

Genomisch unterstützte Zuchtwertschätzung für Fleischrinder Start ist im Dezember 2023

Die Zuchtwertschätzung (ZWS) in deutschen Fleischrindpopulationen wird derzeit routinemäßig als rein konventionelle Methode mit einem BLUP-Mehrmerkmals-Tiermodell durchgeführt. Eine ausführliche Beschreibung der Datengrundlage, der verwendeten Schätzmodelle sowie Definition und Zusammensetzung der Indizes steht unter folgendem Link zum Download bereit:

<https://www.vit.de/vit-fuers-tier/zuchtwertschaetzung/zws-fleischrinder>

Dieses herkömmliche Verfahren kann durch die Anwendung genomischer Selektionsmethoden verbessert werden. Seit 2019 finden im Rahmen der Abstammungskontrolle und zur Identifikation genetischer Merkmale (Hornlosigkeit, Doppellender-Gene, Erbkrankheiten) SNP-Typisierungen von Fleischrindern statt.

Was sind SNPs?

Bei der SNP-Typisierung werden die genomischen Informationen in Form von sogenannten Single Nucleotide Polymorphisms (SNP) an 67.000 einzelnen Positionen, quer verteilt über das gesamte Erbgut des Rindes, ausgelesen. SNPs sind dabei eine Art Punktmutation und treten auf, wenn an einer spezifischen Stelle in der DNA ein einzelnes Basenpaar durch ein anderes ersetzt ist. Solche SNPs sind die häufigste Art genetischer Variation, sie sind geerbt und vererbbar und verantwortlich für den größten Teil der genetischen Variabilität innerhalb von Populationen. SNPs können somit als genetische Marker verwendet werden.

Wie kann man die SNPs für die Zuchtwertschätzung nutzen?

Die Anzahl an typisierten Fleischrindern liegt inzwischen bei über 30.000 und erlaubt uns für einige Rassen, über die Nutzung dieser Daten im Rahmen der ZWS nachzudenken. Indem man möglichst viele Tiere typisiert, von denen man die (genetisch bedingte) Leistung möglichst genau kennt (die sogenannte Lernstichprobe), lässt sich prüfen, bei welchen SNPs es systematische Unterschiede in der Leistung der Tiere gibt und wie hoch die Effekte der einzelnen SNPs sind. Daraus lassen sich mit Hilfe komplexer statistischer Analysen, die auf genetischen Modellen basieren, genomische Zuchtwertschätzformeln ableiten.

Um informativ zu sein, muss das jeweilige SNP dabei nicht exakt auf einem Gen liegen, welches für die Leistungsvererbung relevant ist. Es ist ausreichend, wenn das SNP in der Nähe dieses Gens auf der DNA liegt und so zusammen mit dem Gen weitergegeben wird. Einzelne SNPs erklären in der Regel auch keine großen genetischen Leistungsunterschiede zwischen Tieren, vielmehr ist es die Summe aus vielen kleinen Differenzen, die am Ende den großen und beobachtbaren Leistungsunterschied ausmacht.

Das heißt, dass viele SNPs nur Marker, nicht die ursächlichen Gene, sind und die genetischen Effekte der ursächlichen Gene darüber indirekt geschätzt werden. Zu beachten ist, dass die Kopplung zwischen Markern und ursächlichen Genen zwischen verschiedenen Rassen und Subpopulationen unterschiedlich ist und sich über Generationen hinweg verändern kann. Daher benötigen wir für jede Population eine eigene Lernstichprobe, die zudem möglichst aktuell sein sollte bzw. laufend aktualisiert werden muss.

Single Step ist die Methode der Wahl

Für die Entwicklung einer genomischen ZWS stellen die kleinen Strukturen, die Rassenvielfalt und die vielen Subpopulationen in der Fleischrinderzucht ein Problem dar, weil es schwierig ist, genügend große und sichere Lernstichproben zu realisieren. Um das zu lösen, ist das sogenannte Single-Step-Verfahren die Methode der Wahl. Hierbei wird keine separate rein genomische ZWS entwickelt, stattdessen werden die konventionelle ZWS aus Eigen- und Nachkommenleistungen und das genomische Modell in einer ZWS zusammengeführt. Das bedeutet, dass Informationen aus verschiedenen Quellen (z.B. Leistungsdaten, genetische Marker) in einem einzigen Schritt (= Single Step) kombiniert und so die genetischen Eigenschaften eines Tieres genauer bewertet werden können, als das früher möglich war.

