

Abstammungssicherung bei Tieren in der genomischen Zuchtwertschätzung

Der Vorstand der ZAR hat am 28. Juli 2016 hinsichtlich der Abstammungsuntersuchung folgenden einstimmigen Beschluss gefasst: **„Die Abstammungsprüfung über SNP-Daten wird im Rahmen der Herdebuchführung als offizielle Abstammungsprüfmethode anerkannt. Die Ergebnisse dieser Abstammungsprüfung sind im Herdebuch zu verwenden.“** Da es in letzter Zeit immer wieder zu Unklarheiten bezüglich der Vorgangsweise bei der Abstammungssicherung von SNP genotypisierten Tieren gekommen ist, wollen wir den aktuellen Stand zusammenfassen.

DNA-Karte versus SNP Untersuchung

Von ICAR sind derzeit **zwei Verfahren** zur Abstammungssicherung zugelassen. Die herkömmliche Untersuchung wird über 12 Mikrosatelliten-Marker durchgeführt. Untersuchungslabors haben über viele Jahre umfangreiche Datenbestände über dieses System aufgebaut und haben die DNA-Karten der aktiven KB Stiere in ihren Datenbanken abgelegt. Das führt dazu, dass im internationalen Zuchtgeschäft die Mikrosatelliten-Untersuchung immer noch der übliche Standard ist. Daher werden nach wie vor alle neu eingestellten Besamungsstiere über dieses Verfahren abstammungsgeprüft und eine DNA-Karte angelegt.

Seit 2012 ist zusätzlich ein Verfahren zur Abstammungssicherung auf der Basis von mindestens 100SNP-Markern zugelassen. Für Labors bestehen allerdings immer noch erhebliche Hemmnisse, die die Umstellung auf SNP-Marker verzögern. Labors haben derzeit keinen direkten Zugriff auf die SNP-Genotypen, die im Rahmen der genomischen Zuchtwertschätzung erzeugt werden, da sie diese Genotypisierungen nicht oder nur als Dienstleister durchführen. Bei Rassen für die keine genomische Zuchtwertschätzung durchgeführt wird, liegen derzeit meist nur wenige oder keine SNP-Genotypen vor.

Die hier dargestellte Vorgangsweise stellt daher eine Übergangslösung dar, die unter bestimmten Umständen Abläufe vereinfachen und Kosten reduzieren kann. Dies gilt jedenfalls nur für jene Fälle, in denen der Nachkomme UND der zu prüfende Elter SNP-genotypisiert sind. Die mütterliche Abstammung kann daher nur dann geprüft werden, wenn auch die Mutter SNP typisiert ist.

Alle Tiere in der genomische Zuchtwertschätzung werden einer Überprüfung der Abstammung unterzogen. Dabei wird die Abstammung aus dem Herdebuch zu einem bestimmten Stichtag mit der genomischen Verwandtschaft aus der SNP-Information verglichen.

Der Unterschied zwischen direkten und indirekten Abstammungstests!

- Liegen von beiden Tieren, deren Verwandtschaft zueinander überprüft werden soll (z.B. Kandidat und Mutter), SNP-Genotypen vor, so kann ein direkter Test der Abstammung durchgeführt werden. Aufgrund der Vielzahl von SNPs sind solche Tests extrem zuverlässig.
- Liegt für dieselbe Paarung nur der SNP-Genotyp des Kandidaten vor, nicht aber jener der Mutter, so wird ein indirekter Test der Abstammung durchgeführt, indem der Kandidat mit dem genotypisierten Muttersvater verglichen wird. Derartige Tests sind auch mit 40.000 SNP-Markern ungenau, da die Genotypen von Mutter und Nachkomme nicht direkt verglichen werden können.

Nur direkte Abstammungstests sind aussagekräftig!

- Wird ein genotypisiertes Tier als möglicher Elter eines genotypisierten Kandidaten vorgeschlagen, so kann dies die Grundlage einer Eintragung im Herdebuch sein, wenn die Verwandtschaftsbeziehung aufgrund der Besamungsaufzeichnungen als plausibel erscheint. In diesen Fällen ist daher die herkömmliche Abstammungssicherung über Mikrosatelliten nicht mehr nötig.
- Aus indirekten Tests (z.B. „Finderliste Stiermutterkonflikte“) darf niemals ohne vorherige Abstammungssicherung über Mikrosatelliten oder SNP-Information eine Eintragung oder eine Änderung im Herdebuch abgeleitet werden.

Achtung auf Verwechslungen bei der Probennahme!

- Fehler bei der Tierkennzeichnung oder Probennahme führen häufig zu Konflikten zum Vater und falls genotypisiert auch zur Mutter. Ist die Mutter nicht genotypisiert, kommt es meist zum Konflikt mit dem Muttersvater. In solchen Fällen dürfen keinesfalls die über SNP-Informationen ermittelten ‚möglichen Eltern‘ eingetragen werden.
- Wir empfehlen in diesen Fällen das Einsenden einer neuen Probe. Fehlerursachen, die zum Verwechseln von Proben führen könnten, sollten systematisch analysiert und ausgeschaltet werden.
- Besonders sorgfältig muss bei Nachkommen aus **Embryotransfer** oder **Zwillingen** vorgegangen werden. Verwechslungen zwischen Vollgeschwistern können auch über die Genominformation nicht erkannt werden!

Abstammungssicherung im Rahmen der GS: Best Practice

I.

1.1 Probennahme und Einsendung der Probe (AIT) im Rahmen der genomischen ZWS wie bisher.

1.2 **Für Kälber aus ET:** Unmittelbar nach der Probenahme beauftragt der Zuchtverband entsprechend seiner Zuchtbuchordnung den LKV mit der **Erfassung der Abstammung entsprechend** des vorliegenden **ET-Scheines**. Der **LKV erfasst die genetische Mutter** und bei Spülungen mit nur einem Stier auch den Vater.

II:

Beim Laden der SNP-Daten in den RDV erfolgt eine **automatische Überprüfung bzw. Suche des Vaters bzw. der genetischen Mutter**. Der einsendende Zuchtverband erhält von der ZuchtData eine **Liste (Excel) mit dem Ergebnis der Abstammungsuntersuchung** per Email.

III:

Der **Zuchtverband überprüft die Plausibilität**. Plausible Vorschläge die auf einem direkten Abstammungstest beruhen (siehe oben) werden über den **zuständigen LKV in den RDV eingetragen**. **Nicht genotypisierte Eltern** müssen entsprechend der Festlegung in der Zuchtbuchordnung vor einer Eintragung in den RDV über **SNP-Genotypisierung oder Mikrosatellitenuntersuchung bestätigt** werden.

IV:

Nicht plausible Ergebnisse aus SNP-basierten Abstammungsuntersuchungen liegen vor, wenn diese **nicht mit Besamungen in Einklang gebracht** werden können, oder wenn **Vater UND Mutter** (bzw. Muttersvater, wenn die Mutter nicht genotypisiert ist) im **Konflikt zur Abstammung im Herdebuch** stehen. Da in diesen Fällen eine Probenverwechslung wahrscheinlich ist, ist eine neuerliche Probe zu ziehen.

Wien, am 23. Februar 2017

Ihr ZuchtData-Team