklärt. Dazu haben wir in den letzten Jahren 5 betroffene Original Braunvieh Kälber erhalten. Die Auswertungen an der Universität Bern haben eine moderate impact Variante im *CNGB3* Gen als Ursache identifiziert. Über den gewählten Ansatz in der Variantenselektion des Chipdesign war diese Variante bereits im Design berücksichtigt, obwohl die Aufklärung erst danach erfolgte. Für die historischen SNP-Daten wurde ein Haplotypentest entwickelt und validiert.

### 3.3 Efficient Dairy Genome Project (EDGP) und Nachfolgeprojekt

Da Futteraufnahme und Methanemission nur schwierig und kostenintensiv zu erfassen sind, gründeten internationale Partner aus Kanada, Australien, den USA, Großbritannien und der Schweiz einen gemeinsamen Datenpool. Weitere Länder kamen später hinzu. Der Datenpool kann als Trainingsdatensatz für die genomische Zuchtwertschätzung und zur Entwicklung von Gleichungen zur Schätzung von Futteraufnahme und Methanemission aus den

Milchspektren verwendet werden. Die Daten aus dem Projekt MethaGENE plus ermöglichen es uns, Projektpartner zu sein und damit für unsere Entwicklungen auf den grossen Datenpool zugreifen zu können. Ein regelmässiger Informationsaustausch findet im Rahmen von Videokonferenzen statt, dazu kommt ein jährliches Treffen in Kanada, in dem die Projektpartner ihre Arbeiten vorstellen. Gegen Ende 2018 hatten die meisten Projektpartner ihre Daten in den Pool eingebracht. Da insbesondere der Hauptpartner Kanada mit der Datenerfassung im Rückstand war, wurde das Projekt um ein Jahr verlängert, um genügend Zeit für die Auswertungen zu haben.

Gleichzeitig wurde ein neues, sehr umfassendes Projekt mit dem Namen "Integrating genomic approaches to improve dairy cattle resilience" vorbereitet und Mitte 2019 bewilligt. In diesem wird der Datenpool für Futtereffizienz und für Methanausstoss als Teilprojekt weitergeführt. Neue Themen sind Fruchtbarkeit, Krankheitsresistenz, Genotyp x Umweltinteraktionen, DNA-Methylation im Zusammenhang mit Nutzungsdauer sowie Datenbanken für die neuen Merkmale und für DNA-Sequenzen. Im neuen Projekt sind nicht mehr alle Partner bei allen Teilprojekten dabei, einige Themen werden v.a. Kanada-intern bearbeitet. Der Datenaustausch für die neuen Merkmale muss teilweise zwischen den Partnern einzeln geregelt werden.

Qualitas ist weiterhin bei Futtereffizienz und Methan dabei. Auch in den Teilprojekten Krankheitsresistenz (Fruchtbarkeitsstörungen) und Genotyp-Umweltinteraktionen werden wir mitarbeiten. Qualitas wird Krankheitsdaten aus der Gesundheitsdatenerfassung liefern, Methandaten soweit erhältlich und geeignet aus Projekten von ETH und Agroscope sowie Futtermitteldaten von Agroscope (bestehender Vertrag). Die Daten aus dem Pool sollen in die Zuchtwertschätzung Futtereffizienz zurückfliessen. Der Projektstart ist für Anfang 2020 geplant.

### **3.4 Ejakulatqualität**

Mit den Phänotypen zur Ejakulatqualität von Swisshgenetics wurden genomweite Assoziationsstudien für Brown Swiss durchgeführt. Dabei wurde ein Haplotyp auf BTA6 identifiziert, der die Spermienmotilität senkt. Die genauen Resultate zu diesem Haplotyp wurden bei Plos Genetics zur Publikation eingereicht und können im bioRxiv bereits jetzt eingesehen werden.

