

Brauchen wir alternative Zuchtprogramme?

Fortbildungsseminar des Ausschusses für Genetik der ZAR
"Neue Selektionskriterien und Zuchtstrategien in der Rinderzucht"
Salzburg, 15. März 2007

Univ. Prof. Dr. Hermann H. Swalve
Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften
Professur für Tierzucht

Gliederung

- ❖ Einführung: Mögliche Gründe für alternative Zuchtprogramme
- ❖ Formen von Reinzuchtprogrammen / Reorganisation der Leistungsprüfung
- ❖ Zuchtprogramme und Nachhaltigkeit
- ❖ Leistungsprüfung für neue Merkmale
- ❖ Biotechnologie und Molekulargenetik
- ❖ Schlussfolgerungen

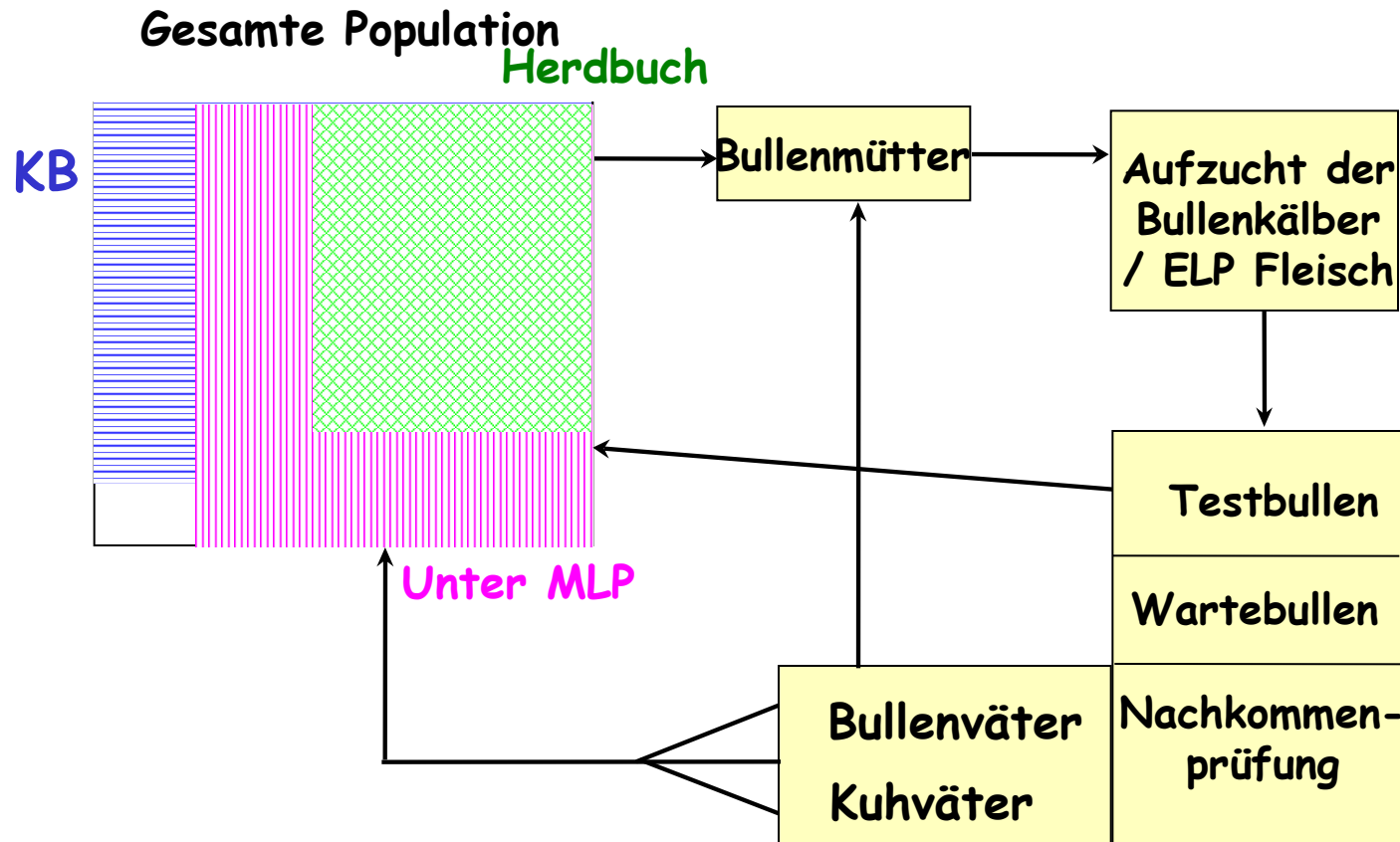
Alternativen suchen - Weshalb?

- ❖ **Kosten der Leistungsprüfung, Wegfall staatlicher Unterstützung;
Optimierung der LP zur Nutzung größtmöglicher additiv-genetischer Varianz**
- ❖ **Nachhaltigkeit wird gefordert**
- ❖ **Neue Indexmerkmale nötig**
- ❖ **Auswirkungen Bio- und Molekulargenetik**

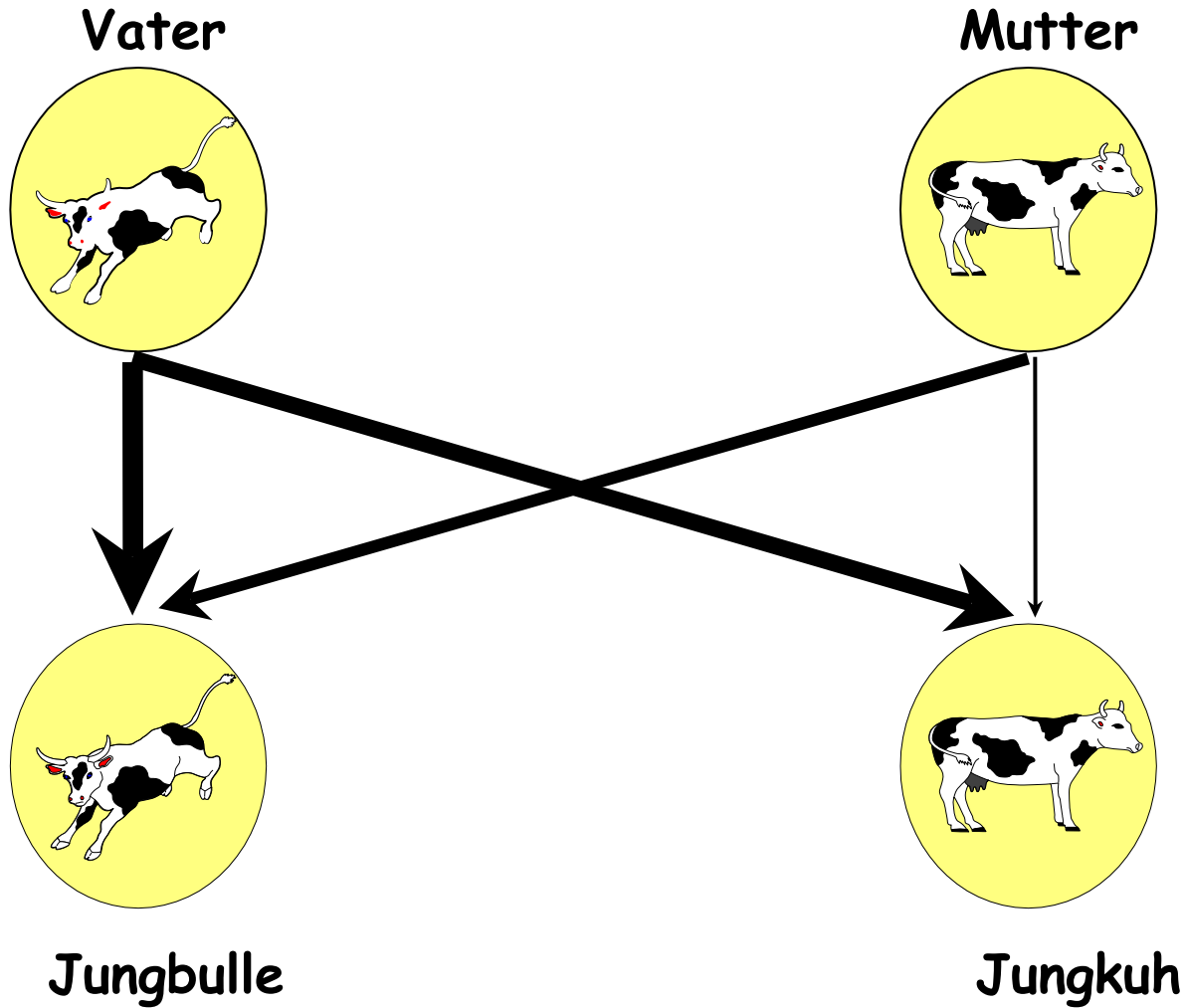
Konventionelles Besamungszuchtprogramm

- ❖ Zuchtziel: Milchleistung, Funktionalität / Nutzungsdauer, Fleischleistung
- ❖ Hauptmerkmal Milchleistung ist geschlechtsgebunden
- ❖ Nachkommenprüfung wichtig, aber teuer

