

# Möglichkeiten der molekularen Rinderzucht



Johann Sölkner



# Gliederung

- Einleitung
- Molekulare Marker
- Suche nach wichtigen Genen
- Molekulare Zuchtwertschätzung
- Auswirkung auf Zuchtprogramme

# Versprechen der Molekulargenetiker

- Prof. Förster, LMU München, 1995  
„Informationen zur Wirkung von Genen auf Leistungsmerkmale werden recht bald die Leistungsprüfung ersetzen“

# Skepsis der quantitativen Genetiker

- Prof. Essl

„Selbst wenn wir Gene mit großer Wirkung finden, werden wir niemals genug über deren Aktion und Wechselwirkung wissen, um den Zuchtwert von Tieren ausreichend zu beschreiben“

# Ein möglicher Weg

- Meuwissen, 2002
- Alternative Nutzung der molekularen Information
  - Keine Suche von Genen
  - Einbau aller vorhandenen molekularen Informationen in die Zuchtwertschätzung
- Simulation
  - vielversprechend bei vielen Markern (>1000)

⇒ Genomische Selektion

# Das Genom

- 4 Basen-Bausteine
  - Adenin
  - Cytosin
  - Guanin
  - Thyrosin
- ~ 3 Mrd Bausteine, in 30 Chromosomenpaaren (1 – 29, X/Y)

# Das Genom

- Sequenz von 3 Basen codiert für eine Aminosäure
- Proteine und Enzyme sind Aminosäurenketten

# Das Genom

- Beim Menschen 2002 erstmals vollständig sequenziert (2005 beim Rind)
- In 50.000-100.000 Genen organisiert
- 99 % der Sequenz ist identisch bei allen Individuen einer Art



