

Evaluierung der Zuchtmethodene der genomischen Selektion – Chancen und Risiken

K.Rieher, Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft Jena



Übersicht

- ➔ 1. Genomische Selektion und Genomische Zuchtwertschätzung – Herkunft und Verfahren
- 2. Sicherheit und Wiederholbarkeit genomischer Zuchtwerte
- 3. Wirkung auf Zuchtprogramme und Zuchtpraxis
- 4. Trends und genetische Vielfalt
- 5. Fazit

Genomische Selektion beim Rind

„Ganz sicher ist die genomische Selektion ein Quantensprung und damit der bedeutendste Fortschritt in der Rinderzucht der letzten Jahrzehnte“

Freese 2011

„Das Verfahren der genomischen Selektion...größte Erfolgsstory der Rinderzucht seit der Einführung der künstlichen Besamung“

Swalve 2014

Förderinitiative des BMBF 2004

FUGATO – Funktionelle Genomanalyse im tierischen Organismus

- Industrieverbund FUGATO e.V. (33 Verbände und Unternehmen)
Förderverein Biotechnologieforschung e.V. (Zucht und Besamung Rind&Schwein/ D,A,CH)
- Projektträger Forschungszentrum Jülich GmbH
- Gefördert vom BMBF...“zur Unterstützung von Forschung und Wirtschaft im internat. Wettbewerb...“
1. Förderphase 2005 – 2008: 5,6 Mio.€ + Wirtschaftsanteil 2,4 Mio.€
- „**Sie** (die Verbundprojekte im Rahmen Fugato) **bilden ein Netzwerk der führenden akademischen Institute unter Beteiligung der Wirtschaft. Forschungsschwerpunkte sind Tiergesundheit sowie Produktqualität und dienen dem Tierschutz wie dem Verbraucher“**
- Verbundprojekt: „FUGATO-plus – Genotrack – Hochdurchsatz SNP-Typisierung für die genomische Selektion beim Rind, Assoziationsstudien und populationsgenetische Analysen des Rindergenoms“ (in 5 Teilprojekten 2008-2011)
- Projektumfang: ca. 1.6 Mio.€
- Unter Anknüpfung an Erkenntnisse des Nationalen Genomforschungsnetzes NGFN (Entschlüsselung des menschliches Genom in den 90er Jahren)
- Förderverein Bioökonomieforschung e.V. (FBF) bündelt aktuelle und weiterführende Projekte

Ziel der Tierzucht: genetische Veranlagung verändern – Leistungen verbessern

Gestern: Selektion anhand phänotypischer Leistungen als Indikator für genetisch bedingte Leistungsveranlagung

Heute: mittels der Genomik die Leistungsveranlagung direkt aus den Erbinformationen ablesen

SNP-Marker und Typisierung

Über die Lage und Wirkungsweise der Gene ist wenig bekannt, deshalb arbeitet die genomische ZWS nicht auf der Basis von Genen, sondern mit **Markern**. Marker beschreiben Punkte auf der DNA, die für bestimmte Merkmalsausprägungen stehen.

Die verwendeten Marker heißen **SNP** (Single Nucleotide Polymorphism).

- Mehrere 100.000 SNP-Marker sind bekannt
- Davon 54.000 gleichmäßig über das Genom verteilt
- Informationen relativ preiswert auslesbar = **Typisierung** (akt. ca. 80€/SNP)
- Speichermedium = **SNP-Chip** (Illumina 50k V2 → EuroG 10 V4)

Genomischer Zuchtwert- Lernstichprobe

Um herauszufinden, welche Marker zu welchen Merkmalen gehören, werden **SNP-Muster** mit sicher bekannten Veranlagungen ausgesuchter Tiere (Bullen ZW Si. 99%) verglichen. Diese sind als töchtergeprüfte Vererber in einer sog. **Lernstichprobe** zusammengefasst.

Ableitung der genomischen Schätzformel:

Welche SNPs haben welchen und wieviel Einfluss auf ein Merkmal?

Je mehr sicher geprüfte Bullen einbezogen werden, desto sicherer die Schätzformel zur Ermittlung genomischer Zuchtwerte von Rindern *ohne* eigene konventionelle Zuchtwertinformationen.

ohne sichere und aussagekräftige Merkmalerfassung und konventionelle ZWS
→ keine genomische Zuchtwertschätzung
→ keine genomische Selektion

Bedeutung der Lernstichprobe

- Lernstichprobe bestimmt die Sicherheit der genomischen Zuchtwerte
- Phänotypen ermöglichen die Verknüpfung der genomischen Marker mit messbaren Leistungseigenschaften
- Nur sicher geprüfte Bullen „füttern“ die LSP sinnvoll
- Neutrale oder neutral beaufsichtigte Leistungsprüfung bleibt deshalb essentiell

Aktuelle Situation der LSP

- LSP wächst nur noch durch stark selektierte genomische Bullen mit unklaren Folgen für die Sicherheit der Zuchtwerte
- Weiterentwicklung durch das Projekt *KuhL* (FBF – 44% Förderung durch BMBF)
- „Kuh-Lernstichproben zur Implementierung genombasierter Selektionsstrategien auf Basis Hochdurchsatztypisierungen beim Milchrind“ – Testherden + Populationsø (150.000 ♀)
- Ziel: » realistische Basis für Berechnung der Zuchtwerte (Sicherheit, Wiederholbarkeit)

Das Resultat der genomischen Zuchtwertschätzung ist der

direkte genomische Zuchtwert (dGW) –

ermittelt für alle Merkmale, für die auch ein konventioneller Zuchtwert geschätzt wird.

Die Kombination konventionell geschätzter Werte plus dGW ergibt den

genomisch unterstützten Zuchtwert gZW –

als Basiswert der genomischen Selektion.

Dabei gilt: je höher die Sicherheit, desto höher die Wichtung des konventionellen Zuchtwertes

Bullen ohne Nachkommenprüfung: dGW Si. 70% + PI Si. 35% = gZW Si. 74%

Bullen mit Nachkommenprüfung: dGW Si.70% + konventioneller ZW Si. 85% = gZW Si. 89%

Einsatz von Bullen mit genomischem Zuchtwert

Voraussetzungen:

1. Sicherheit bei den Leistungsmerkmalen > 50% **ist erfüllt**
2. Nach einem von „Interbull“ zertifizierten Schätzverfahren ermittelt

ist seit dem 17.08.2010 erfüllt

Übersicht

1. Genomische Selektion und Genomische Zuchtwertschätzung – Herkunft und Verfahren
- ➔ 2. Sicherheit und Wiederholbarkeit genomischer Zuchtwerte
3. Wirkung auf Zuchtprogramme und Zuchtpraxis
4. Trends und genetische Vielfalt
5. Fazit

Sicherheiten der genomischen Zuchtwerte sind abhängig von

- Größe und Struktur der Lernstichprobe/ Testpopulation
- Erblichkeiten der einzelnen Merkmale
- Informationsgehalt der SNP-Chips (Marker-Dichte)

Zu bedenken bleibt

- Das Zünglein an der Waage sind die Sicherheiten der Zuchtwerte.
- Dabei ist die Sicherheit die Wahrscheinlichkeit, mit der die Leistungen der Töchter eines Bullen realisiert werden.
- Bezüglich der Sicherheiten sind die nachkommengeprüften Vererber mit realen Töchtern, den Bullen mit genomischen Zuchtwerten in den Leistungs-, Exterieur- und funktionalen Merkmalen überlegen.