### **3.5 QS Routine-ZWS**

Gerade rechtzeitig zur ZWS-Routine 1912 konnten wir auf drei der von Qualitas betriebenen ZWS-Rechner einen Singularity Container installieren. Nach ausführlichen Tests vor der ZWS-Routine wurden die installierten Container in der produktiven Routine erfolgreich eingesetzt. Die Containertechnologie erlaubt es Programme samt deren Abhängigkeiten (andere Programme oder Bibliotheken) in eine Imagedatei zu kapseln und unabhängig von anderen Prozessen auf einem Hostrechner auszuführen. Der Vorteil dieser Technologie ist, dass Programme nicht mehr physisch auf dem Rechner installiert und gewartet werden müssen. Auf dem Rechner selber muss nur das Container-Host-Programm laufen, welche den Betrieb des Containers ermöglicht. Für Updates oder Wartungen wird einfach eine neue Version der Imagedatei erzeugt. Diese kann über das Container-Host-Programm einfach auf den Rechner gebracht werden. Mit der Einführung der Containertechnologie konnten wir im

Bezug auf die Qualitätssicherung einen grossen Fortschritt erzeugen. So können wir sicherstellen, dass auf allen Rechnern mit einem Container exakt die gleichen Programme laufen und somit die gleichen Resultate zu erwarten sind.

### 3.6 Varianzkomponentenschätzung Schlachtmerkmale Kühe

Die Basis zur Entwicklung einer genomischen Selektion für die Schlachtmerkmale ist bei einzelnen Rassen (z.B. SI) relativ bescheiden, da nur ein kleiner Teil der Tiere der Schlachtkategorien Kälber und Banktiere typisiert sind. Bei der Schlachtkategorie Kühe dagegen verfügen eine zunehmende Anzahl Tiere über eine Typisierung. In diesem Projekt soll untersucht werden, ob eine Integration der Schlachtkategorie Kühe in die Zuchtwertschätzung Schlachtmerkmale Vorteile für die Entwicklung einer genomischen Selektion für diesen Merkmalskomplex bringen könnte.

Folgende Schritte wurden bereits ausgeführt:

- Ergänzung Datensatz für die Zuchtwertschätzung Schlachtmerkmale um für Kühe relevante Informationen
- Anpassung der Datenaufbereitung und des Modells
- Varianzkomponentenschätzung inkl. der Schlachtmerkmale Kühe

Die ersten Ergebnisse weisen auf mittlere positive Korrelationen zwischen den Schlachtmerkmalen Kühe und den Schlachtmerkmalen Bankkälber bzw. Banktiere hin. Aufgrund der Probleme im Zusammenhang mit der Entwicklung der genomischen Selektion Limousin (siehe 3.9) wurde das Projekt vorübergehend gestoppt.

### 3.7 Single Step genomische ZWS

Mit single step GBLUP werden genomische und traditionelle Zuchtwerte in einem Schritt geschätzt. Wir haben erste Erfahrungen mit diesem Verfahren im Bereich Fleischmerkmale mit Limousin gesammelt. Die Resultate bedürfen einer vertieften Analyse.

### 3.8 Genomische Selektion Limousin

Mit dem Validierungsverfahren konnte festgestellt werden, dass die direkten genomischen Zuchtwerte in den Merkmalen Schlachtgewicht Bankkälber und Banktiere sowie Absetzgewicht direkt die Sicherheit der den Abstammungszuchtwerten übersteigen. Alle anderen Merkmale weisen eine tiefere Sicherheit auf. Die Situation bei den Schlachtmerkmalen ist unerwartet, insbesondere im Merkmal Fleischigkeit Banktiere welches von allen Schlachtmerkmalen die grösste Trainingspopulation sowie die höchste Heritabilität aufweist. Gemäss den deterministischen Auswertungen im Vorfeld wurde eine genomische Selektion in allen Fleischmerkmalen für Limousin als realistisch eingeschätzt. Um besser zu verstehen, woran die Schwierigkeit bei den Schlachtmerkmalen liegt, wurden einerseits die Phänotypen und andererseits das Modell der konventionellen Zuchtwertschätzung vertieft analysiert. Bei Limousin Reinzucht ( $\geq 87.5\%$  Blutanteil Limousin) sind ca. 90% der Schlachtkörper in der Fleischigkeitsklasse C klassiert, weshalb die phänotypische Streuung gering ist. Obwohl die Fettabdeckung mehr Streuung bei den Phänotypen zeigt, funktioniert die Genomik bei diesem Merkmal auch nicht. Wegen der verschiedenen Produktionssysteme (Natura-Beef / SwissPrimBeef), zeigt das Schlachtgewicht zudem eine zweigipflige Verteilung. Es gibt viele Betriebe, welche bei Fleischigkeit und Fettabdeckung keine Varianz aufweisen. Die