Mit dem Single-Step-Modell können

- typisierte und nicht typisierte Tiere,
- Tiere mit und ohne Eigenleistungen und
- alle Vor- und Nachfahren zusammen

in einer gemeinsamen ZWS berücksichtigt werden. Leistungsergebnisse von nicht-typisierten Verwandten können ebenso zur Schätzung der SNP-Effekte beitragen wie genomische Informationen zu den Zuchtwerten von nicht-typisierten Tieren. Am Ende erhält jedes Tier je Merkmal nur einen Zuchtwert, der die maximale Informationsmenge enthält. Die Zuchtwerte aller Tiere kommen aus einem Modell und sind somit direkt miteinander vergleichbar.

Damit ermöglicht das Single-Step-Verfahren eine präzisere Schätzung der genetischen Werte von Tieren, da es alle verfügbaren Informationen effizient nutzt (höhere Sicherheiten). Während junge Rinder mit einer Eigenleistung (Absetzerwiegung) bisher meist mit Sicherheiten zwischen 30 und 45% in die Zuchtwertschätzung starteten, sind künftig 15-20% höhere Sicherheiten zu erwarten. Dies führt zu einer präziseren Selektion der besten Zuchttiere für die Weiterzucht und damit zu positiven Effekten auf den Zuchtfortschritt in der Population.

Genomisch unterstützte Zuchtwertschätzung erfolgreich entwickelt

Beim vit Verden sind, gefördert durch die Rentenbank, in den zurückliegenden zwei Jahren durch den Doktoranden Damilola Adekale die Grundlagen einer Single-Step-SNP-BLUP-Zuchtwertschätzung für die Produktionsmerkmale von 6 Fleischrinderpopulationen entwickelt und erfolgreich umgesetzt worden (ANG, BdA, CHA, FLS, LIM, UCK). Nach umfangreichen Prüfungen wurde im Juni 2023 durch die Zuchtleiter der Beschluss gefasst, die genomisch unterstützte ZWS zum Schätzlauf im Dezember 2023 einzuführen. Ein Testlauf im November 2023 konnte mit positiven Ergebnissen abgeschlossen werden. Damit ist der Weg frei: voraussichtlich zum 19. Dezember 2023 werden erstmalig offizielle Zuchtwerte für Fleischrinder vorliegen, in die genomische Informationen eingeflossen sind.

Weitere Modellanpassungen

Zusätzlich wurden weitere Modellanpassungen vorgenommen, indem das Modell um den Beurteilereffekt (Bewerter der Bemuskelungsnoten) und um den Effekt der A- bzw. B-Prüfung (A = Leistungsprüfung durch geschulte Mitarbeiter bzw. Beauftragte des Zuchtverbands bzw. B = Besitzerkontrolle) erweitert wurde. Außerdem fließen für Tiere, die auch Zuchtwerte in der internationalen Zuchtwertschätzung INTERBEEF haben, diese Informationen über ein sogenanntes Blending-Verfahren in die nationalen Zuchtwerte ein.

Auch wenn die Weiterentwicklungen mit diesen Schritten noch nicht abgeschlossen sind (wir planen für die Zukunft die Einbeziehung weiterer Rassen und Merkmale, eine genomisch unterstützte Zuchtwertschätzung für Reproduktionsmerkmale und einen Gesamtzuchtwert), stellt der Schätzlauf 12/2023 dennoch einen Meilenstein für die ZWS von Fleischrindern in Deutschland dar.

Fazit:

1. SNP-Typisierungen liefern umfassende Informationen für die Abstammungskontrolle, zu genetischen Besonderheiten und für die genomisch unterstützte Zuchtwertschätzung.
2. Für die Sicherheit der Zuchtwertschätzung ist eine breite, qualitativ hochwertige Datenbasis hilfreich:
 - flächendeckende Leistungsprüfung mit sehr guter Datenqualität
 - umfangreiche SNP-Typisierungen, die über Abstammungskontrollen und Körbullen hinausgehen
3. Die genomisch unterstützte Zuchtwertschätzung ersetzt nicht die Leistungsprüfung im Feld und auf Station. Genomische Informationen ergänzen die Ergebnisse aus der Leistungsprüfung und können die Sicherheit der Zuchtwerte erhöhen.

Ein umfassender Beitrag zur neuen Zuchtwertschätzung und zu den Ergebnissen aus dem Dezember-Schätzlauf ist für das FleischrinderJournal 1/2024 vorgesehen.

Quellen: vit Verden, BRS, zusammengestellt durch Dr. Sabine Schmidt, RinderAllianz GmbH