„Entwicklung eines neuen Verfahrens zur genomischen Selektion in Jungrinderherden“

Projektbeteiligte:

- TLL
- Landwirtschaftsbetrieb
- Prof. Hellriegel Institut HS Anhalt, Bernburg

Umfang und Ablauf des Projekts:

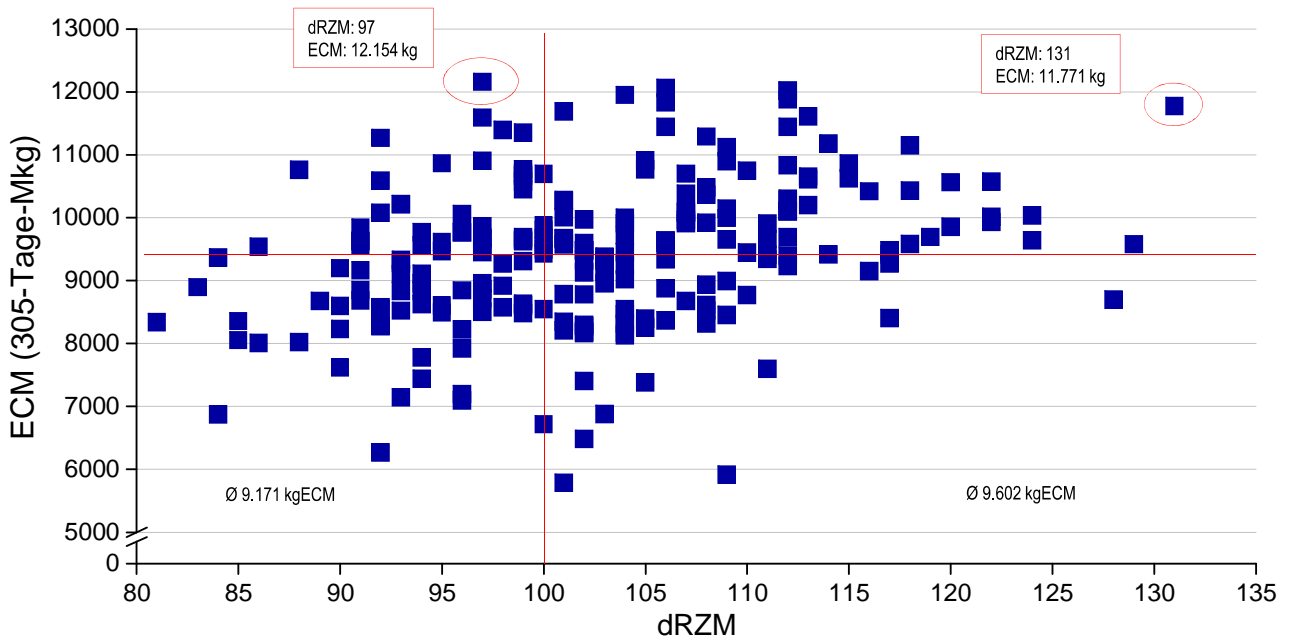
- SNP-Typisierung von 1.200 Jungrindern über einen Zeitraum von 3 Jahren
- Typisierte Rinder werden anhand EL-Daten erfasst und über den Ablauf der 1.Laktation hinaus verfolgt (MLP, Klassifizierung und lineare Beschreibung)
- Erstmals Untersuchungen auf Bestandsebene (bisher nur Einzeltiere/Stichproben)

Fragestellungen:

1. Wie stellt sich die Wiederholbarkeit der genomischen Zuchtwerte dar?
2. Kann die genomische Selektion komplex auf Bestandsebene über die Auswahl der Vererber hinaus nutzbar gemacht werden?
3. Ist es sinnvoll, einen kompletten Bestand an ♀ Jungrindern zu typisieren und Selektionsentscheidungen für die Reproduktion daran auszurichten?