Konventionelles Besamungszuchtprogramm



Die vier Pfade der Selektion



Intensivierungsmaßnahmen für heutige Zuchtprogramme

Testeinsatz der Jungbullen

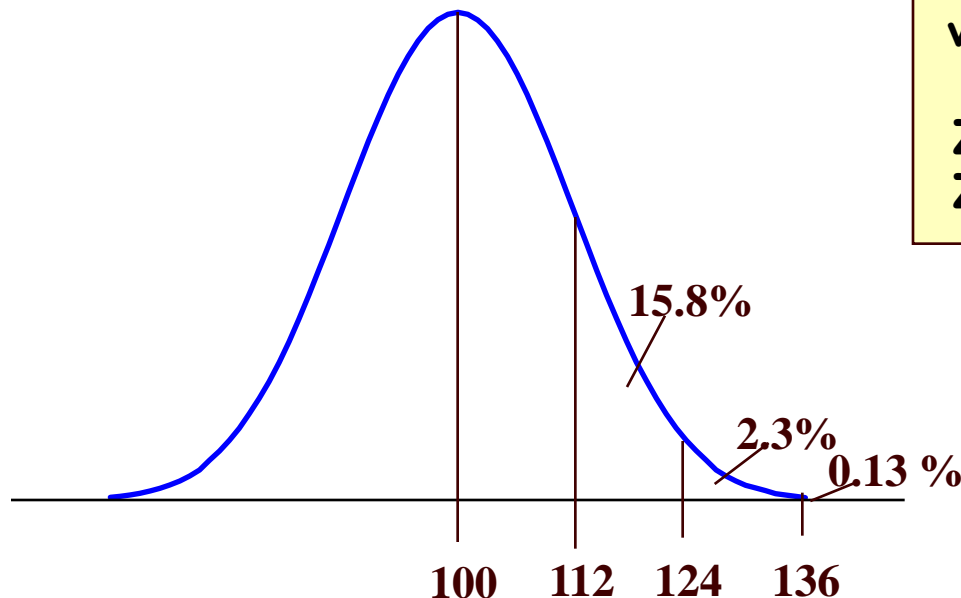
Fragen aus züchterischer Sicht:

- Wieviele Bullen soll man testen?
- Wieviele Töchter sollen diese Bullen haben?

→ **Alter Grundsatz:**
Möglichst viele Bullen testen, da

Auch wichtig: Töchterzahl
Annahme: Überlegenheit (DYD)
von +1000 kg Milch

ZW bei 40 Tö.: +1530 (76%)
ZW bei 100 Tö.: +1780 (89%)



Wie kommt der Bulle in die Topliste?

Die für einen Verband interessierende Wahrscheinlichkeit, aus den getesteten Bullen auch Bullen in Toplisten der Zuchtwertschätzung wiederzufinden, hängt u.a. von folgenden Faktoren ab:

- ❖ Zahl der getesteten Bullen, relativ zu allen Bullen und relativ zur Größe der Topliste
- ❖ Selektionsschärfe der Testbullen (ZW der Bullenväter und Bullenmütter)
- ❖ Anzahl Nachkommen je Testbulle in der ZWS
- ❖ **Varianzverhältnisse im Gebiet, in dem die Bullen getestet werden**

Nachfolgend: Ergebnisse zu den beiden Fragestellungen

1. Zahl der getesteten Bullen, relativ zu allen Bullen und relativ zur Größe der Topliste
2. Varianzverhältnisse im Gebiet, in dem die Bullen getestet werden

Hierzu: Theoretische Betrachtung (Swalve und Dietl, 2001)

- ❖ Vereinfachtes Modell
 - ❖ Betrachtung nur eines Merkmals
 - ❖ Keine Verwandtschaft der Bullen
 - ❖ Indexkalkulation zur Zuchtwertschätzung
- Nur bedingter Vergleich mit nationaler ZWS möglich
- Die Betrachtungen sollen vielmehr dazu dienen, Trends aufzuzeigen

Theoretischer Hintergrund:

Die Varianz der geschätzten Zuchtwerte hängt von den in der BLUP-Zuchtwertschätzung verwendeten (Ko)Varianzen und den wahren (Ko)Varianzen im Testgebiet ab!

