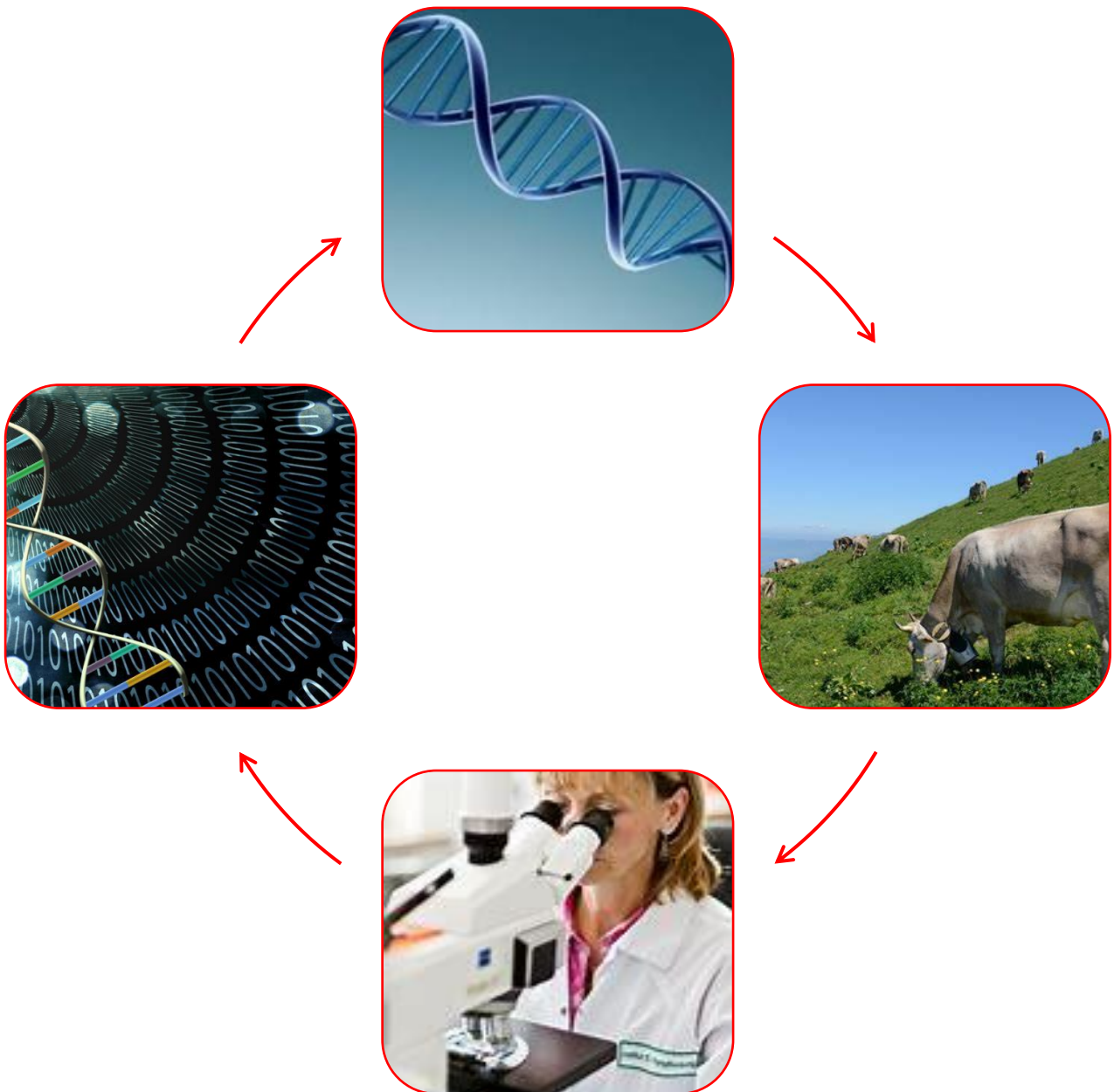


Qualitas⁺

Genomische Selektion



Genomische Zuchtwerte

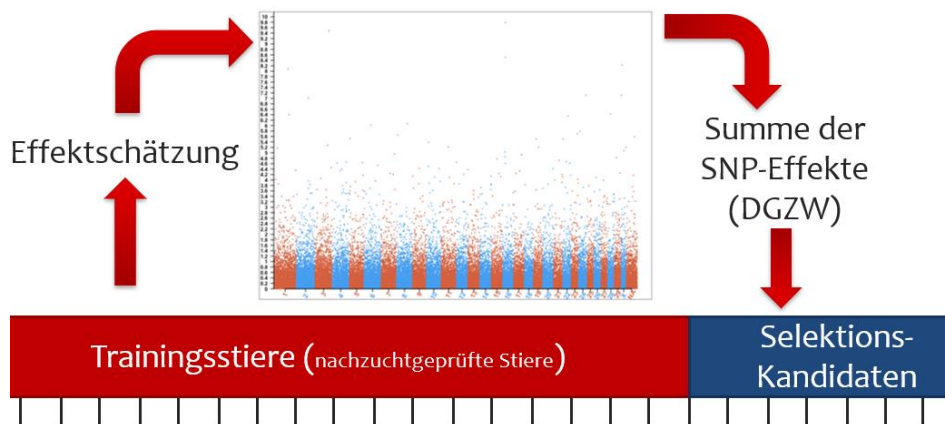
Mit der genomische Selektion können Informationen aus dem Erbgut der Tiere bestimmt werden. Diese sind dann für die Zuchtwertschätzungen verfügbar.

Da wenig über die genaue Lage und die Wirkung der Gene von verschiedenen züchterisch interessanten Merkmalen bekannt ist, werden im Labor die Genome mit sogenannten SNP-Markern untersucht. Durch dieses Vorgehen können Informationen aus dem Erbgut effizient und in grossem Umfang ausgewertet werden. Die SNP-Markern sind über das gesamte Erbgut eines Tieres verteilt. Durch einen Chip werden die SNP typisiert. Es gibt viele unterschiedliche Chiparten. Je nach Chip werden unterschiedlich viele SNP typisiert.

Die Effekte der SNP-Markern auf ein bestimmtes Merkmal werden auf Basis von konventionellen Zuchtwerten geschätzt. In der Regel werden für diese Schätzung möglichst genaue Zuchtwerte (z.B. von nachzuchtgeprüften Stieren, klassische Schweizer Zuchtwerte oder INTERBULL Zuchtwerte) verwendet. Die für die Schätzung berücksichtigten Stiere werden als Trainingsstiere bezeichnet.

Je grösser der Trainingsdatensatz ist, desto sicherer kann die Wirkung bzw. der Effekt der SNPs auf ein Merkmal bestimmt werden.

Jeder SNP hat einen berechneten Effekt. Die Summe aller SNP Effekte ergeben den direkten genomischen Zuchtwert (DGZW).



Die genaueste Schätzung für den genetischen Wert eines Tieres entsteht, wenn man alle vorhandenen Informationen zusammenfügt. Dafür werden die konventionellen Zuchtwerte mit den genomischen Zuchtwerten zu einem Index zusammengefasst. Dieser kombinierte Wert ergibt den genomisch optimierter Zuchtwert (GOZW). Je nach Alter und den vorhandenen Daten werden unterschiedliche Labels berechnet.

| ZW-Typ traditionell | | Deklaration GOZW | Tiergruppe |
|---------------------|--------|------------------|--------------|
| Abstammungs-ZW | | GA | Jungtiere |
| CH-Zuchtwert | + DGZW | G | Kühe, Stiere |
| Interbull-Zuchtwert | | GI | Stiere |