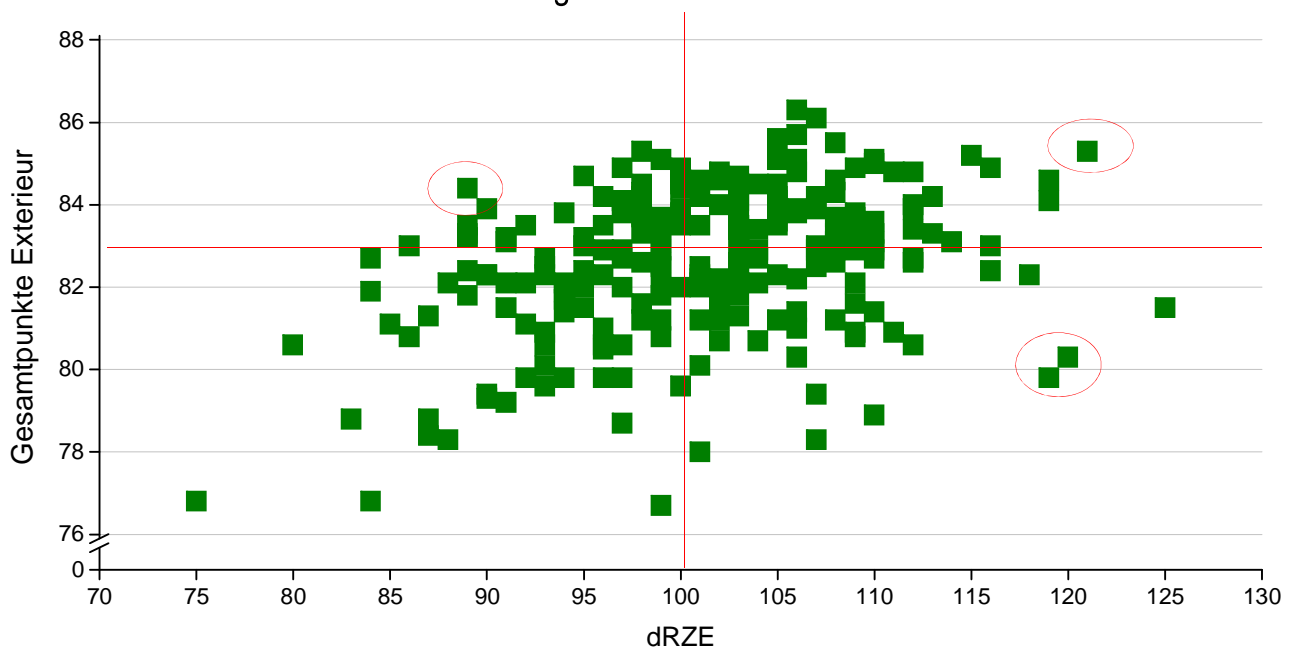
Ergebnisse I – Vergleich dRZM/ ECM

228 abgeschl. Laktationen $\bar{\text{dRZM}}$ 92 $\bar{\text{ECM}}$ 9.372 kg ECM



Ergebnisse II – Vergleich dRZE/Ext.-Bewertung

235 Bewertungen $\bar{\text{dRZE}}$ 100 $\bar{\text{Einst.}}$ 83



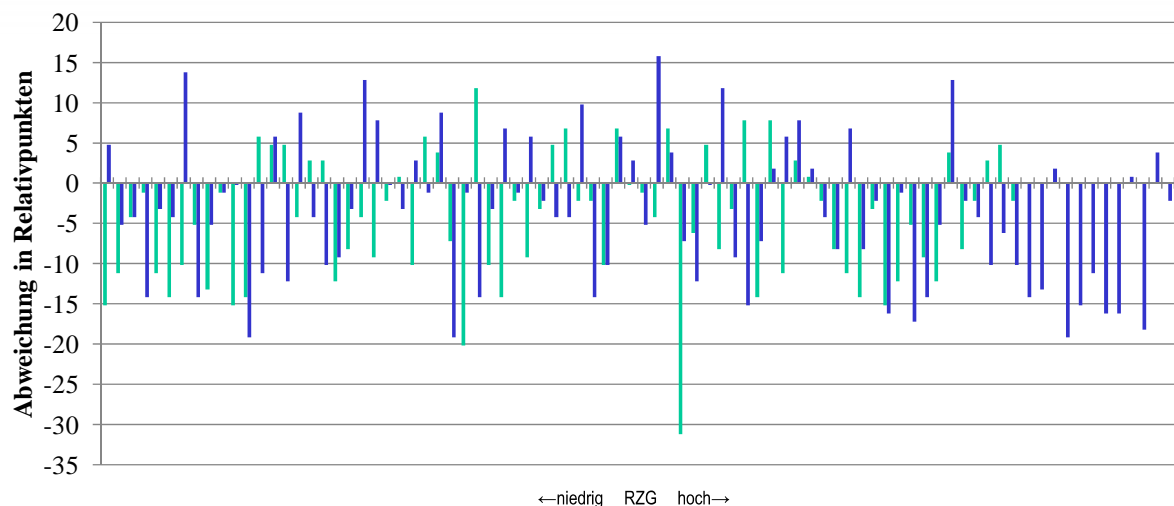
Vergleichsstudie veröffentlichter Zuchtwerte zw. 12/2010 und 08/2013

Pionke, 2014

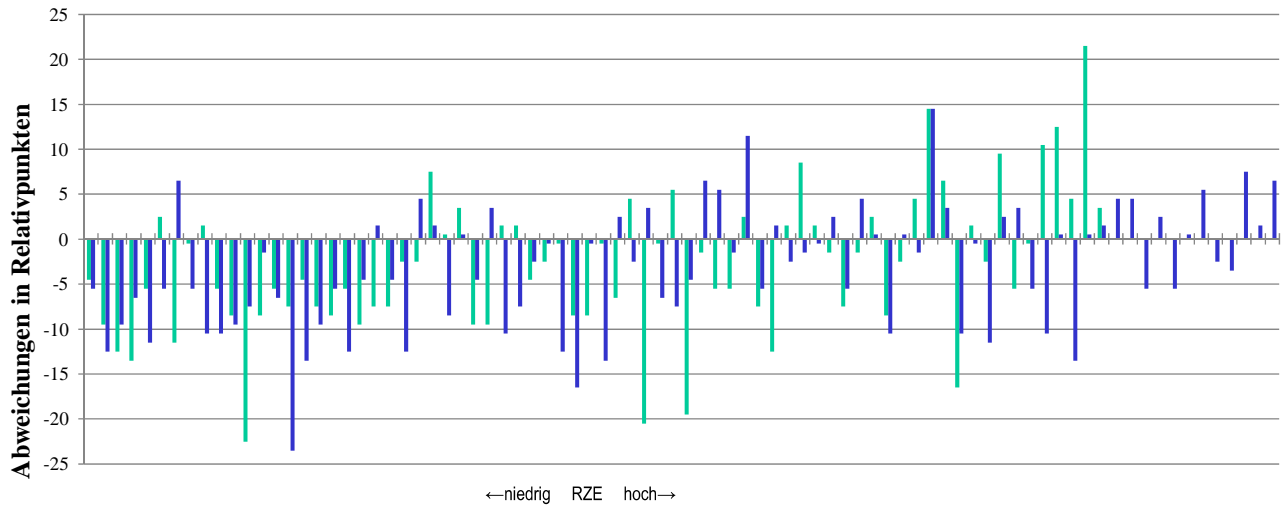
Vergleichsstudie veröffentlichter Zuchtwerte zw. 12/2010 und 08/2013

- Bewertet sind die Daten von Bullen aus zwei dt. ZO
- Zuchtwerte 12/2010: Kombination aus direktem gen. Wert und PI = gZW ohne Töchter
- Zuchtwerte 08/2013: Kombination aus direktem gen. Wert und Tö- Informationen
- ZO A mit 72 – ZO B mit 84 ausgewerteten Bullen
- Basisanpassungen wurden berücksichtigt