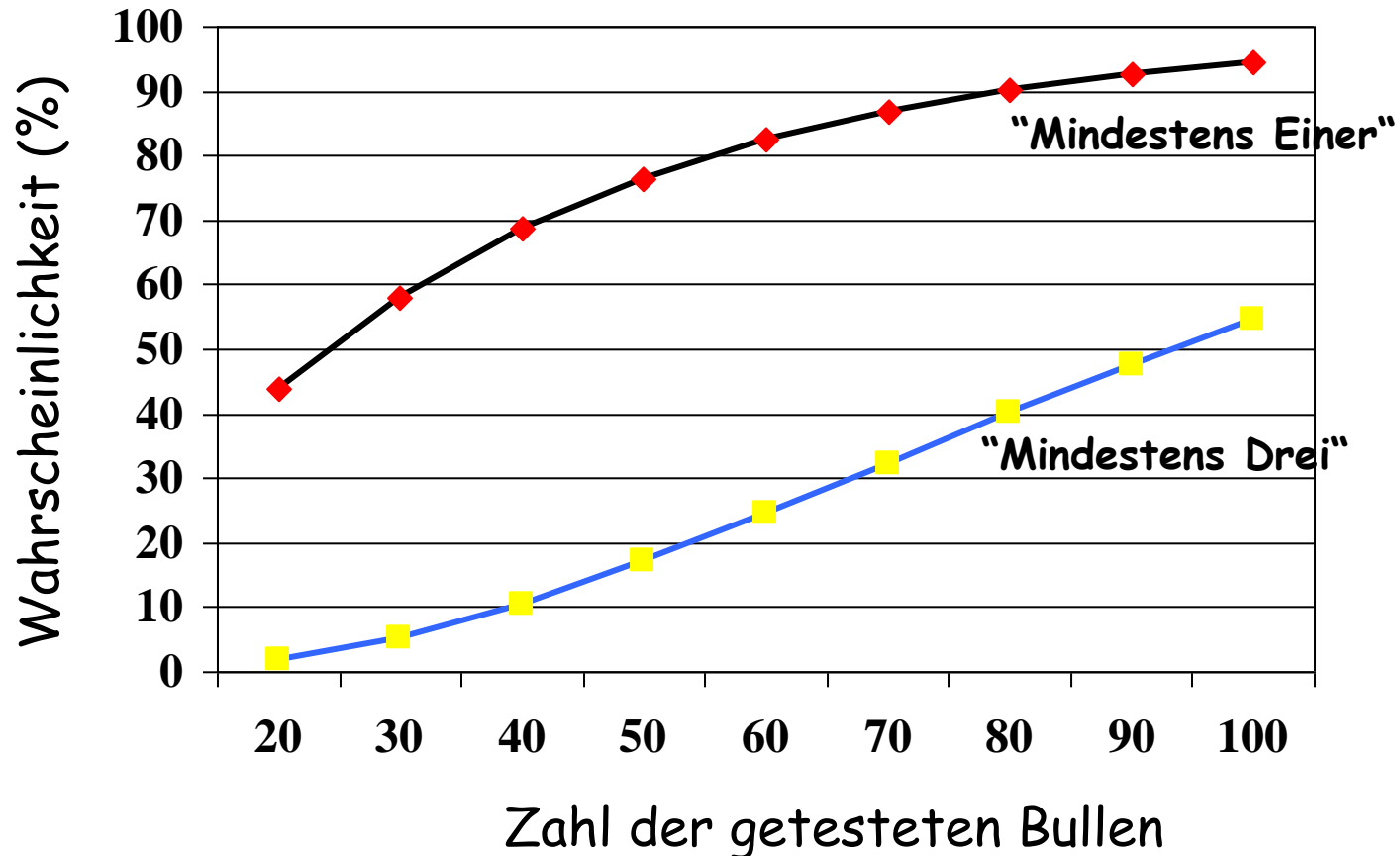
Formen von Reinzuchtprogrammen

Die Wahrscheinlichkeit (%) für einen Verband mindestens 1 oder 3 Bullen in eine Topliste der Größe 20 zu bekommen bei unterschiedlicher Zahl der getesteten Bullen je Jahr

Annahmen: Anzahl getesteter Bullen = 700

Der interessierende Verband testet 20, 30, .. , 100 Bullen

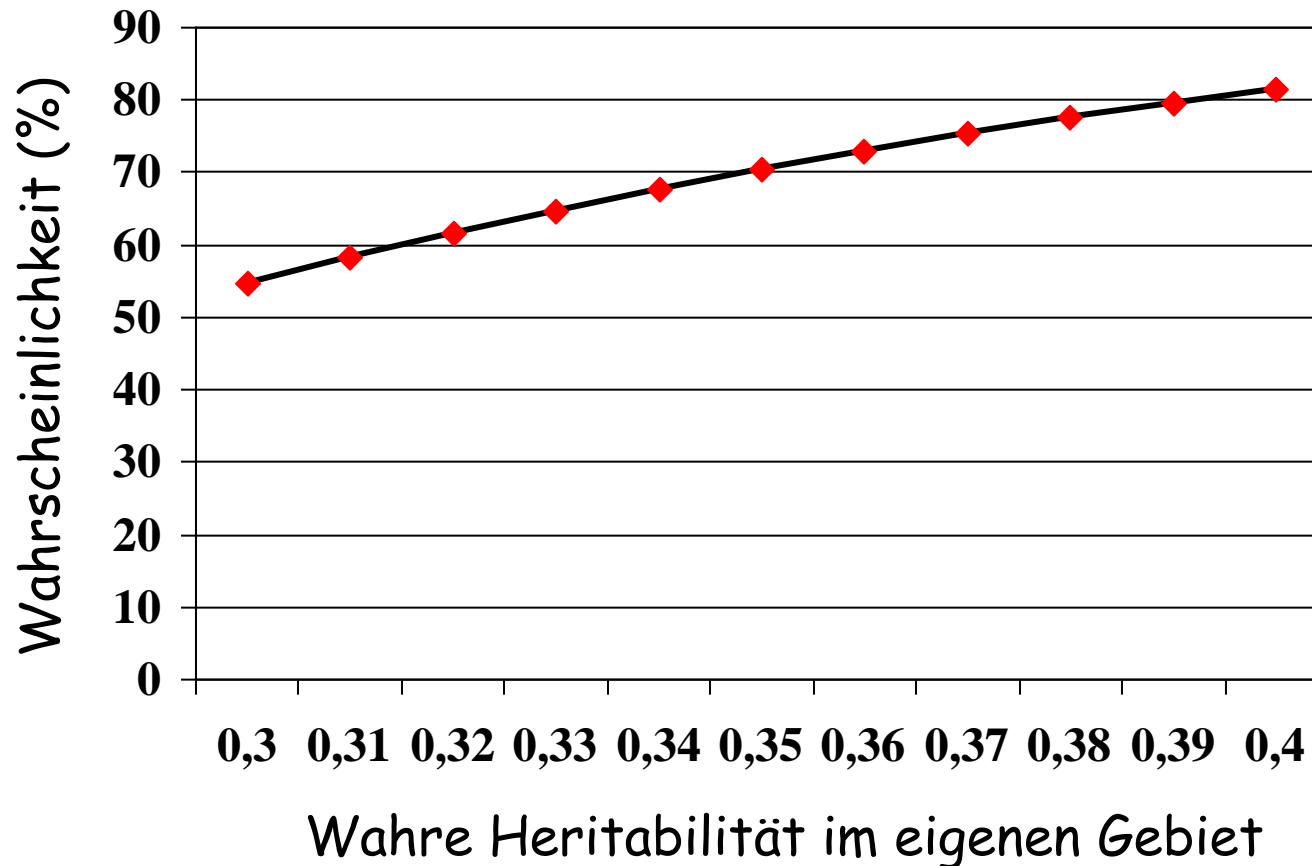
Alle Varianzverhältnisse sind gleich und so wie in der ZWS



Formen von Reinzuchtprogrammen

Die Wahrscheinlichkeit (%) für einen Verband mindestens 3 Bullen in eine Topliste der Größe 20 zu bekommen bei unterschiedlicher wahrer Heritabilität im eigenen Verbandsgebiet

Annahmen: Anzahl getesteter Bullen = 700, der Verband testet 100
Die wahre h^2 variiert von 0.30 ... 0.40
In der ZWS wird .30 verwendet, in allen anderen Gebieten gilt dies auch



Schlussfolgerungen Testeinsatz

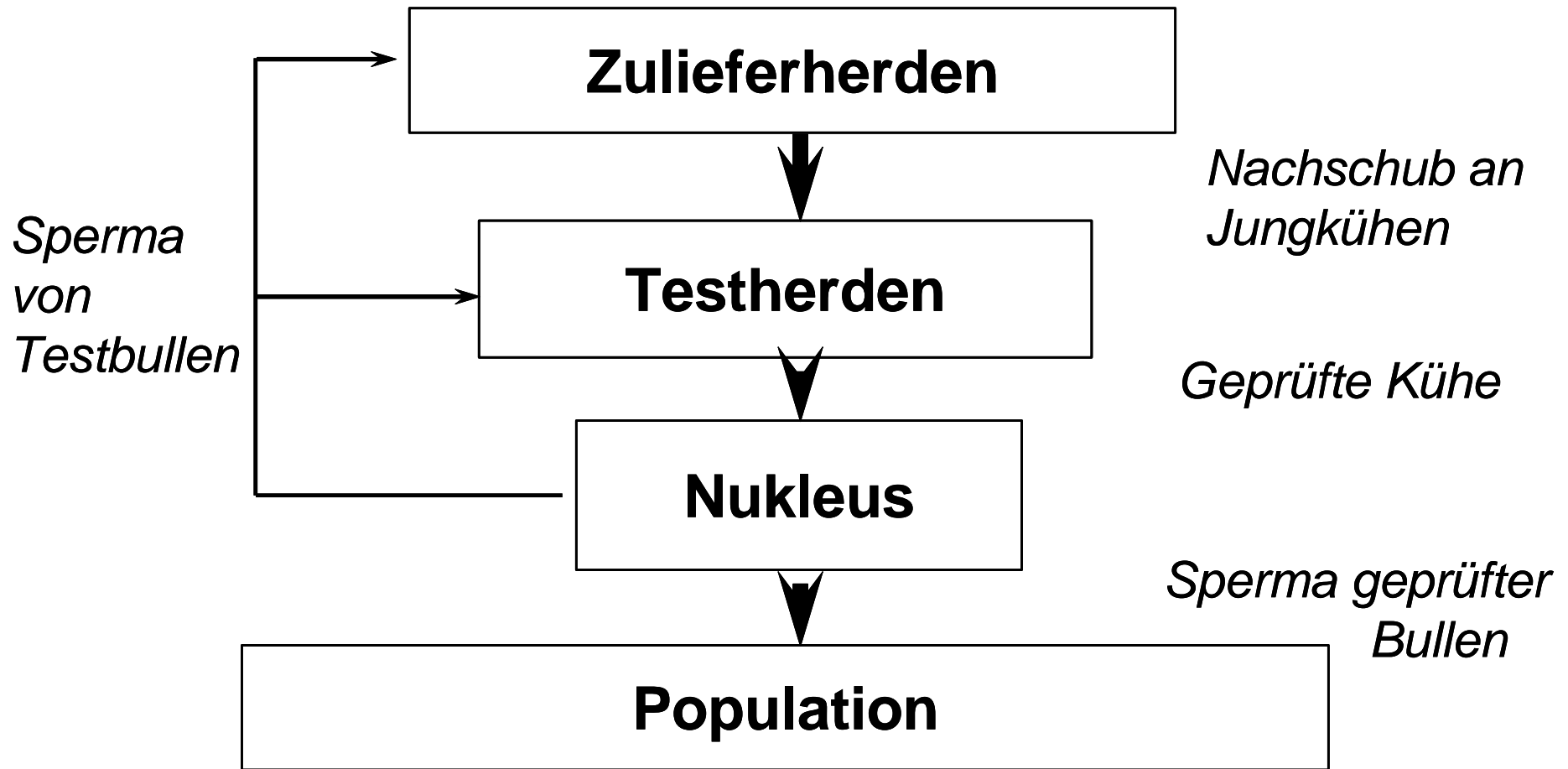
- ❖ Ein kleiner Verband mit nur wenigen Testbullen je Jahr hat auch nur sehr geringe Chancen, Bullen in Toplisten zu placieren
- ❖ Falls die wahren Varianzverhältnisse in einem bestimmten Verbandsgebiet von denjenigen der anderen Gebiete abweichen, so bleibt dies nicht ohne Einfluss auf den Erfolg in der Topliste. Dies gilt auch dann, wenn in der ZWS einheitliche Parameter unterstellt wurden
- ❖ Durch die sehr vereinfachten Kalkulationen dürften diese Auswirkungen in der Praxis aber weniger drastisch sein, als hier dargestellt wurde