# Molekulare Marker

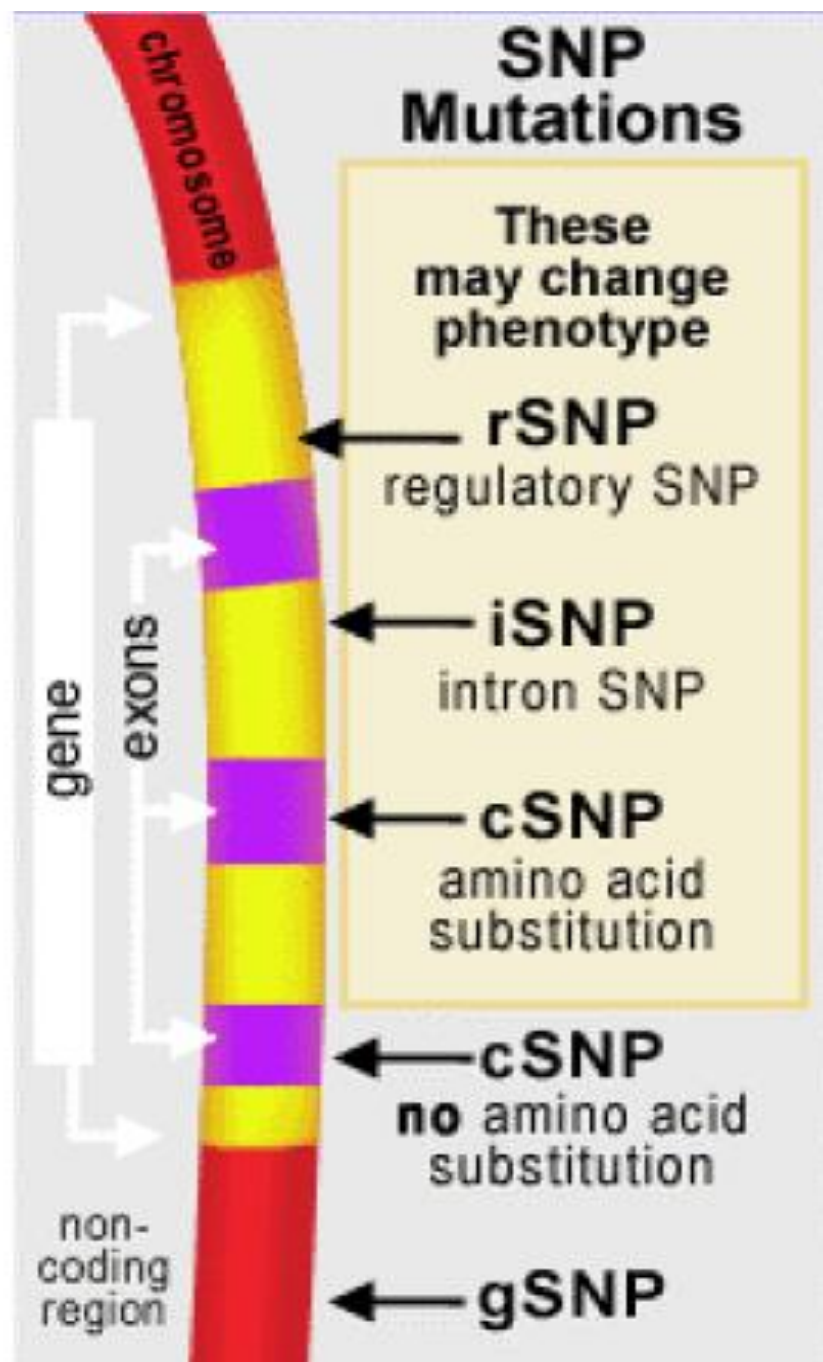
- Mikrosatelliten
- SNP

# Mikrosatelliten

- Regionen der DNA, in denen sich kurze Sequenzen (2-6) wiederholen
  - ...GCACTCCATATAT...ATATGCATCG...
- Hoch variabel
- Hoch mutabel
- Abstammungskontrolle mit 10-20 Mikrosatelliten ist möglich
- Beim Rind sind Tausende bekannt und Chromosomen zugeordnet

# SNP

- „single nucleotide polymorphisms“
- Regionen der DNA, in denen Basen in mehr als einer Variante vorkommen
  - ~1 % des Genoms



# SNP Chips

- Genotypisierung einer großen Anzahl von SNP ist technisch kostengünstig möglich
- Mensch: 500.000 SNP um 200 €
- Rind: demnächst 30.000 SNP um 200 €

# Suche nach Genen mit Einfluß auf Leistung

- Grobkartierung mit ~ 300 Mikrosatelliten
- Feinkartierung von vielversprechenden Regionen mit mehr Mikrosatelliten
- Kartierung mit SNP
  
- Der Schritt von der Eingrenzung der Region zur Leistungsunterschiede verursachenden Mutation ist äußerst schwer

# DGAT1

- Derzeit einziges Gen beim Rind, dessen verursachende Mutation und Funktion bzgl. eines Leistungsmerkmals geklärt wurde (TU München)
- Großer Effekt auf Fettgehalt
  - Variante, die für hohen Fettgehalt codiert, verursacht auch eine geringere Milchmenge
  - Nettoeffekt gering

# Weitere Gene

- Kandidaten für Fleischqualität
- Sehr eng eingegrenzte Regionen für mehrere Merkmale
- Gen für Wurfgröße beim Schwein



# SNP-Projekt in Australien

- 15.000 SNP bei 1.500 HF-Stieren
  - Nachkommengeprüft, sichere Information über den Zuchtwert für viele Merkmale
- Ideal zur Überprüfung von Ansätzen zur genomischen Selektion
  - ⇒ molekulare Zuchtwertschätzung
- Datensatz ist (noch...) weltweit einzigartig

# Molekulare Zuchtwertschätzung

- Entwicklung einer Schätzformel mittels multipler Regression der sicher geschätzten Zuchtwerte auf SNP Genotypen (codiert als 0,1,2)
- Wege zur Nutzung der SNP-Info:
  - Variablenselektion mittels „genetischem Algorithmus“
  - „partial least squares“

# Molekulare Zuchtwertschätzung

- Wichtig!!
  - Überprüfung der Qualität der Schätzung an Tieren, die bei der Entwicklung der Schätzformel nicht beteiligt waren

<b>Merkmal</b>	<b>Sicherheit der molekularen ZWS</b>
<b>Gesamtzuchtwert</b>	<b>65 %</b>
<b>Eiweissmenge</b>	<b>60 %</b>
<b>Gesamtnote Exterieur</b>	<b>58 %</b>
<b>Fruchtbarkeit</b>	<b>54 %</b>
<b>Zellzahl</b>	<b>30 %</b>

# Vorgeschätzter Zuchtwert von Teststierkandidaten („Ahnenindex“)

- Mittelwert der geschätzten Zuchtwerte von Vater und Mutter
- Sicherheit:  
Sicherheit Vater / 4 + Sicherheit Mutter / 4
- Theoretisch maximale Sicherheit von 50 %
- Milchleistung: ~ 35 %
- Fruchtbarkeit: ~ 20 %

# Nächste Schritte

- Entwicklung einer Methode zur Kombination des molekularen Zuchtwerts mit dem vorgeschätzten Zuchtwert
- Zuchtplanungsrechnungen

# Potenzielle Auswirkungen

- „Billige“ Methode, um Teststierkandidaten besser selektieren
  - 1000 x 200 € für die Entwicklung der Schätzformel für eine Rasse
  - 200 € pro Teststierkandidat

# Potenzielle Auswirkungen

- Verschiebung des Zuchtfortschritts in Richtung Fitness-Merkmale
- Grund: Gute Sicherheit auch für die niedrig heritable Fruchtbarkeit
- Methodik ist noch zu prüfen



# Potenzielle Auswirkungen

- Änderung der Leistungsprüfung???
- Testherden mit extrem gut kontrollierter Information (bis zu Blutwerten) über Kühe

# Schluss

- Genomische Selektion / Molekulare ZWS ist erfolgversprechend
- Die österreichische Rinderzucht hat hohes innovatives Potential
- Wege der Umsetzung werden diskutiert