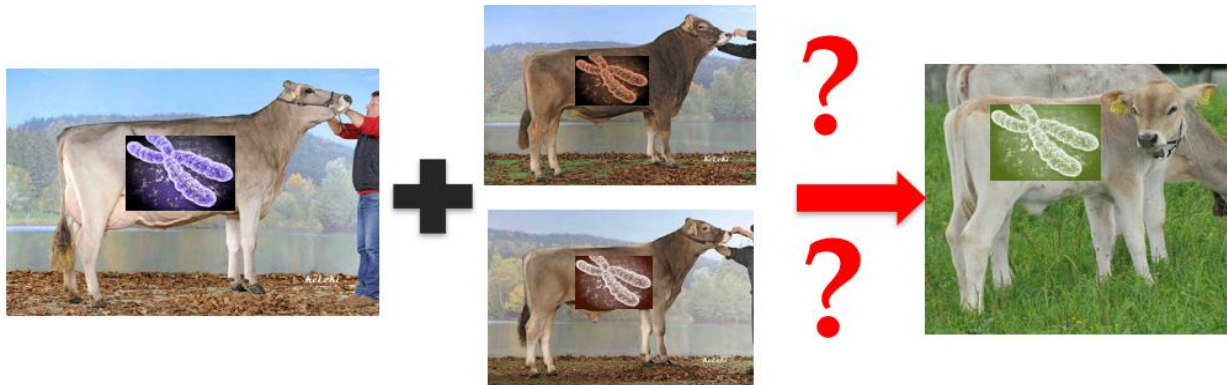
Die Gewichtung ergibt sich aus der Sicherheit der beiden Werte. Zum Beispiel wird bei jungen Tieren mit einem unsicheren Abstammungszuchtwert der direkte genomische Zuchtwert (DGZW) stärker gewichtet. Wenn aufgrund von Eigen- und Nachkommenleistungen eine höhere Sicherheit im konventionellen Zuchtwert generiert werden kann, wird die Gewichtung des direkten genomischen Zuchtwertes (DGZW) kleiner.

Daher kann der genomisch optimierte Zuchtwert (GOWZ) teilweise bei nachzuchtgeprüften Stieren dem konventionellen Zuchtwert entsprechen.

Die genomischen Zuchtwerte können sich ändern. Das Erbgut ist unveränderlich, und bleibt immer gleich. Jedoch werden der Trainingsdatensatz und die davon abhängigen Effekte teilweise angepasst. Durch diese Anpassungen entstehen leicht veränderte direkte genomische Zuchtwerte.

Genomische Selektion

Die genomische Selektion kann Informationen aus dem Erbgut der Tiere bestimmen. Durch diese Informationen können züchterische Verbesserungen für bestimmte Merkmale eines Tieres erzielt werden. Das Ziel ist, möglichst früh, genau und kostengünstige Daten zur Verfügung zu haben. Der grössere Zuchtfortschritt kann dank genaueren Zuchtwerten und kürzeren Generationenintervallen erreicht werden.



Detailinformationen

Im Folgenden sind einige Details für die praktische Anwendung und zum Hintergrund aufgelistet.

Die Auswahl von Jungstieren anhand der genomischen Zuchtwerte ermöglicht in der Rinderzucht eine deutliche Steigerung des Selektionserfolges pro Jahr. Zusätzlich konnte die Verfügbarkeit von gesextem Sperma ausgebaut werden. Werden diese beiden Methoden kombiniert, kann gezielt weibliche Nachzucht von den besten Kühen remontiert werden.