Nukleusprogramme

- ❖ ursprünglich für Situationen mit schwacher
- ❖ Infrastruktur entwickelt

- ❖ Wichtige Vorteile:
 - ❖ Zentrale Kontrolle über alle Aktivitäten
 - ❖ Keine Datenerhebung im Feld nötig
 - ❖ Ideal, um Technologien anzuwenden
 - Biotechnologie
 - Molekulargenetik
 - Erfassung schwieriger Merkmale

Nukleuszuchtprogramm n. Hinks (1978)



MOET-Nukleusprogramme

(Nicholas and Smith, 1983)

- ❖ Embryo Transfer zur Steigerung der Reproduktionsrate der Kühe
 - ❖ Senkung des Generationsintervalls so weit, wie möglich
 - ❖ Nutzung aller Verwandten in der Zuchtwertschätzung
 - ❖ Steigerung der Selektionsintensität, so weit, wie möglich
(aber immer noch niedriger als im Feld)
- ➔ Straffe Organisation fördert Zuchterfolg

MOET Nukleusprogramme - Probleme

- ❖ Inzucht
- ❖ Hygienerisiken
- ❖ Akzeptanzprobleme, wenn Sperma von Bullen verkauft werden soll, die nur innerhalb eines Nukleus geprüft wurden
- ❖ Erfolgsrate des Embryotransfer geringer als erwartet

Modifikationen traditioneller Programme

- ❖ **MAS bzw. GAS bei Bullenmüttern und Söhnen**
- ❖ **Reduktion des Generationsintervalls**
 - **Selektion junger Bullenmütter (Extrem: Rinder oder Kälber)**
 - **Jungbullen zur Eliteanpaarung**
- ❖ **Steigerung der Reproduktionsrate**
 - **ET bei Bullenmüttern obligatorisch**
 - **Sexing**
 - **OPU**
- ❖ **Bullenmütterprüfung auf Station**
 - ➔ **Bisher 3 Beispiele in Deutschland (OHG, NOG, SRV)**

Probleme der herkömmlichen Nachkommenprüfung beim Milchrind

- ❖ Milchrindpopulation verkleinert sich um 3-4 % jährlich
→ Sicherstellung der Testbasis nötig
- ❖ MLP kann nur Daten liefern, die auch flächendeckend erhoben werden können
- ❖ Planbarkeit des Testeinsatzes ist u. U. schwierig (besonders in manchen Regionen)
- ❖ Sonderbehandlungen möglich
- ❖ Abstammungssicherheit u. U. nicht besonders gut

Welche Daten liefert die MLP derzeit?

- ❖ Milchmerkmale
- ❖ Milchfluss (wenn Lactocorder auch "flächendeckend")
- ❖ Zellzahlen
- ❖ Geburts-, Kalbe-, Abgangsdaten
 - Nutzungsdauer
 - Kalbeverlauf, Totgeburten
- ❖ In Verbindung mit Besamungsdaten: Daten zur Fruchtbarkeit

Welche Daten kommen hinzu?

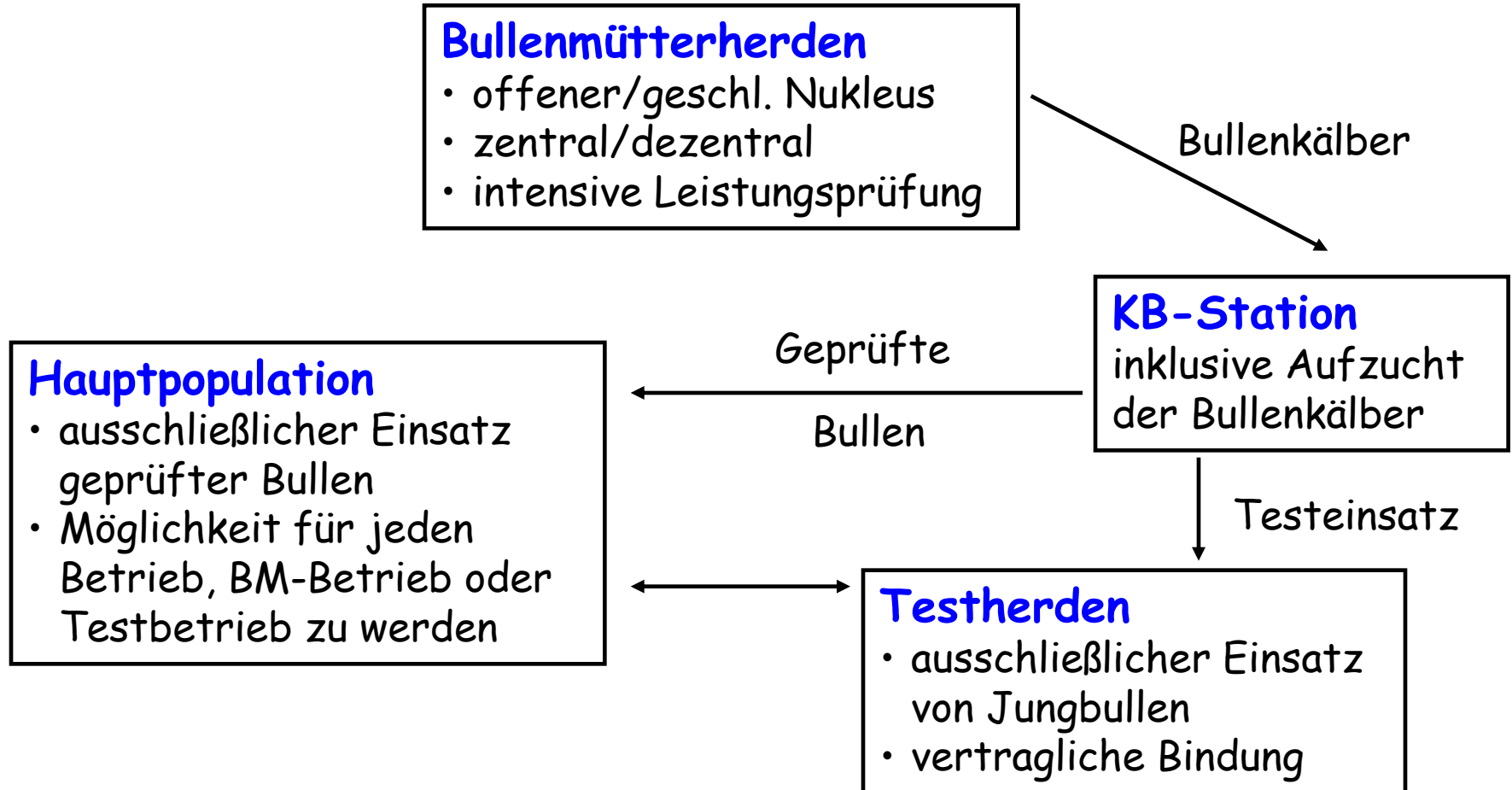
- ❖ **Alle Arten von Herdbuchdaten**
- ❖ **Lineare Beschreibungen**
- ❖ **Gesundheitsmonitoring**