Abweichungen gRZG mit Töchterinformationen zu gRZG mit PI



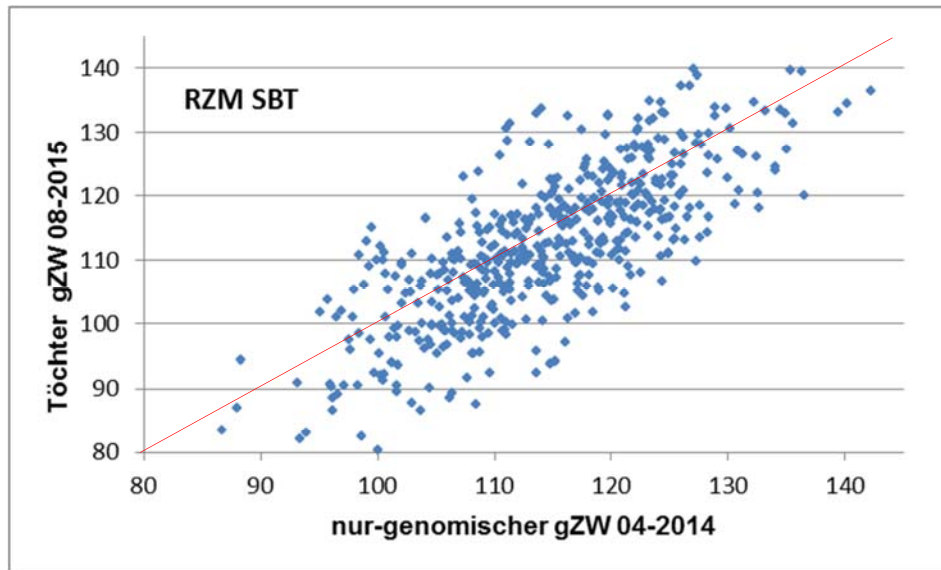
Abweichungen gRZE mit Töchterinformationen zu gRZE mit PI



Bewertung der Datenlage

- Deutliche Veränderungen bei Leistungs- und ExterieurZW mit wachsender Töchterzahl
- Positive Datenlage bei gRZN und gRZR („gerechnete Werte“)
- Stärkere Überschätzung der Bullen mit hohem gRZG (>136)
 - » Überschätzung nimmt mit steigendem gRZG zu
- Unterschätzungen im durchschnittlichen/unterdurchschnittlichen Bereich
- Die höchsten töchterbasierten Bullen (gRZG 2013) stammen nicht zwingend aus der Gruppe der höchsten genomischen Bullen (gRZG 2010)
- **Problematisch:** Extreme Abweichungen einzelner Vererber
 - » 34% der analysierten Bullen mit Abweichung >10Pkt. gRZG

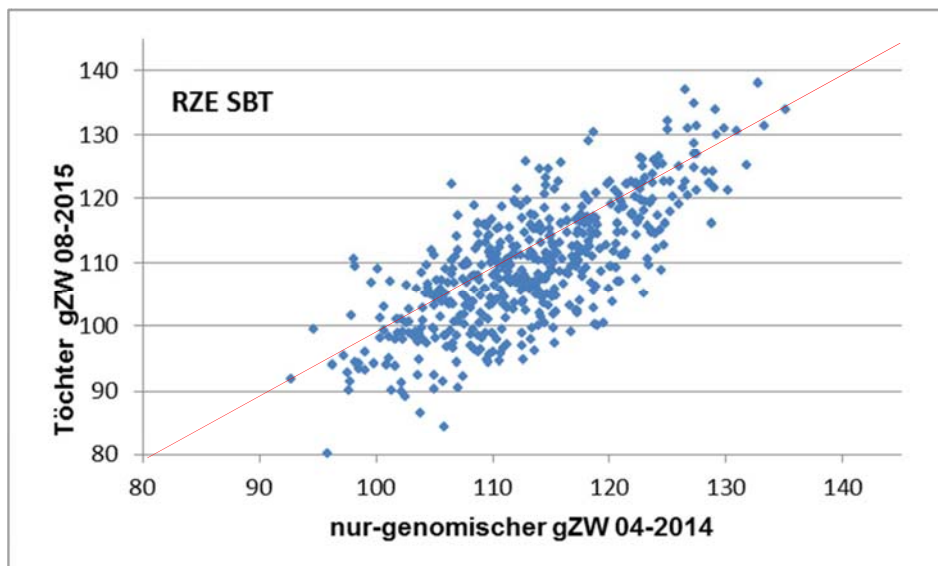
Streuung der Abweichungen Gen.-ZW zu 1.-4. Tö.-gZW



502 SBT-Bullen geb. 2009/2010/2011
 \emptyset n Tö. 202,2; \emptyset Si. 92,8%
 \emptyset Abw. -2,1; Streuung der Abweichungen $\pm 7,7$

VIT, 2015

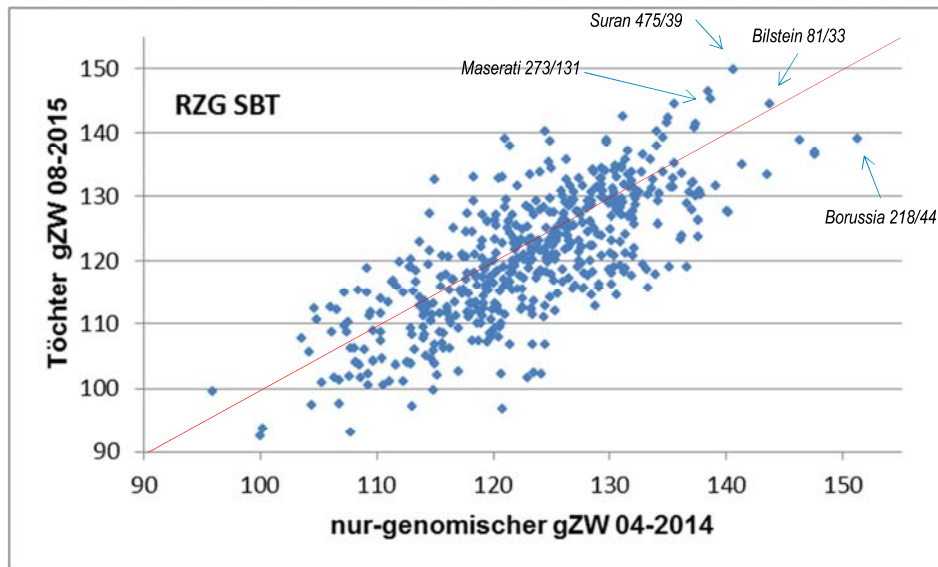
Streuung der Abweichungen Gen.-ZW zu 1.-4. Tö.-gZW



502 SBT-Bullen geb. 2009/2010/2011
 \emptyset n Tö. 77,5; \emptyset Si. 79,3%
 \emptyset Abw. -4,0; Streuung der Abweichungen $\pm 6,4$