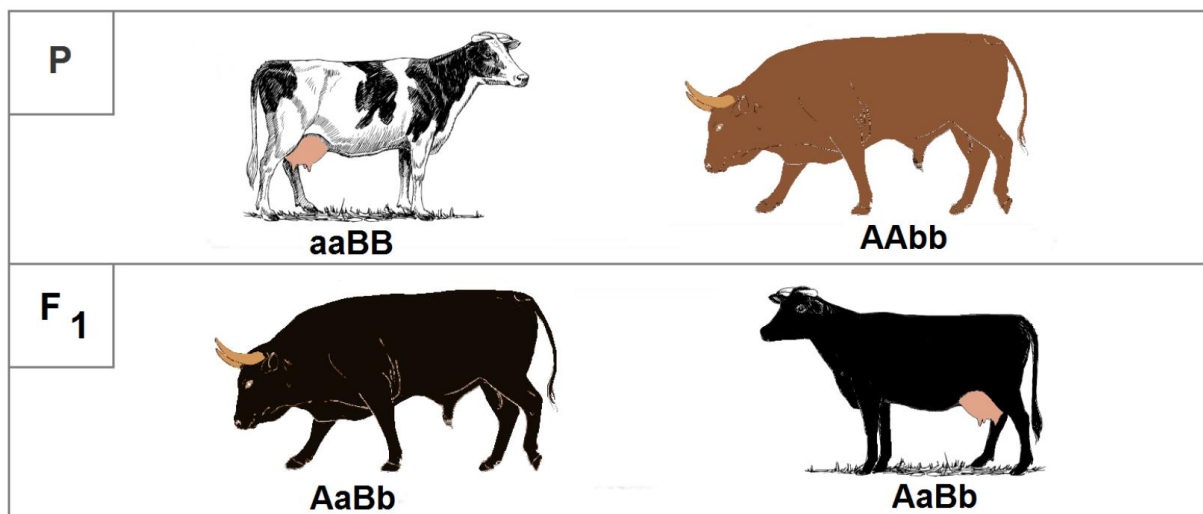
Zudem stimmen die genomischen Zuchtwerte besser mit den Nachzuchtprüfungsergebnissen überein als reine Abstammungszuchtwerte. Dies wird im Vorfeld der routinemässigen Anwendung untersucht und ist essentiell für den Nutzen der genomischen Selektion. Daher sind die genomischen Zuchtwerte genauer als Abstammungszuchtwerte. Werden Tiere anhand von genomischen Zuchtwerten selektioniert, werden genauere Entscheidungen getroffen und ein grösserer Züchterfolg erzielt.

Voraussetzung für den Gebrauch von genomischen Zuchtwerten in der eigenen Herde ist, dass die eigene weibliche Nachzucht typisiert wird. Es ist wichtig, dass die gesamte weibliche Nachzucht genomisch getestet wird, und nicht nur einzelne Tiere. Dadurch können die besten bzw. die schlechtesten Tiere frühzeitig erkannt werden.



<https://izhevsk.meatinfo.ru/news/udmurtiya-vnedrit-genomnuyu-selektsiyu-korov-407802>

Das Erbgut wird jeweils zu 50% vom Vater und zu 50% von der Mutter vererbt. Die Vermischung des Erbgutes erfolgt nach Zufallsprinzip. Das hat zur Folge, dass Vollgeschwister genetisch verschieden sind. Durch die genomische Zuchtwertschätzung werden die Unterschiede aufgedeckt, ohne dass sie eigene Leistungen erbracht haben.



A= Allel für einfarbig

B= Allel für schwarz

Grossbuchstabe= dominantes Allel

a= Allel für Scheckung

b= Allel für braun

Kleinbuchstabe= rezessives Allel

https://de.wikipedia.org/wiki/Datei:Mendel_-_Unabh%C3%A4ngigkeitsregel.png

Die genomische Selektion wird sich in Zukunft weiter entwickeln und neue Merkmale werden an Bedeutung gewinnen.

Genomische Typisierung

Die Proben für eine Typisierung können auf zwei verschiedene Arten entnommen werden, durch die Haarprobe oder die Ohrstanzprobe. Beide Methoden enthalten Material mit den nötigen Erbinformationen.