Testherden: Beispiel Neuseeland

- ❖ schon seit mehr als 30 Jahren eingeführt
- ❖ 400 Betriebe
- ❖ 300 Testbullen / Jahr (150 HOL, 90 JE, 60 KRZG)
- ❖ 13.000 Kühe → 433 Anpaarungen je Bulle
- ❖ Mindestanforderungen: 80 Kühe/Betrieb

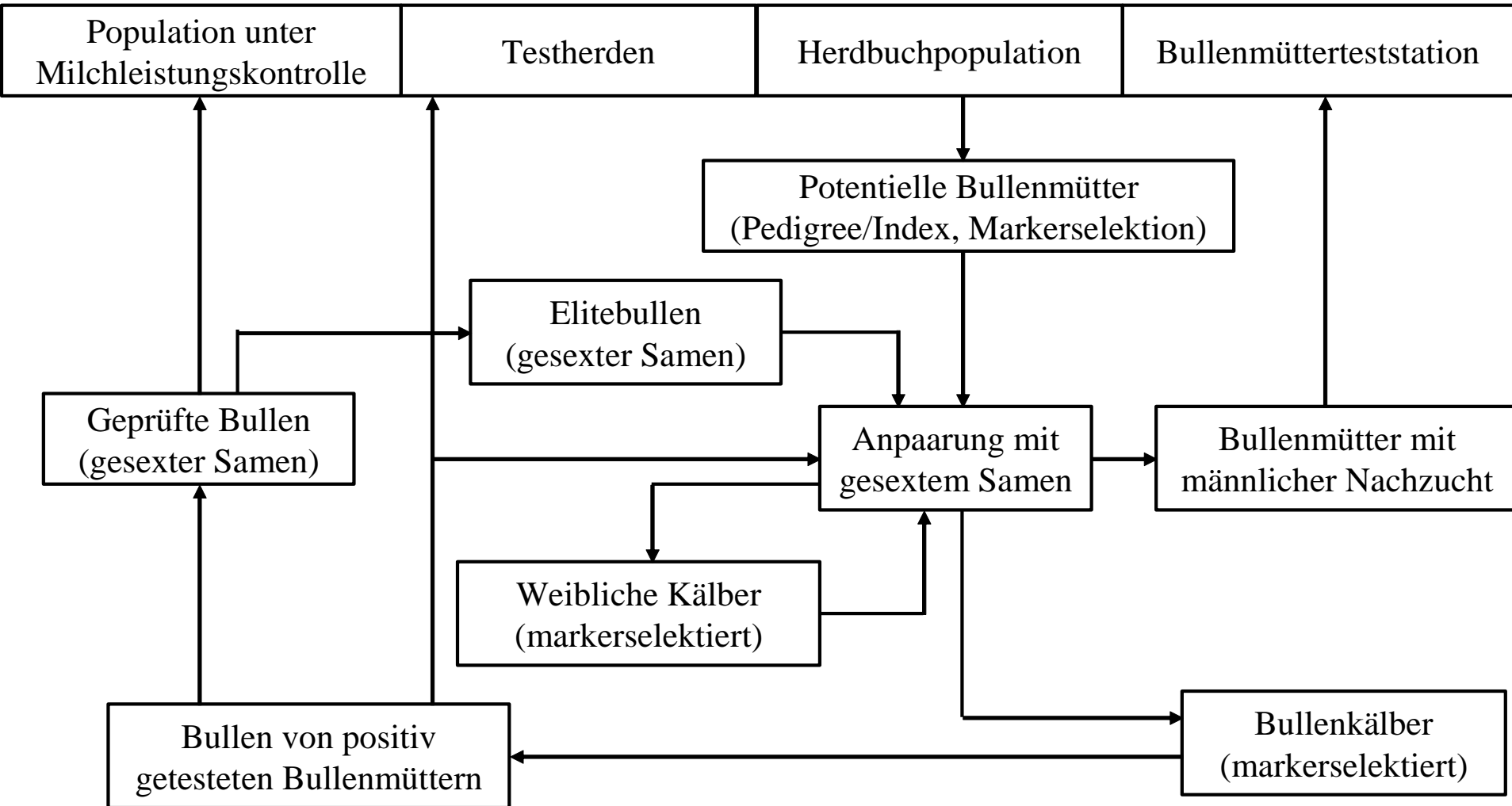
Schema eines intensiven Zuchtprogrammes

(Swalve, 1989)



Modernes Zuchtprogramm für Milchrinder

(Swalve, 2004)



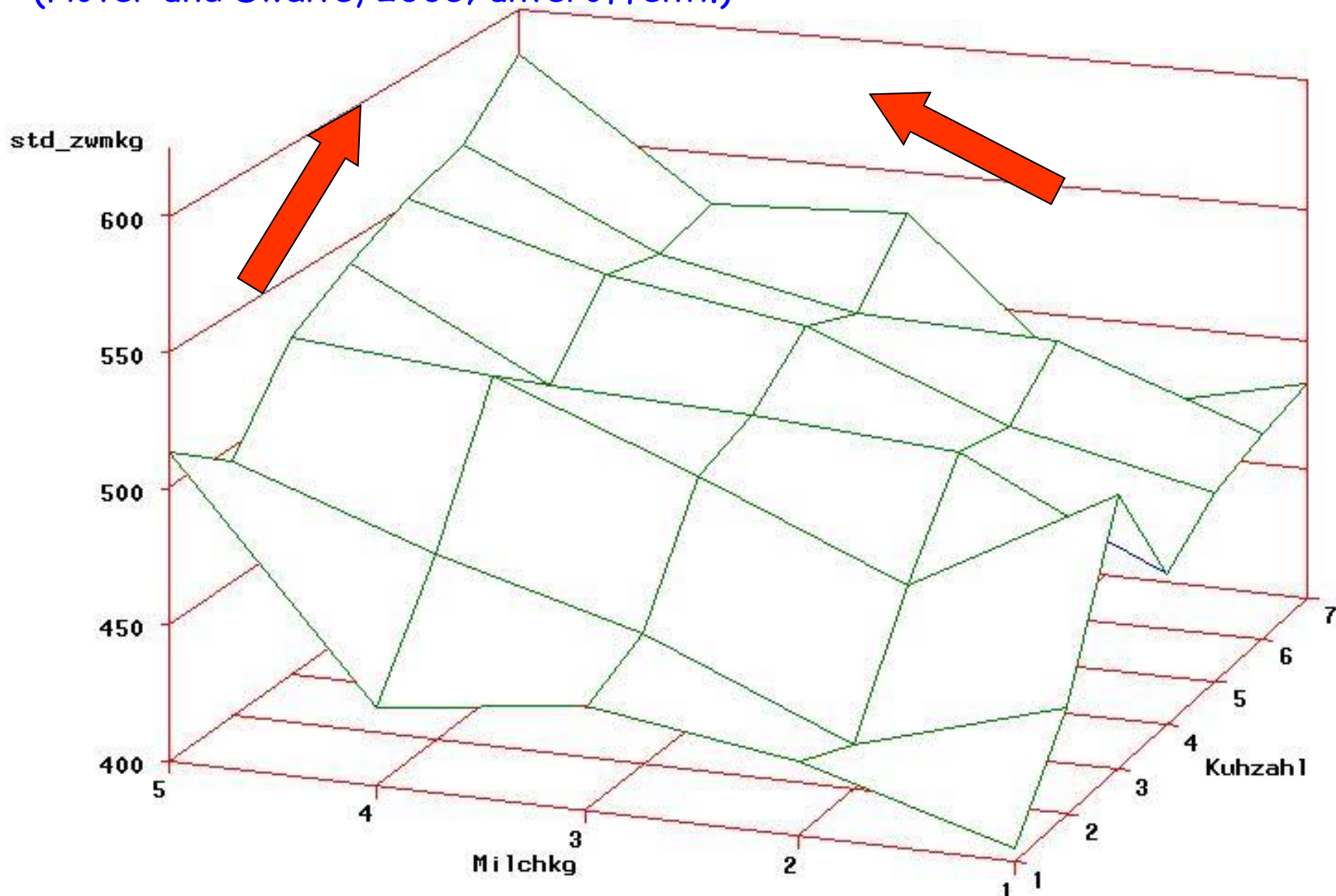
Was qualifiziert einen Betrieb zum Testbetrieb?