VIT, 2015

Streuung der Abweichungen Gen.-ZW zu 1.-4. Tö.-gZW



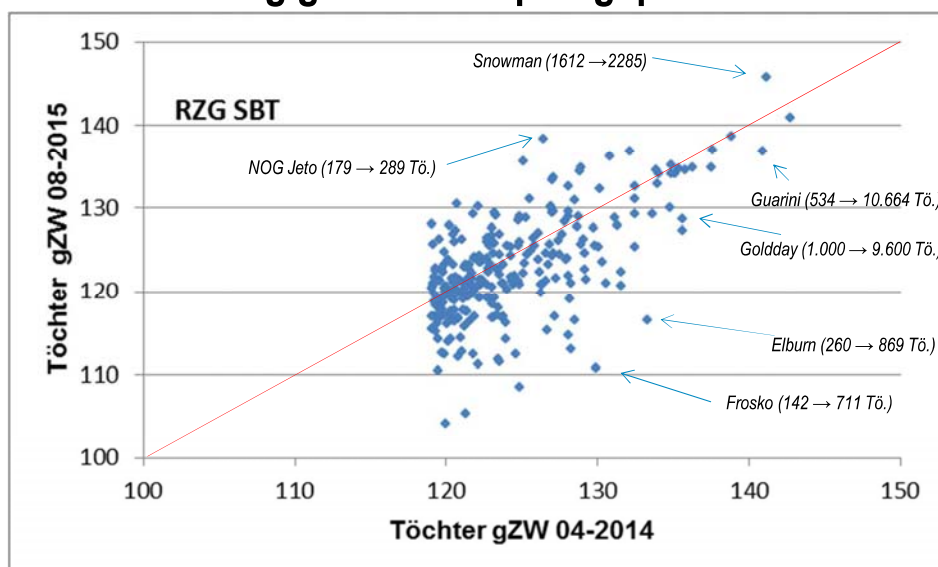
502 SBT-Bullen geb. 2009/2010/2011

Ø Si. 82,4%

Ø Abw. -2,6; Streuung der Abweichungen $\pm 6,8$

VIT, 2015

Entwicklung gZW SBT-Top tö.gepr. 1404 => 1508



Top-276 töchtergeprüfte SBT-Bullen in 04-2014

04-2014: Ø 231,1 Tö., 93,5% Si. RZM

08-2015: Ø 666,7 Tö., 95,8% Si. RZM

Ø Abw. -1,5; Streuung der Abw. $\pm 4,9$ (Top-100: -2,4; $\pm 5,4$)

VIT, 2015

Übersicht

1. Genomische Selektion und Genomische Zuchtwertschätzung – Herkunft und Verfahren
2. Sicherheit und Wiederholbarkeit genomischer Zuchtwerte
- ➔ 3. Wirkung auf Zuchtprogramme und Zuchtpraxis
4. Trends und genetische Vielfalt
5. Fazit

Wirkung auf Zuchtprogramme und Zuchtpraxis

Vergleich konventionelles – genomisches Zuchtprogramm

Aktionen in Monaten

Aktion	konventionell	genomisch
Geburt eines ♂ Kalbes	0	0
Ankauf durch ZP	2	
ELP/Körung	12	12
Spermaproduktion	14	12
Testeinsatz	14	
Ende Testeinsatz	17	
Töchter aus TE	26	
Erste Töchter mit EL	50	
Erster ZW	55	
Vermarktung	55	12

Globalisierung – Genetischer Fortschritt – Generationsintervall

Bullenkalb	ET	geb.: 09.08.2015	Dma	Rasse SBT	13.10.2015 15:02	HE3	
NL 751020494							
ZW gD	+1072	+0,08	+51	+0,20	+57	62	
RZM:	136	RZE:	129	RZS:	114	RZN:	131
RZR:	119	RZG:	158				
V Icone	FR 3554772975	10.507401	VV Mogul	US 3006972816	10.506694	22.06.2010	
ZW gD	+1045	+0,16	+58	+0,12	+47	131	
CVF BLF BYF	GP	21.01.2013	VM Francesca	FR 3554772734	A	26.12.2010	
M LX Nemea	NL 870130780	A	MV Lexor	CA 11098658	10.506684	09.07.2010	
ZW gD	+874	+0,19	+54	+0,20	+50	133	
CVF BLF BYF	GP	10.07.2013	MM Nemo	DK 04141201700	A (1)VG 87	10.10.2008	
MMV Stol Joc	FR 4747063250	10.505973	13.12.2001				
Kilb/Ja	Mkg	F-%	Fkg	E-%	Ekg	Mtg	
Quelle	PM	Mkg	F-%	Fkg	E-%	Ekg	
RZM	RZG						
M	gD	+1645	-0,18	+45	+0,17	+74	
VM	PI	+481	+0,05	+24	+0,13	+30	
MM	LA11/07	12397	3,54	439	3,32	412	
MM	gD	+1328	-0,31	+25	+0,05	+50	
Züchter:	064010041.001	Herdbuch Niederlande	NL 99999	Niederlande	BHV1:	HB: 41	
Besitzer:	Deutschland	ZI:					



Ergebnisse Zuchtwertschätzung
NL 751020494

HR-Nr.: Rasse: Holstein-Sbt Geschlecht: männlich Druckdatum: 15.10.2015
 Orig-Name: Geb.-Dat.: 09.08.2015 Schätzdatum: 06.10.2015
 Besitzer: LTR-SNP, Stattenheimer Str. 19, 99001 Erfurt

Abstammung:
 V FR 3554772975 Icone VV US 3006972816 Mogul VVV US 139005002 Dary
 NL 751020494 M NL 870130780 LX Nemea MV CA 11098658 Lexor MVV US 135748776 Man-O-Man
 MMV FR 4747063250 Stol Joc

Teil- und Gesamtindizes

	3-V-P ¹	ZW (km ² /VP) ²	dGW ³	gZW ⁴	
RZM	138	131	133	138	1
RZE	127	124	121	129	2
RZS	122	116	121	129	3
RZS	110	106	114	114	4
RZN	120	112	127	131	
RZR	107	107	118	119	
RZK m	104	105	113	114	

Milchmerkmale

	ZW ¹	dGW ²	gZW ³	KDN	ZW ⁴	dGW ⁵	gZW ⁶
Milchmenge	874	995	1072	108	108	117	118
Fettmenge	43	47	51	KV d	115	108	113
Eiweißmenge	38	53	57	TO d	113	106	113
Fettgehalt	0,08	0,07	0,08	RZK d	114	107	113
Eiweißgehalt	0,09	0,19	0,20	RZD	106	118	117
				MVH	104	103	105
				BGS	97	97	96

Funktionale Merkmale

	ZW ¹	dGW ²	gZW ³
KDN	108	108	117
KV d	115	108	113
TO d	113	106	113
RZK d	114	107	113
RZD	106	118	117
MVH	104	103	105
BGS	97	97	96