phänotypische Analyse bei der Reinzucht von Limousin deutet auf eine Substruktur in den Daten hin, welcher mit dem bestehenden ZWS-Modell (Produktionssystem nur via zufälliger Effekt Betrieb\*Jahr berücksichtigt) ungenügend Rechnung getragen wird.

Folgende Lösungsansätze wurden diskutiert um die konventionelle ZWS zu optimieren:

1. Alle Schlachtdaten sind in der Zuchtwertschätzung integriert. Bringen die Daten, welche nicht in einem Zuchtverband angegliedert sind, wirklich Mehrwert oder mehr Störung?
2. Optimieren der phänotypischen Erhebung mit z.B. kamera-basierter Taxierung. Zugriff auf Rohdaten könnte die phänotypische Varianz innerhalb der Reinzucht verbessern.
3. Wenn das Schlachalter als Hilfsmerkmal anstatt als Covariable im Modell berücksichtigt würde, könnte die dort vorhandene Streuung ev. besser ausgenutzt werden.
4. Berücksichtigung von Schlachtkuhdaten als Hilfsmerkmal (vgl. 3.6). Die ersten Ergebnisse scheinen vielversprechender als für das Schlachalter. Limousin Schlachtkühe zeigen in Reinzucht mit 75% C-Taxierungen jedoch ein ähnliches Bild wie bei den Banktieren und Bankkälbern.
5. Unterteilung von Bankkälbern (Natura-Veal und alle übrigen Bankkälber) und Banktieren (Natura-Beef, SwissPrimBeef und alle übrigen Banktiere), damit die Mutterkuhhaltung (saugende Kälber) und konventionelle Mast unterschieden werden können.
6. Berücksichtigung von Kreuzungseffekten (Heterosis, ev. Rekombination, ursprünglich im Rahmen des Projekts Frühreife (Ansatz aus Irland) geplant) und Überprüfen der genetischen Gruppen.
7. Mehrassen- vs. 1 Rassen-Auswertung.
8. Optimierung Effekt Betrieb\*Jahr (fehlende Varianz).

Zudem wurde eine externe Expertise bei den Kollegen des ICBF (Irland) eingeholt, welche viel Erfahrung in der Mehrassen Auswertung mit sehr vielen Kreuzungstieren haben und auch die Interbeef Zuchtwertschätzung für die Schlachtmerkmale entwickeln. Die drei wichtigsten Empfehlungen welche sie uns gegeben haben sind die Lösungsansätze (5), (7) und (8) vertiefter anzuschauen, um die konventionelle Zuchtwertschätzung für die Schlachtmerkmale zu optimieren. Dies hat höchste Priorität und wird im Jahr 2020 vertieft angeschaut werden.

Was erfreulich aus diesem Projekt ist, dass die genomische Selektion für die Rasse Limousin beim Merkmal Absetzgewicht direkt in April 2020 eingeführt wird.

### 3.9 ZWS Ketose

Zum Zuchtziel einer gesunden, problemlosen Kuh gehört eine tiefe Anfälligkeit auf Stoffwechselstörungen. Viele, vor allem hochleistende Kühe können Anfangs Laktation nicht genügend Energie aufnehmen, um den Bedarf für Milchleistung und Erhaltung zu decken. Durch den starken Abbau von Körperfett geraten sie in eine Ketose. Schon subklinische Ketosen haben negative Folgen für Gesundheit und Fruchtbarkeit, werden aber oft nicht bemerkt. Aus der Erfassung der Gesundheitsdaten stehen wohl Daten über klinische Ketoseerkrankungen zur Verfügung, aber mit tiefer Inzidenz, weil vermutlich nur behandelte Fälle erfasst werden. Aus den Milchproben können wichtige Informationen über den