- ❖ Größe
 - kleine Betriebe haben zu wenige Vergleichstiere
 - kleine Betriebe erfüttern das genetische Potential meist nicht
- ❖ Leistungsniveau ab Mittel der Population
 - **Große, leistungsstarke Betriebe zeigen höhere Heritabilitäten**
- ❖ Bereitschaft zur Dokumentation (und Mehrarbeit)

Formen von Reinzuchtprogrammen / Reorganisation der Leistungsprüfung

Streuung der Kuhzuchtwerte, geschichtet nach Milchleistungs- und Herdengrößenklasse

(Höver und Swalve, 2005; unveröffentl.)



Vorteile von Testherdenprogrammen

- a) Sicherung der Testkapazität in Zeiten rückläufiger Besamungszahlen
- b) Erhebung von Merkmalen zusätzlich zu denjenigen aus der flächendeckenden MLP
- c) Verbesserung der Wiederfindungsrate (= Anzahl Töchter in Milch : Anzahl ausgegebener Spermaportionen je Testbulle)
- d) Effiziente Verteilung der Testbullen nach Versuchsplan
- e) Schaffung einer Datengrundlage für molekularbiologische Untersuchungen (QTL-Suche) und der Anwendung der markergestützten Selektion (MAS)
- f) Vereinfachte Logistik der Besichtigung von Nachkommengruppen (innerhalb der Zuchtorganisation; als Marketingaspekt hinsichtlich der Führung von Besuchern)

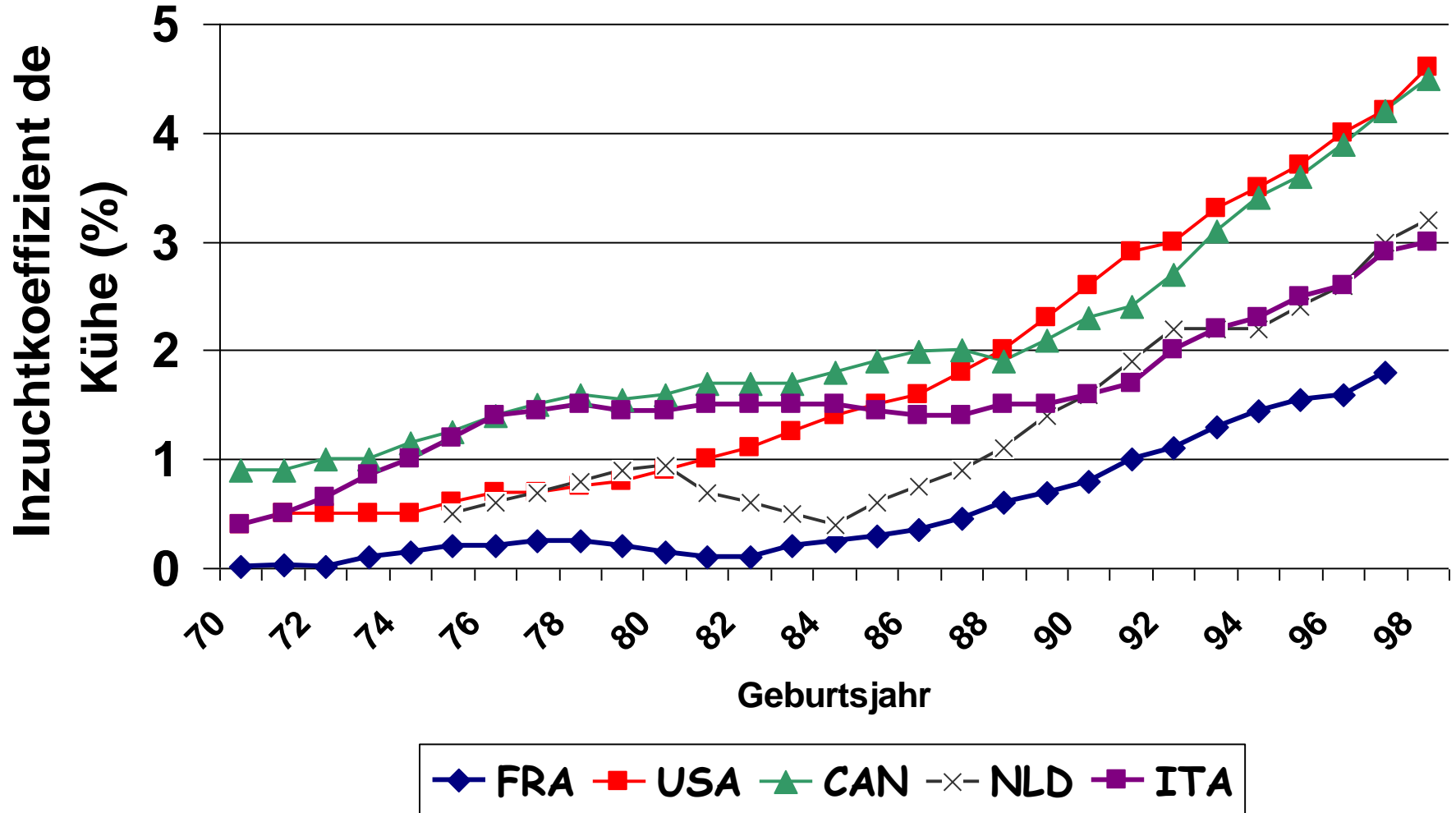
Erhalt genetischer Ressourcen

- ❖ Grundsätzlich keine Änderungen bei den Zuchtprogrammen
- ❖ Nötig aber: Verschiebung der Gewichte der einzelnen Selektionspfade
 - ➔ Beispiel Pinzgauer ➔ Hoher Anteil Teststierbesamungen



Inzuchtentwicklung international (Holstein)