Exterieur

	dGW ¹	64	76	88	100	112	124	136	gZW ²
Größe	116								118
Milchkanaler	99								103
Körperhöhe	98								92
Stärke	94								96
Stechenrigung	96								96
Rückenbreite	88								88
Hinterbeinwinkel	99								99
Klaumenwinkel	108								113
Springfeder	113								116
Hinterbeinsetzung	109								111
Bewegung	112								117
Hinterbeinlänge	118								125
Zwischenband	110								114
Stich vorne	106								107
Stich hinten	109								111
Vordereinstellung	116								117
Euterhöhe	124								124
Stichlänge	96								96

Genetische Merkmale

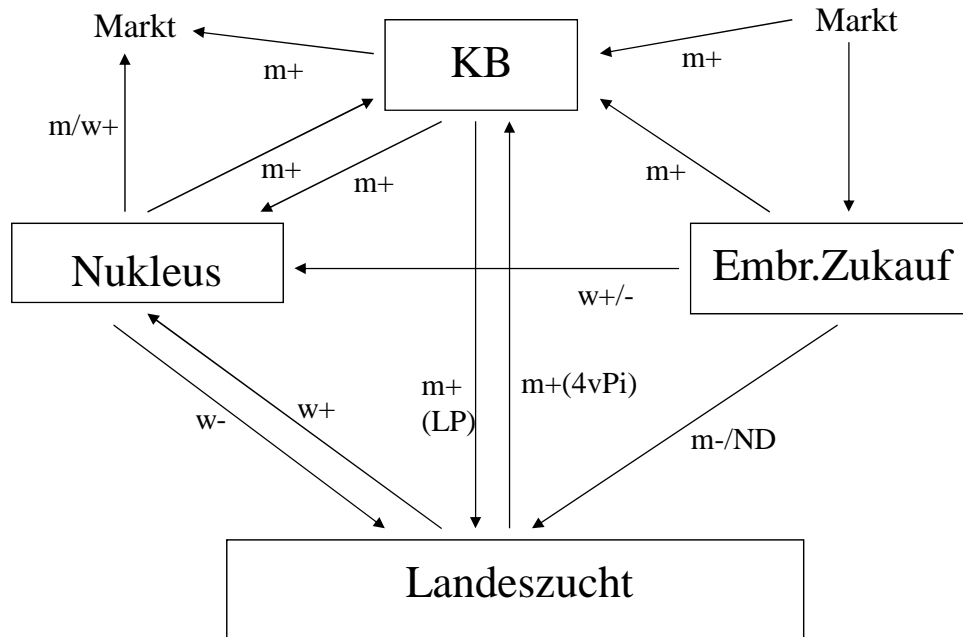
Blatig	BLAD	Ruf	VRC	HornSt	KK	HH1	HH2	HH3	HH4	HH5	CDH
BYN	BLF	RDN	VRF	pp	AA	H1F	H2N	H3F	H4F	HSN	CDN

Reproduktion des KB-Bullenbestandes unter dem Vorzeichen der genomischen Selektion

- Intensive Nutzung hoch-genomischer ♀ Jungrinder, um die Effekte der gen.ZWS maximal zu nutzen (mehr Nachkommen aus höchsten/ besten Rindern)
- Verkürzung des Generationintervalls
- Hohe Selektionsquote sichern (sinnvoll)
- Sicherung hochwertiger genomischer ♂ Kälber am internationalen Markt (koordinierte Zuchtprogramme / Vertragssystem)
- Aufbau einer Selektionsbasis mit vertraglicher Bindung männlicher **und** weiblicher Nachkommen in Zusammenarbeit mit ausgewählten Zuchtbetrieben – dezentraler „Offener Nukleus“ (Risiko- und Kostenteilung)
- Stationäre Embryonenübertragung durch die ZO – Biotechnik
- (Kontinuierliches „Abgrasen“ der Landespopulation mittels 4Väter-Pedigree (4vPI), um potentiell interessante Jungbullen zu finden)

Embryonen-Nukleus-Programm (ENP) „Offener Nukleus“

- Embryonen-Ankauf und Übertragung auf Vertragsbasis
- Übertragung in ausgewählten Betrieben – Eigentümerstatus ZP
- Vertraglich geregelte Bindung der ♂ Kälber – genomisch positive → KB
- weibliche Kälber gehen in den Besitz der Betriebe über Andienungspflicht männlicher Nachkommen (2. Generation) und Verkauf nach Preisliste
- Alle geborenen Kälber werden typisiert – sukzessiver Aufbau und Unterhalt eines dezentralen Bestandes an typisierten Bullenmüttern (Jungrinder)
- Typisieren von ♀ Jungrindern (Landespopulation) – Anwärter identifizieren
- Bestandsführung durch das Zuchtprogramm
- ET-Förderung/ Anpaarungsverträge



Konsequenzen für Zuchtprogramme

- Intensivierung Zuchtprogramm – Selektionsquote/Generationsintervall
 - Zuchtprogramme treten selbst als Züchter genomischer Bullen auf
 - hochgenomische ♀ Rinder im Besitz von ZO (franz. Modell)
 - gezielter Einsatz hoch-genomischer Vererber (Vorzugsverträge: Spermaportionen gegen Typisierungsrechte)
 - ET- Stationen, Donorenställe – Zuchtprogramm ohne Züchterbeteiligung
 - alternative Modelle mit Zuchtbetrieben auf Vertragsbasis (LTR-ZBH)
 - (offener Nukleus/ Überträgerbetriebe – Kompetenz nutzen – Züchter „mitnehmen“)
- Aus Testbullen wurden Ersteinsatzbullen mit gZW und vermarktbarem Pedigree
- Intensiver Wettbewerb um die beste Genetik und Marktanteile
- Konkurrenz durch außerlandwirtschaftliche Investoren (Vorbild USA)
- Zuchtmarkt wird interessant , weil überschaubar, für Investoren und Hobby-Genetiker
- Neue Vermarktungsmodelle („Züchterbullen“)
- Heimatregion der ZO wird an Bedeutung gewinnen → Betreuung intensivieren
- Network – Kooperation – Synergie