Haarprobe

Für die Haarprobe wird ein Auftragsformular und eine Haarkarte benötigt. Die Haarkarten können bei der jeweiligen Zuchtorganisation angefordert werden.

Die Auftragsformulare können auf dem Internetportal der jeweiligen Zuchtorganisation ausgefüllt werden.

Haarkarte und Auftragsformular müssen zusammen in einem normalen Briefumschlag an folgende Adresse geschickt werden:

Qualitas AG, Genomische Selektion, Chamerstrasse 56, 6300 Zug



- Saubere Hände + sauberes Tier, verschmutzte Proben können nicht typisiert werden.
- Haare von anderen Tieren unbedingt vermeiden.
- Haare **gegen** die Wuchsrichtung ausrupfen.



- Für eine erfolgreiche Typisierung werden 50 – 100 Haarwurzeln benötigt.



- Haftfolie aufklappen.
- Haarwurzeln auf geöffnete Karte legen.



- Folie zurück klappen und Haare mit Folie abdecken.
- Rand der Haftfolie festdrücken.



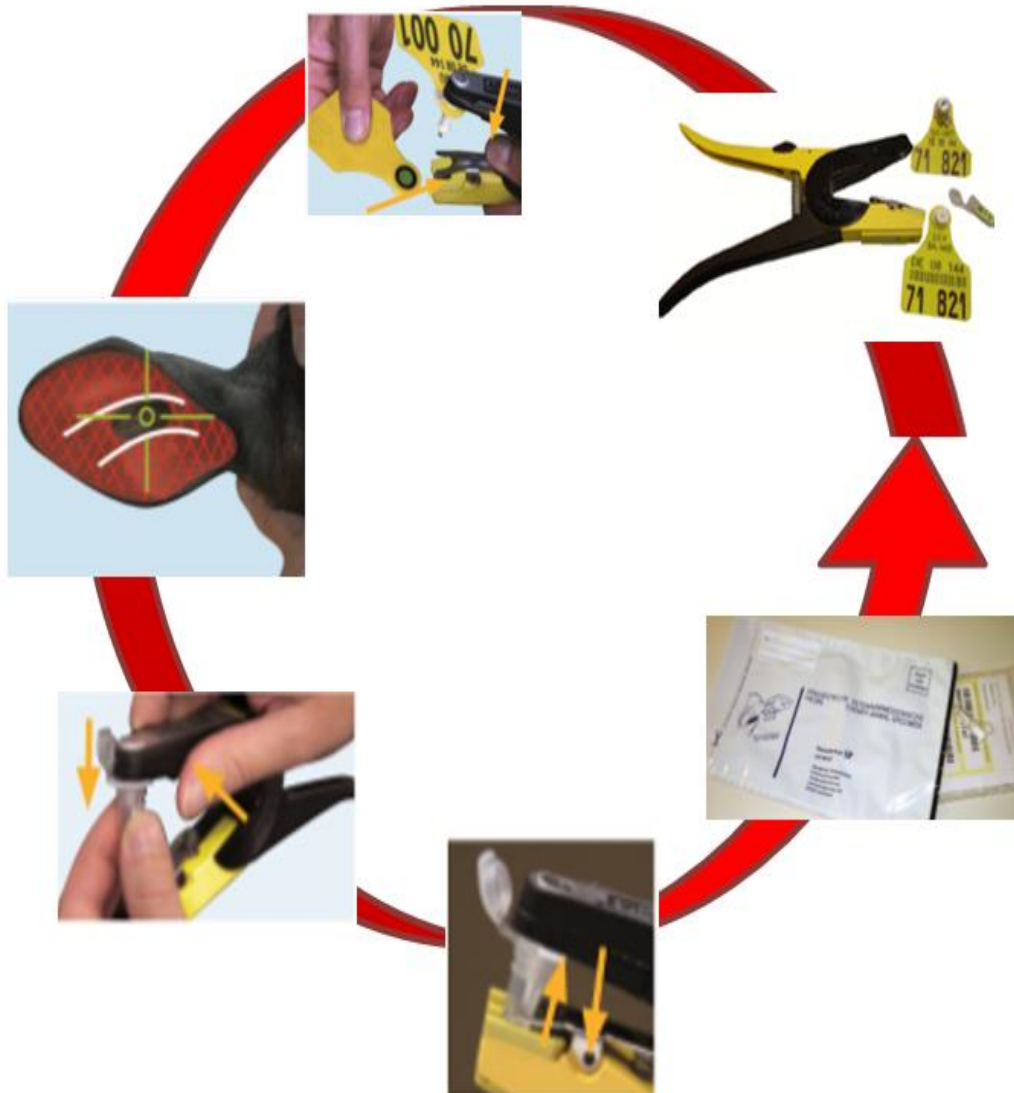
- Überstehende Haare abschneiden.
- Karte mit der Papierlasche schliessen.
- TVD-Kleber auf die Haarkarte kleben und nochmals mit Ohrmarke vergleichen.