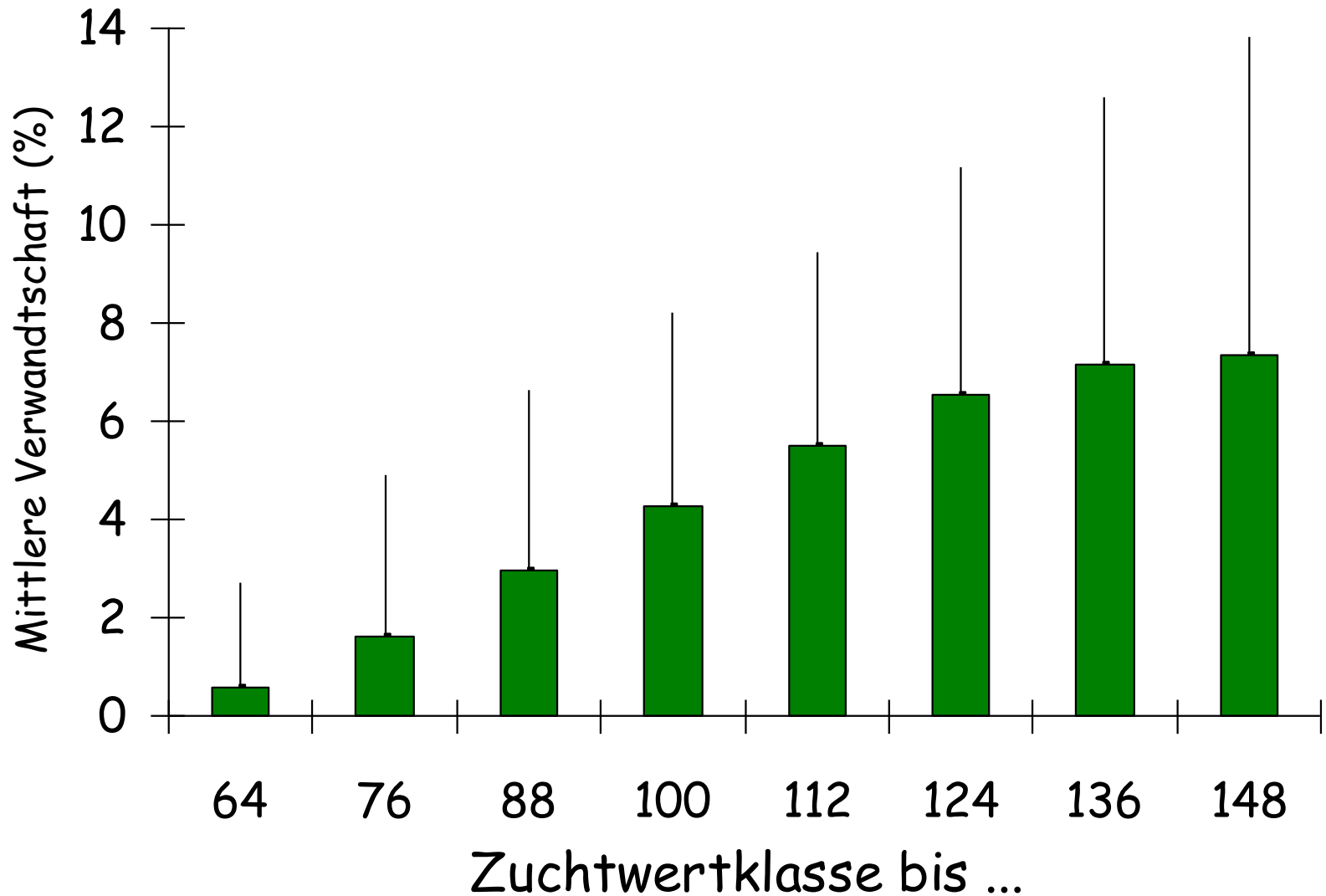
(Miglior, 2000)



Nachhaltigkeit und Zuchtprogramme → Inzucht

Mittlere Verwandtschaft \pm St.-abw. in Abhängigkeit von der Zuchtwertklasse bei deutschen Holstein-Bullen

(König und Simianer, 2003)



Weshalb ist Inzucht ein Problem?

- ❖ **Inzuchtdepression**
→ kein sehr großes Problem (s. nächste Folie)
- ❖ **Auftreten von Erbdefekten**
→ durch verbessertes Monitoring in den Griff zu bekommen
- ❖ **Einschränkung der Varianz gefährdet zukünftige Zuchterfolge**
→ hier liegt das Problem

Inzuchtdepression*): Literaturergebnisse

Autor	Land	Merkmal	Regression	% von σ_p
Hodges et al., 1979	USA	ZKZ	+ 0,2 Tage	
Hudson und Van Vleck, 1984	USA	ZKZ	+ 0,1 Tage	
Hoeschele, 1991	USA	Rastzeit ZKZ	+ 0,13 Tage + 0,11 Tage	
Miglior, 1992	CAN	Milch Fett	- 26,7 kg - 0,0005 %	2,4 0,2
Short, 1992	USA	Milch	- 22,6 kg	
Wiggans et al., 1997	USA	Milch	- 21,3 kg	
Smith et al., 1998	USA	Milch SCS LPL	-26,7 kg + 0,0002 - 5,9 Tage	1,5 0,1 1
Thompson et al., 2000	USA	Milch SCS Survival	-35,0 kg 0 - 0,25 %	

*): Regression von Leistungs- und Fitnessmerkmalen je % Inzuchtsteigerung

Inzucht begrenzen

- ❖ **Optimal genetic contribution (OGC)**
(Wooliams und Meuwissen, 1993; Meuwissen, 1997)
- ❖ **Maximierung des Zuchtfortschrittes unter Restriktion der additiv-genetischen Verwandtschaft der selektierten Tiere**

Züchterische Verbesserung funktionaler Merkmale

- ❖ Standarddaten (MLP, KB-Daten) bringen wenig
 - ❖ Erfassungsprogramme Gesundheitsdaten: Ein wichtiger Schritt vorwärts
 - ❖ Zukünftig: Neue Merkmale finden, die sich eng an die Physiologie anlehnen; Beispiele:
 - Stoffwechsel: Futteraufnahme, Energiebilanz, Effizienz
 - Eutergesundheit: Erregerspezifische Beprobung nach Plan
 - Reproduktion: Zyklusüberwachung
 - Fundament: Konkrete Befundung (nach Plan; Gesamtherde)
 - Exterieur: „Standardisierte“ Klassifizierung
- ➔ **Testherden!**

Biotechnologie

- ❖ Grundsätzlich züchterisch nur von gradueller Bedeutung (s. nächste Folie)

- ❖ Sperma-Sexing
 - Derzeit immer noch unbefriedigend
 - Mittlerweile 2 Anbieter
 - Wird aber kommen!

- ❖ Klonierung
 - Derzeit noch unbefriedigend
 - Epigenetische Effekte
 - Könnte auch in der breiten Praxis kommen

Genetischer Fortschritt bei Einsatz von Biotechnologie (Van Vleck, 1981)

	Selektionspfad				Δ G/Jahr (kg Milch)
	BV .79	KV .79	BM .65	KM .65	
Herkömmlich	2.153	1.400	1.985	.195	100
	4	20	6	90	
Gesextes Sperma	2.153	1.400	2.270	.880	115
	4	20	3	45	
Herkömmlich + ET	2.153	1.400	2.660	1.755	134
	4	20	1	10	
ET + weniger Bullen	2.420	2.420	2.660	1.755	158
	2	2	1	10	
ET + gesextes Sperma + weniger Bullen	2.420	2.420	2.900	2.064	166
	2	2	.5	.5	

Molekulargenetische Ansätze

- ❖ Identifizierung von Markern für die Markergestützte Selektion (MAS)
 - Ist ein erster Schritt
 - Ist die Grundlage für den zweiten Schritt (s.u.)
- ❖ Direkte Identifizierung von Genvarianten für die Gengestützte Selektion (GAS)
 - Erste Gene sind identifiziert (z.B. DGAT)!
 - Besonders wichtig bei funktionalen Merkmalen
- ❖ Genomische Selektion: Identifikation von Single Nucleotide Polymorphisms (SNP) → Zucht auf Haplotypen