Konsequenzen für Zuchtbetriebe

- Einschneidender Absatzrückgang – weniger Bullen werden zur Zucht genutzt
- Konkurrenzsituation mit Zuchtprogrammen (ZP züchten selbst)
- Wer im Geschäft bleiben will, muss sich dem hohem Tempo anpassen
 - jeweils aktuellste Generation Bullen (BV) und Jungrinder (BM) Generationsintervall
 - Investitionen in Genetik
 - risikoreiche Anpaarungen gefährden gewachsene Kuhfamilien
- Top-genomics werden von den ZO (und internationalen Anbietern) künstlich knapp gehalten – Exklusivrechte an geborenen Kälbern
- Ziel: Anpaarungen an die genomisch besten Rinder sichern
- Konkurrenzsituation unter den diversen Anbietern ausnutzen
- Hochwertige Kälber (♂ und ♀) für das ZP interessante Bullenkälber steigen im Preis (RZG + Einzelzuchtwerte, Pedigree)

„...Die Züchter haben ihren Einfluß verloren. Die Vielfalt an Kuhfamilien und Züchtern, von dieser Vielfalt hat die Zucht immer gelebt. Aber sie geht verloren.“ c.Derboven in HI 10/2015

Konsequenzen für die Zuchtpraxis

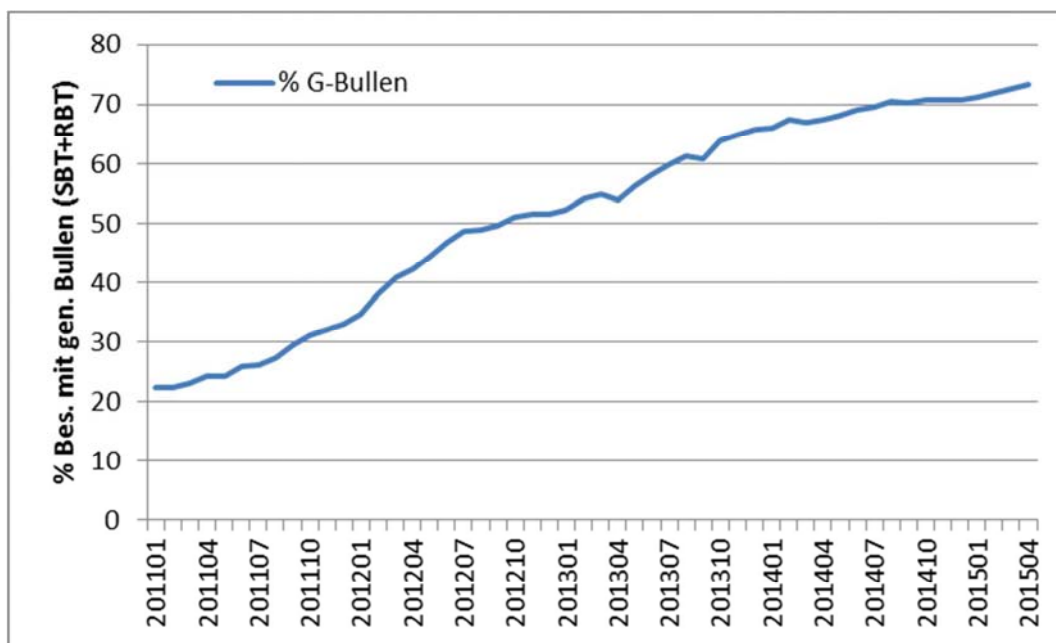
- Da die Zuchtprogramme vorerst eher teurer als billiger werden, ist mit geringeren Spermakosten nicht zu rechnen.
- Genomische Bullen mit Sicherheit > PI aber < Bullen mit Töchterleistungen
- Merkmale mit geringer Sicherheit und Einzelzuchtwerte beachten (Funktionale Merkmale...)
- Genetisches Spektrum beachten
- Risiko-Streuung beim Einsatz genomischer Bullen (genomische Bullen identifizieren)
- Genomische Bullen/Bullenmütter ohne Eigenleistungen
- Bullen mit Töchterinformationen nutzen (aus genomischen werden töchterbasierte)
- Den eigenen Bestand/Nachzucht im Auge behalten – Bedürfnisse formulieren
- Genetik-Beratung/Anpaarungshilfe (BAP - gBAP) nutzen
- Das einzelne Individuum im Blick behalten
- **„Wir züchten mit Tieren, nicht mit Mittelwerten“**



Goldday

gZW 08/2012	+1031 kg Milch	-0,08%F	+0,14%P	112 Kö	115 F	128 Eu	124
ZW 08/2014 2471/1121	+882 kg Milch	-0,18%F	+0,11%P	589/370 MT	117 Kö	128 F	127 Eu
ZW 08/2015 9676/3076	+419 kg Milch	-0,13%F	+0,10%P	2579/1179 MT	118 Kö	126 F	130 Eu

Entwicklung Besamungen mit genomischen Vererbern



Besamungen mit deutschen Bullen/ Datenstand 08-2015

VIT, 2015

Entwicklung Besamungen mit genomischen Vererbern

	% GD	% GD	% GD	% GD	% GD	% GD	% GD	% GD	% GD	% GD
Org.	201204	201208	201212	201304	201308	201312	201404	201408	201412	201504
OHG	71,6	81,1	87,0	91,9	91,4	93,2	93,0	95,3	97,2	97,8
VOST	33,0	37,4	41,6	46,4	48,1	59,4	60,5	68,1	76,3	81,6
RBW	50,9	59,5	62,6	72,4	76,0	78,7	77,8	80,9	85,5	81,4
MAR-WEU	49,5	52,3	63,0	68,9	70,1	81,2	81,9	84,2	81,1	81,0
MAR	41,9	53,7	54,2	54,0	61,9	65,4	66,1	71,9	74,1	75,9
RA-RMV	39,1	38,5	46,0	48,7	51,8	70,2	73,9	73,4	72,6	75,6
RUW	54,5	47,3	52,2	54,9	58,2	79,0	70,2	71,8	74,3	74,2
RBB	37,7	56,8	63,3	60,9	67,4	67,6	72,9	72,4	71,8	73,1
Bay	44,5	46,8	54,1	55,5	61,1	59,1	65,8	66,7	70,2	72,9
RSH	30,8	40,7	40,5	47,5	58,7	74,7	60,1	65,8	67,2	72,1
ZBH	40,0	49,1	50,9	57,7	64,3	65,2	63,4	68,6	68,9	68,4
LTR	42,8	49,1	56,1	57,3	57,2	57,9	64,0	64,2	62,6	65,2
RA-RSA	24,7	28,0	30,9	32,2	32,2	24,9	46,4	41,2	34,5	41,2
DEU	41,5	49,2	53,0	54,8	59,8	66,0	67,4	70,5	71,6	73,4

Besamungen mit deutschen Bullen/ Datenstand 08-2015

VIT, 2015

Übersicht

1. Genomische Selektion und Genomische Zuchtwertschätzung – Herkunft und Verfahren
2. Sicherheit und Wiederholbarkeit genomischer Zuchtwerte
3. Wirkung auf Zuchtprogramme und Zuchtpraxis
- ➔ 4. Trends und genetische Vielfalt
5. Fazit