Stoffwechselstatus gewonnen werden, einerseits direkt über den Acetongehalt mittels Autoanalyser-Messung, andererseits über die MIR-Spektren und entsprechende Schätzgleichungen. Anders als bei Fett- und Eiweissgehalt können die Ketonkörper nicht direkt mit MIR gemessen, sondern nur indirekt über die Zusammensetzung der Milch geschätzt werden. Die Firma Foss bietet Schätzgleichungen für Betahydroxybutyrat und Aceton an. Projektpartner aus Belgien haben uns als Gegenleistung für die Lieferung unserer Daten aus dem Projekt "Analyse Acetondaten Suisselab" Schätzgleichungen für Betahydroxybutyrat, Aceton und freie Fettsäuren zur Verfügung gestellt. Ein Teil der Milchproben wird auf dem Autoanalyser auf Aceton untersucht. Somit stehen insgesamt sechs Werte für Ketonkörper in der Milch zur Verfügung, die untereinander aber nur mittel korrelieren (0.5 – 0.65). Alle diese Werte, die Ketosediagnosen aus den Gesundheitsdaten sowie weitere Hilfsmerkmale wie das Fett-Eiweissverhältnis und der Body Condition Score sollen in verschiedenen Varianten kombiniert werden, um einen Zuchtwert für Ketoseresistenz zu entwickeln.

Im vergangenen Jahr wurde die Datenaufbereitung programmiert. Insbesondere die Zuordnung der Milchspektren zu den entsprechenden Probedaten verursachte einigen Aufwand und erfordert Anpassungen bei der Datenlieferung von Suisselab und der Ablage in der Datenbank. Modelle mit verschiedenen fixen Effekten (Einfluss von Saison, Zone, Morgen/Abendwägung, Laktationsnummer) und unterschiedlichen Merkmalsdefinitionen (erste Probe versus Probe mit höchstem Ketonkörperwert, Obergrenze Laktationstage) wurden erarbeitet. Es wurden Varianzkomponenten für verschiedene Varianten und Merkmalskombinationen geschätzt und verglichen. Die Korrelationen zwischen den verschiedenen Varianten und Merkmalen liegen nicht höher als ca. 0.55. Damit stellt sich die Frage, welcher dieser Zuchtwerte das Merkmal Ketoseresistenz am besten beschreibt. Die Modelle müssen weiter verfeinert und die geschätzten Zuchtwerte mit Zuchtwerten aus anderen Ländern und den Ketosediagnosen aus der Gesundheitsdatenerfassung verglichen werden.

### **3.10 ZWS Geburtsablauf Milchvieh**

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

Vor der Einführung eines neuen Modells (ev. Tiermodell) in die Routine-ZWS Geburtsablauf, müssen die damit verbundenen ZW-Änderungen und die Auswirkungen auf die Schätzung der SNP-Effekte für die genomische ZWS noch genauer untersucht werden.

### **3.11 ZWS Geburtsablauf Fleischrassen**

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



bei Fleischrassen sowie für deren Einsatz auf Milchvieh überarbeitet und die aus dem Jahr 2010 stammenden genetischen Parameter neu geschätzt werden.

Dabei soll folgendes geprüft werden:

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

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

### 3.12 HappyMoo

Im Projekt HappyMoo wird auf die 4 Problemfelder Stress, Klauengesundheit, Euter-gesundheit und Energiebilanz fokussiert. Im Jahr 2019 wurden im Rahmen der Stress-thematik bei CRA-W in Belgien Vorstudien gemacht und Versuche entwickelt um Biomarker für chronischen Stress zu finden. In diesem Zusammenhang haben wir in der Schweiz in Zusammenarbeit mit AgroVet-Strickhof einen kleinen Versuch durchgeführt bei dem Milchproben bei Kühen genommen wurden, bevor und nachdem sie bei einem Klauen-pflegerkurs als Übungstiere verwendet wurden. In späteren Schritten können die MIR-Spektren, die in diesen Milchproben gemessen wurden zur Validierung von Vorhersage-Algorithmien für Stress verwendet werden. Dies im Wissen, dass sich chronischer und akuter Stress unterscheiden.