- Den vorgedruckten Barcode auf der Haarkarte unbedingt frei lassen.
- Auftrag online bei der Zuchtorganisation erfassen und das Auftragsformular ausdrucken.

Haarkarte und Auftragsformular in einem frankierten Briefumschlag an folgende Adresse schicken:

QUALITAS AG
Genomische Selektion
Chamerstrasse 56
6300 Zug



Gewebebeurenmarke

Mit der Gewebebeurenmarke wird beim Markieren gleichzeitig eine Gewebeprobe ausgestanzt.

Die Ohrenmarken können über Agate bestellt werden. Dabei ist darauf zu achten, dass die speziellen Gewebeohrenmarken ausgewählt werden.

Die Ohrenmarke muss mit der dazugehörigen Zange eingedrückt werden. Dadurch wird ein Stück Gewebe entnommen. Wird eine falsche, nicht zur Ohrmarke passende Zange verwendet, wird kein Gewebe entnommen und die Probe ist leer und unbrauchbar.

Vor der Gewebeentnahme muss kontrolliert werden, dass die Nummer auf dem Probebehälter mit der Ohrenmarke Nummer übereinstimmt.

Damit die Ohrenmarken richtig gestanzt werden, müssen sie zwischen den beiden Ohrenknorpel platziert werden. Die Ohrmarke sollte nicht zu weit innen und nicht zu weit aussen liegen. Anschliessend muss die Zange fest zusammengepresst werden. Das Kalb muss während dem gesamten Vorgang gut fixiert sein.

Wenn die Metallstanze grün oder weisslich ist, war die Probeentnahme erfolgreich. Ist sie rosa, ist die Probe leer. War die Probeentnahme erfolgreich, kann der Behälter auf die Stanze gesetzt und die Zange zugeedrückt werden. Somit wird die Probe in den Behälter entleert.

Der verschlossene Behälter kann nun in dem mitgelieferten Umschlag direkt an die Qualitas AG gesendet werden. Für diese Methode brauchen Mitglieder von Braunvieh Schweiz, swissherdbook und Mutterkuh Schweiz kein Auftragsformular. Holstein Switzerland Mitglieder finden das Formular auf der Website des Verbandes.

Genomische Zusätze

Nebst den Zuchtwerten können auch andere Informationen aus den SNP-Markern analysiert werden. Die Einzelgentests bringen spezifische Informationen über gewisse Bereiche. Durch diese Tests können bessere Zuchtfortschritte erzielt und gewisse Risiken verkleinert werden.