Aktuelle Projekte Genomanalyse Rind

optiKuh

„Verbesserung der Haltung von Milchkühen durch **Zuchtverfahren auf Futteraufnahme und Stoffwechselstabilität sowie Umweltverträglichkeit** bei optimierter Fütterungsintensität und Nutzung von Stoffwechselindikatoren sowie Sensoren im Herdenmanagement“ Koordination LfL

gBAP

Entwicklung eines **Anpaarungsprogrammes** mit Nutzung genomischer Informationen Koordination VIT

InGeniR Integrative Genomik in der Rinderzucht

„Proaktiver Umgang mit **genetischen Besonderheiten**... Konsolidierung der bisherigen Erkenntnisse im Bereich der **Erbfehler** und des Monitorings von schädlichen aber auch von erwünschten Allelvarianten...“
Koordination TU München

KuhL Kuhlernstichprobe

„Ziel des Projektes ist der Aufbau einer Kuh-LSP zur Berechnung einer realistischen Basis der Zuchtwerte sowie die Ausweitung der gen.ZWS auf funktionale Merkmale“ Koordination Uni Halle, Uni Kassel, VIT

Genomische Vererber als Bullenväter – internationaler Trend

Genomische Jungbullen als Bullenväter

ZP	10/2010	10/2011	10/2012	10/2013	10/2014
ABS, US	20	40	75	85	95
CRV, NL	25	60	95	95	100
CRI, US	50	90	97	100	>90
LIC, NZ	95	95	-	-	30
MAR, DE	-	70	-	95	100
OHG, DE	-	50	80	100	100
TopQ, DE	-	-	90	100	100
Select, US	50	50	80	80	95
Viking, DFS	30	50	90	95	100
Evolution, FR	50	70	95	95	95

HI, 11/2014

Genetische Vielfalt?

„Ohne Inzucht keine Zucht... Die Varianz innerhalb der Population ist ausreichend. Inzuchtrate 5-6% leicht steigend“.
VIT, 2015

The screenshot shows the vit INTERBULLKATALOG for O-BEE Manfred Justice 'O-Man' (ID: 000122358313). It includes pedigree information, performance data (RZG, RZM, RZN, RZE, RZS, RZR, RZK), and a detailed exterior evaluation chart. Red circles highlight specific data points: RZN 122, RZR 120, and the exterior evaluation scores for 'Körperbau' (112) and 'Körperhöhe' (112).



O-Bee Manfred Justice „O-Man“ * 08.03.1998

- Mehr als 100.000 Töchter weltweit
- Von 2000 – 2005 weltweit 720 Söhne im konventionellen Test
- Davon in Deutschland 81 mit aktuell > 70.000 lakt. Töchtern (+ JR&Kä.)
- 406 väterliche Enkel in der dt. Zuchtwertschätzung → Bullenväter
- Urenkel (über Snowman >30)/ Mutterseite?
- Plus: Nutzungsdauer RZN 122, Fruchtbarkeit RZR 120, Leichtkalbigkeit KVdir. 122
- Minus: Milchtyp, Euterqualität
- Alternativen?

Die aktuellen Top50 genomisch *nach väterlicher Abstammung* (08/2015)

- 40 von 50 Bullen Geburtsjahrgang 2014 – kurzes Generationsintervall
- 25 von 50 Bullen – gleicher Vater (De-Su 11236 Balisto)
- Die übrigen 25 verteilen sich auf 17 verschiedene Väter
- Alle gehen zurück auf das Bullen-Quartett *O-Man – Goldwyn – Shottle – Planet*

	Großväter ♂	Großväter ♀
O-Man	67	52
Goldwyn	13	17
Shottle	20	29
Planet	39	16

Top100 gZWS 08/2014



Die Top100 genomisch *nach mütterlicher Abstammung* (08/2014)

- Auf väterlicher Seite 19 Kuhfamilien beteiligt – davon 8 Fam. mit 57 Nennungen
- Auf mütterlicher Seite 48 Kuhfamilien beteiligt – davon 4 Fam. mit 18 Nennungen
 - **starke Dominanz einzelner Kuhfamilien**
 - **enge bis sehr enge Verwandtschaft unter den Top-Bullen**

Vorteile

- Fördert verwandtschaftliche Verknüpfungen (Lernstichprobe)
- Wirkt sich positiv auf die Sicherheit der Zuchtwerte aus
- Stabilisiert das System der genomischen ZWS (Wiederholbarkeit/Voraussage)

Nachteile

- Familien/Kombinationen ohne Blutanschluss werden ausgegrenzt
- Genetische Breite (und damit die Chance auf neue Optionen) verringert sich
- Zucht über ET-Tauglichkeit und –management
- Söhne und Töchter der gleichen Väter treffen aufeinander
- Entfremdung - Kapitalisierung



Übersicht

1. Genomische Selektion und Genomische Zuchtwertschätzung – Herkunft und Verfahren
2. Sicherheit und Wiederholbarkeit genomischer Zuchtwerte
3. Wirkung auf Zuchtprogramme und Zuchtpraxis
4. Trends und genetische Vielfalt



5. Fazit

Fazit

Die genomische Zuchtwertschätzung hat die Rinderzucht revolutioniert und sich als praktisches Verfahren mit großen Wirkungen auf Zuchtfortschritt, -strategien und -programme global durchgesetzt.

Die genomische Zuchtwertschätzung wird sich mit neuen Ansätzen, z.B. der Bearbeitung neuer Phänotypen, weiter profilieren.

Ja, aber:

- deutliche Über- bzw. Unterschätzungen in den Zuchtwerten einzelner, teils stark genutzter Vererber sind erwiesen (sowohl bei komplexen als auch Einzelmerkmalen) → *Sicherheit?*
- die Dominanz einzelner Kuhfamilien und Väter mit vielen Söhnen, Töchtern, Enkeln in der Population bleibt problematisch (Beobachtung der Situation notwendig)
- auch im 6. Jahr der praktischen Nutzung der gen. ZWS keine messbaren Veränderungen in den Leistungskennziffern der Milchproduktion – Nutzungsdauer, Abgänge usw.
(Zucht kann Haltungs-, Fütterungs- und sonstige Mängel nicht kompensieren, sollte aber in ihren Effekten auch in der Zuchtpraxis „normaler Milchproduzenten“ Wirkung zeigen)
- zu erwartende und angekündigte Kostenreduzierungen im Bereich der KB (Spermakosten) sind nicht eingetreten (→ Prof. Thaller, Jahrestagung 2009)