Molekulargenetische Ansätze

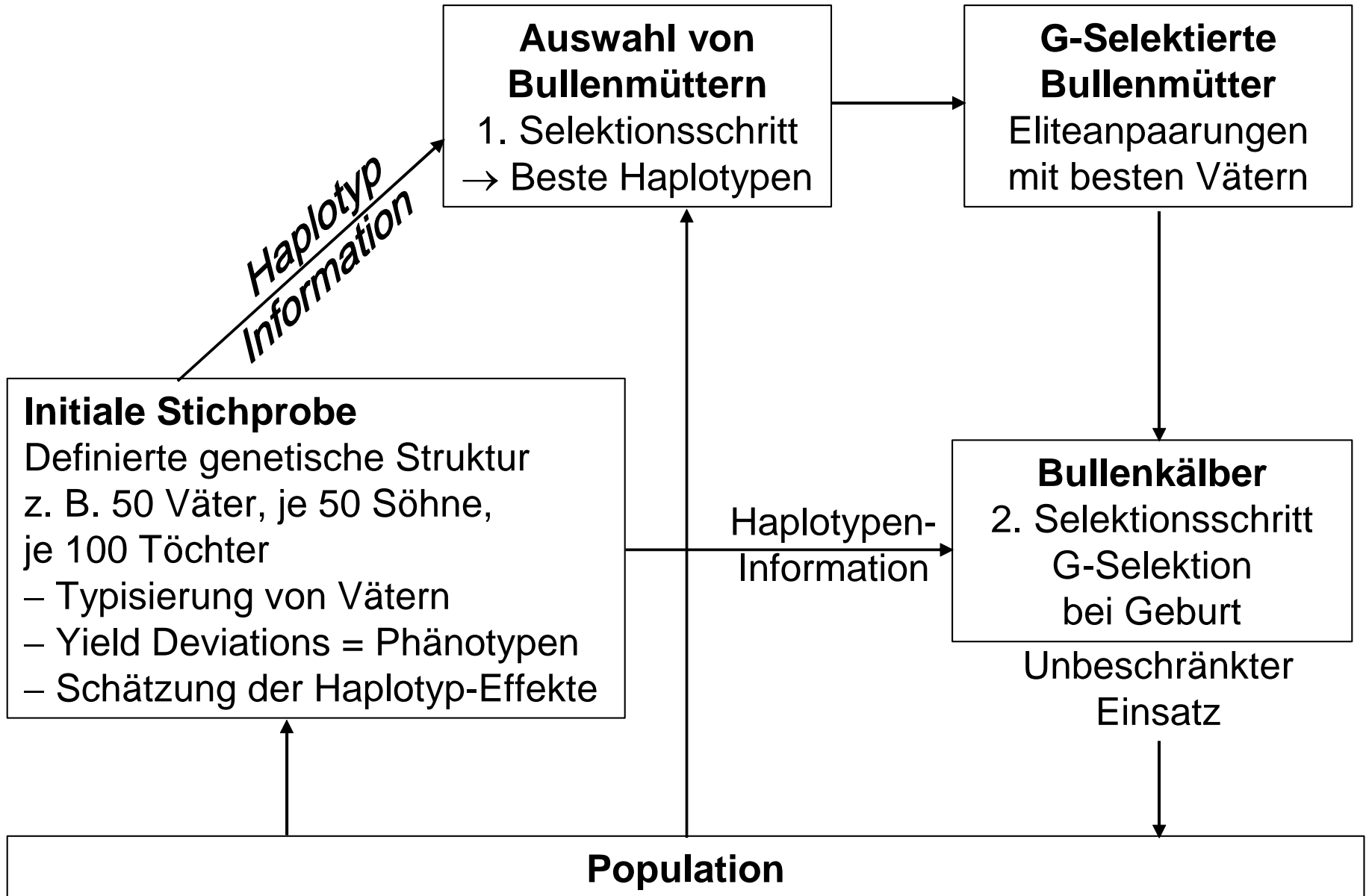
- ❖ Identifizierung von Genvarianten für qualitative Merkmale / Erbdefekte
 - es gibt schon viele Beispiele
- ❖ Gentransfer in der breiten Praxis
 - Nicht auszuschließen
 - Vermutlich aber noch weit weg

Genomische Selektion

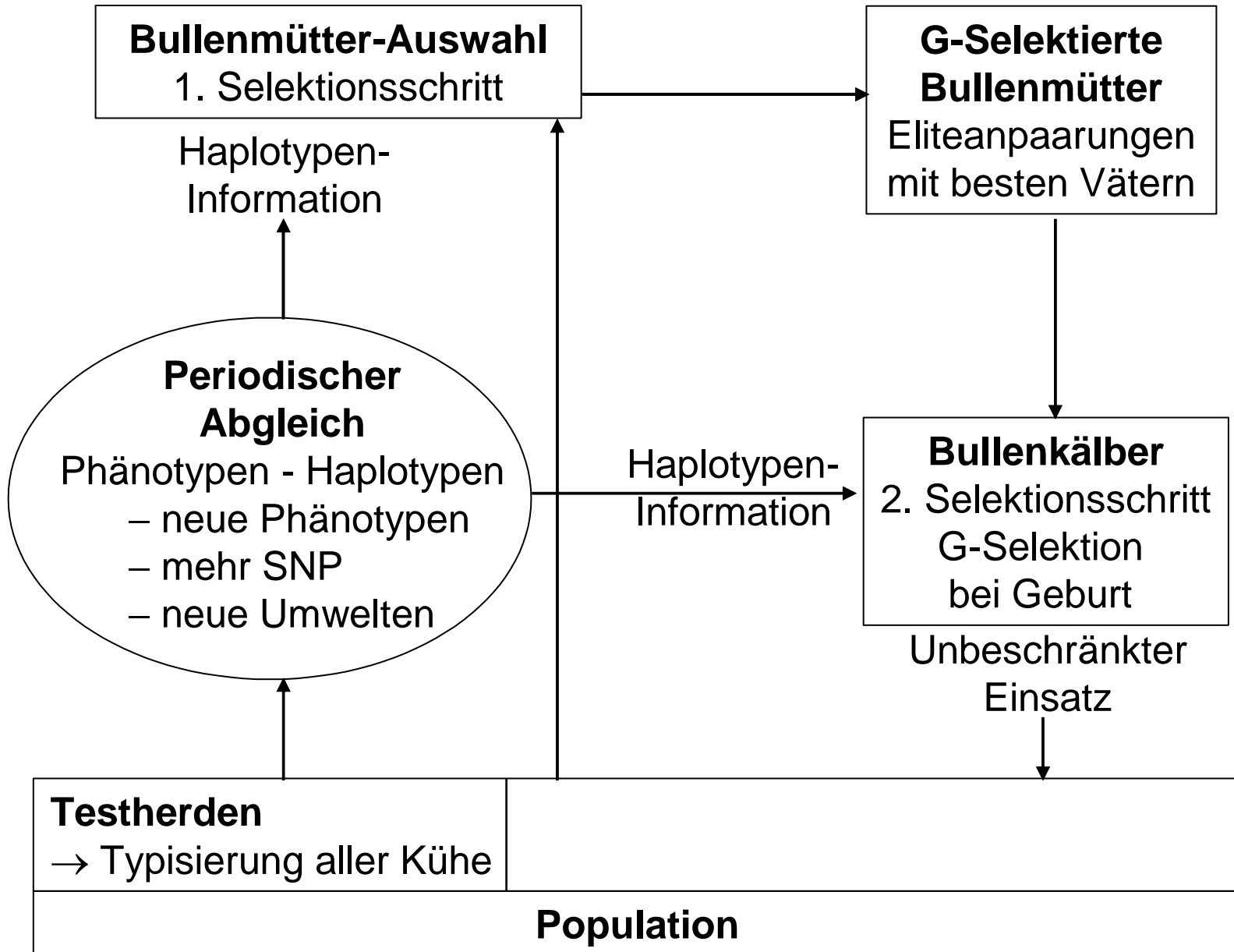
- ❖ An einer initialen Stichprobe von Tieren werden Typisierungen für möglichst viele SNP (z.B. 30.000 SNP je Chip) vorgenommen; die SNP sind gleichmäßig über alle Chromosomen verteilt
- ❖ Alle SNP werden innerhalb von Segmenten der DNA als Haplotypen auf mögliche Effekte hinsichtlich der Phänotypen geprüft → Identifizierung von Haplotypen mit signifikantem Effekt („ohne Ursachenforschung“)
- ❖ Zukünftige Selektion von Tieren (z.B. ab Geburt) basiert allein auf den identifizierten Haplotypen

Erfolg der Methode hängt wesentlich von der akkuraten Erfassung der Phänotypen in der „initialen“ Stichprobe ab

Genomische Selektion: Initialphase (n. Schaeffer, 2006)



Genomische Selektion: Weiterführung



Schlussfolgerungen

❖ **Alternative Zuchtprogramme werden kommen!**

❖ **Gründe:**

- **Kosten der LP**
- **Fortschritte Bio- und Gentechnologie**
- **Erhaltung der genetischen Varianz**

➔ **Nukleuszucht**

➔ **Testherden**