Abstammungskontrolle:

Die Abstammungskontrolle ist ein Teil der genomischen Typisierung. Verwandte Tiere sind sich ähnlicher, da Bruchstücke im Erbgut identisch sind. Durch die vielen SNP Daten, welche bei einer Typisierung anfallen, kann die Verwandtschaft ohne Kenntnis über die Abstammung hergeleitet werden. Damit man die Verwandtschaft oder die Abstammung bestätigen kann, werden die SNP Daten des untersuchten Tieres mit den SNP Daten der Eltern verglichen. Wenn die Angaben stimmen, passen auch die SNP zueinander. Die Eltern müssen dafür auch typisiert worden sein. Ist eine Abstammung unklar, kann bei einer Typisierung nach der Abstammung gesucht werden.

Milcheiweisstypen:

Der Milchgehalt ist ein wichtiger Aspekt in der Milchverarbeitung. Die Zusammensetzung der Milch spielt dabei eine wichtige Rolle. Durch die routinemässig enthaltenen Zusatztests der Milchproteine können von einem Tier z.B. der Kaseintyp nach einer Typisierung ausgewiesen werden. Durch dieses Wissen können bestimmte Nischenprodukte bearbeitet werden.

Hornlos:

Die genomischen Einzelgentests bringen auch Informationen über den Hornstatus. Dabei treten unterschiedliche Varianten auf. Ein Tier kann homozygot horntragend (pp), homozygot hornlos (PP) oder heterozygot hornlos (Pp) sein.

Da das hornlose Gen dominant ist, sind heterozygote Tiere hornlos, können aber das Gen für Horn weitervererben. Weiter gibt es noch die Bezeichnung PS, welche für Wackelhörner steht. Wackelhörner sind nach neuesten Erkenntnissen von einer grösseren Anzahl an Genen beeinflusst. So gibt es dafür heute keinen Gentest.

Doppellender Gen:

Das Gen für Doppellender verursacht ungewöhnlich viel Muskelwachstum. Dieser führt zu höheren Geburtsgewichten, erschwerten Geburten und einer verbesserten Zartheit des Fleisches. Die Bemuskelung wird erhöht und gleichzeitig wird externes und intramuskuläres Fett, ohne einen Einfluss auf das Geburtsgewicht, reduziert. Durch eine Typisierung kann dieses Gen festgestellt werden. Die Vererbung und das Vorkommen sind je nach Rasse unterschiedlich.

Erbfehler:

Es gibt viele unterschiedliche Erbfehler. Ein Grossteil der heute bekannten Erbfehler sind in der Genotypisierung enthalten. Viele Erbfehler folgen dem rezessiven Vererbungsmuster und können daher nur zum Vorschein kommen, wenn Mutter und Vater Träger des Erbfehlers sind. Bei den Eltern kommt der Erbfehler nicht zum Vorschein, da er rezessiv ist. Ein Viertel der Nachkommen werden homozygote Träger sein bei denen der Erbfehler zum Vorschein kommt. Oft leben die Kälber mit Erbfehler nicht lange oder sterben sogar schon als Embryo ab. Daher kommt es vor, dass Erbfehler bis anhin nicht bemerkt wurden. Durch die Typisierung konnten zusätzliche Erbfehler entdeckt werden.

Je nach Rasse treten unterschiedliche Erbfehler auf. Diese können verschiedene Auswirkungen und Ausmasse haben. Zum Beispiel lebensschwach, zurückgebliebener Wuchs, Körperverformung, Unfruchtbarkeit usw.

Damit die Erbfehler nicht weitergezüchtet werden, ist bei einer Anpaarung darauf zu achten, dass nicht beide Elterntiere Träger eines bekannten Erbfehlers sind. Wenn möglich sollten Trägertiere von der Zucht nicht ausgeschlossen werden. Dies mag erstaunlich klingen, jedoch führt der Ausschluss von Trägern langfristig zu einer gesteigerten Inzucht. Entscheidend ist also heute das Wissen über Träger und deren gezielter Einsatz auf freie Tiere. Durch das Wissen, welche Tiere Träger von Erbfehlern sind, kann die Gesundheit der Tiere und die Kälbersterblichkeit verbessert werden.