Des Weiteren wurde viel an der Verarbeitung und Überprüfung von MIR-Spektraldaten gearbeitet. Diese Aktivitäten sind nicht nur HappyMoo zuzuordnen, jedoch war dieses Projekt oft der Auslöser für Arbeiten. Zudem wurden Datenexporte programmiert, administrative Aufgaben erledigt und an Meetings und Workshops teilgenommen.

### 3.13 SESAM

Der kleine Pilotversuch ist abgeschlossen. Dabei wurde bei einer kleinen Anzahl von Betrieben eine Prototypenversion eines Sensors bei zehn Kühen pro Betrieb installiert. Diese Prototypen beinhalteten abgesehen von den Aktivitätsmessern zusätzlich noch ein Mikrofon. Auf jedem Testbetrieb wurden zwei Videokameras installiert. Die Aktivitätsdaten, die Tondaten und die Videodaten wurden von einer speziellen Software aufbereitet. Diese Software erlaubte es den Mitarbeitern der Projektpartnern spezifische Aktivitätsmuster zu einfachen Verhaltensweisen (liegen, stehen, gehen, fressen, wiederkauen, ...) der Kühe zuzuordnen. Diese Zuordnungen werden vom Industriepartner Hahn-Schickard verwendet um ein Klassifizierungsschema abzuleiten. Diese Klassierungen werden in der späteren Projektphase verwendet um die Verhaltensweisen der Kühe aufgrund der Aktivitätsmuster vorauszusagen. Im Dezember begann der grosse Pilotversuch, in welchem auch fünf Betriebe aus der Schweiz beteiligt sein werden. In diesem Versuch geht es darum die Verhaltensweisen mit Gesundheits- und Leistungsdaten zu verknüpfen. Aufgrund dieser Resultate soll ein Frühwarnsystem für die Landwirte entwickelt werden.

## 3.14 Effizienz – Residual Feed Intake

Die Futtermittelverwertungseffizienz der Milchkuh wird durch die beiden Faktoren Stoffwechseleffizienz und Verhältnis von Erhaltungsaufwand zu Leistung bestimmt. Für den zweiten Faktor wurde über die Schätzung des Körpergewichts aus den linearen Merkmalen schon ein Zuchtwert entwickelt. Für die Stoffwechseleffizienz werden Futterverzehrdaten benötigt, die nur in Versuchen erhoben werden können.

Im Herbst 2019 wurden von Agroscope gemäss Vertrag Verzehr- und Rationsdaten sowie tägliche Milchmengen und Körpergewichte für die Winterfütterungsperioden 2016-2019 geliefert. Diese Rohdaten wurden mit den Daten der Milchleistungsprüfung zusammengeführt und Tagesrecords für verschiedene Effizienzparameter erstellt. Nun geht es darum, ein biologisch sinnvolles Merkmal zu definieren und mit diesen Phänotypen eine genomische ZWS aufzubauen. Ein mögliches Mass für die Stoffwechseleffizienz ist der RFI/REI (residual feed/energy intake), die Differenz zwischen gemessener und erwarteter Futter- bzw. Energieaufnahme (für Leistung, Erhaltung, Trächtigkeit, unter Einbezug von Körperauf- und abbau). Wichtig ist, dass nicht Kühe bevorzugt werden, die effizient scheinen, weil sie viel Körperfett abbauen und damit anfällig auf Fruchtbarkeits- und Stoffwechselstörungen sind.

Um den Datensatz zu vergrössern, sollen Daten aus dem Projekt EDGP einbezogen werden. Auch wird angestrebt, von Agrovet Strickhof ebenfalls Versuchsdaten zu beziehen, dies ist momentan aus technischen und personellen Gründen seitens Agrovet noch nicht möglich. Wir werden auch längerfristig Versuchsdaten benötigen, um immer über einen aktuellen Trainingsdatensatz zu verfügen.