

Die genomische Selektion in Deutschland und Österreich

LfL, Institut für Tierzucht
Emmerling, R.; Edel, C.; Neuner, S.; Götz, K.-U.



ZuchtData GmbH, Wien
Schwarzenbacher, H.



LGL Baden-Württemberg
Hamann, H.



Zuchtwertschätzung Deutschland-Österreich

- Rassen: Fleckvieh Doppelnutzung, Braunvieh
- Seit 2002 länderübergreifende Zuchtwertschätzung
 - basierend auf Rohdaten
 - arbeitsteilige Durchführung



Bayern

- » Milchmerkmale, Zellzahl, Melkbarkeit, Exterieur



Baden-Württemberg

- » Fleischmerkmale



Österreich

- » Funktionale Merkmale (Nutzungsdauer, Kalbeverlauf, Totgeburtenrate, Fruchtbarkeit) und Gesamtzuchtwert

Genomische Selektion Fleckvieh Doppelnutzung

- Start in die offizielle Phase: August 2011
- länderübergreifende Logistik
- Partner im System
 - Zuchtverbände
 - LKV-Bayern, ZuchtData-Wien, ASR-Deutschland:
 - Genomdatenbank
 - Logistik
 - zentrales DNA Labor mit Langzeitlagerung
 - zentrales Labor zur Genotypisierung
 - zentrale Genotypenaufbereitung

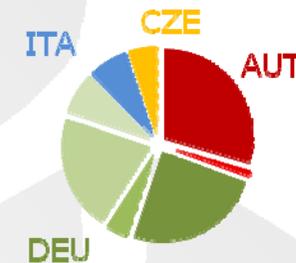
Verbund Deutschland-Österreich (DE-AT)

- Daten in der DE-AT Zuchtwertschätzung
 - Fleckvieh Deutschland und Österreich
- Integration Population Tschechien
 - Ziel: Vollmitglied im DE-AT Verbund
 - aktuell: Fleisch und Exterieur in konv. ZWS
 - Teilnahme genomische Zuchtwertschätzung
- Teilnahme Fleckvieh Italien
 - Exterieur (konventionell und genomisch)

Genotypenpool

- Länderübergreifend
 - Fleckvieh: 19.953 Genotypen
- Lernstichprobe
 - nur männliche Tiere
 - KB-Bullen genotypisiert: 10.062
 - nachkommengeprüfte Bullen
 - Unterschiedlicher Umfang für Merkmale

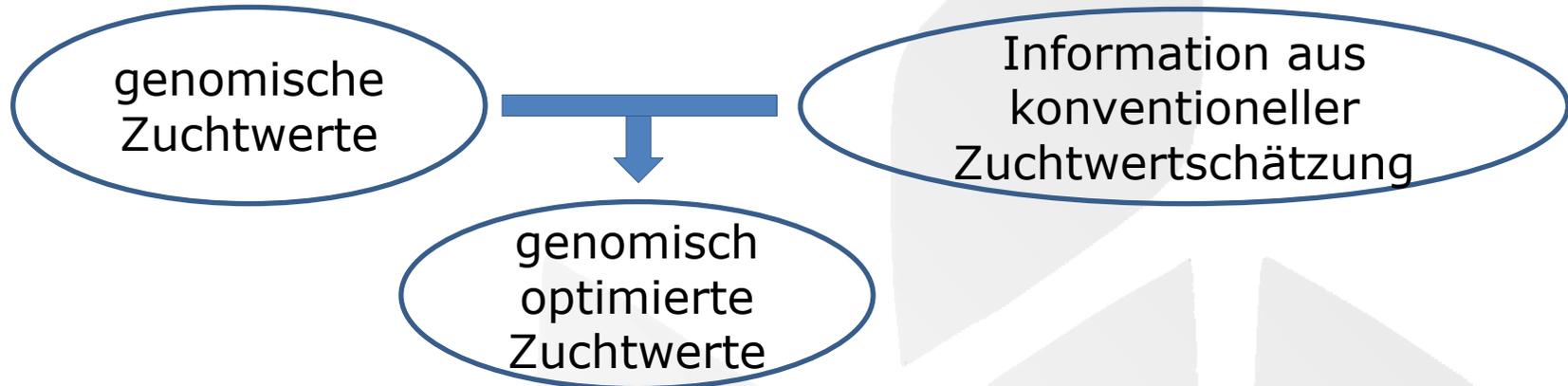
gZWS August 2012	Fleckvieh
Milchwert	6.401
Zellzahl	6.563
Fruchtbarkeit maternal	5.816
Nutzungsdauer	5.790
Euter	7.161



Ergebnis: genomische Zuchtwerte

- „genomisch optimierter Zuchtwert“

- Kombination der Information



- offizieller Zuchtwert: goZW

- für alle 44 Merkmale
- Aktualisierung bei jeder Zuchtwertschätzung
 - 3 x jährlich an konventionellen Schätzterminen
 - monatliche Schätzung von Kandidaten

Nutzung der genomischen Zuchtwerte

1. Selektion von Kandidaten
 - Männlich
 - Weiblich
2. Genomische Jungvererber in der Besamung
 - Bullenankauf
 - Besamungseinsatz in Population
3. Selektion von Kühen
 - Embryotransfer, Verkauf
4. Auffinden von Defektloci und Erbkrankheiten

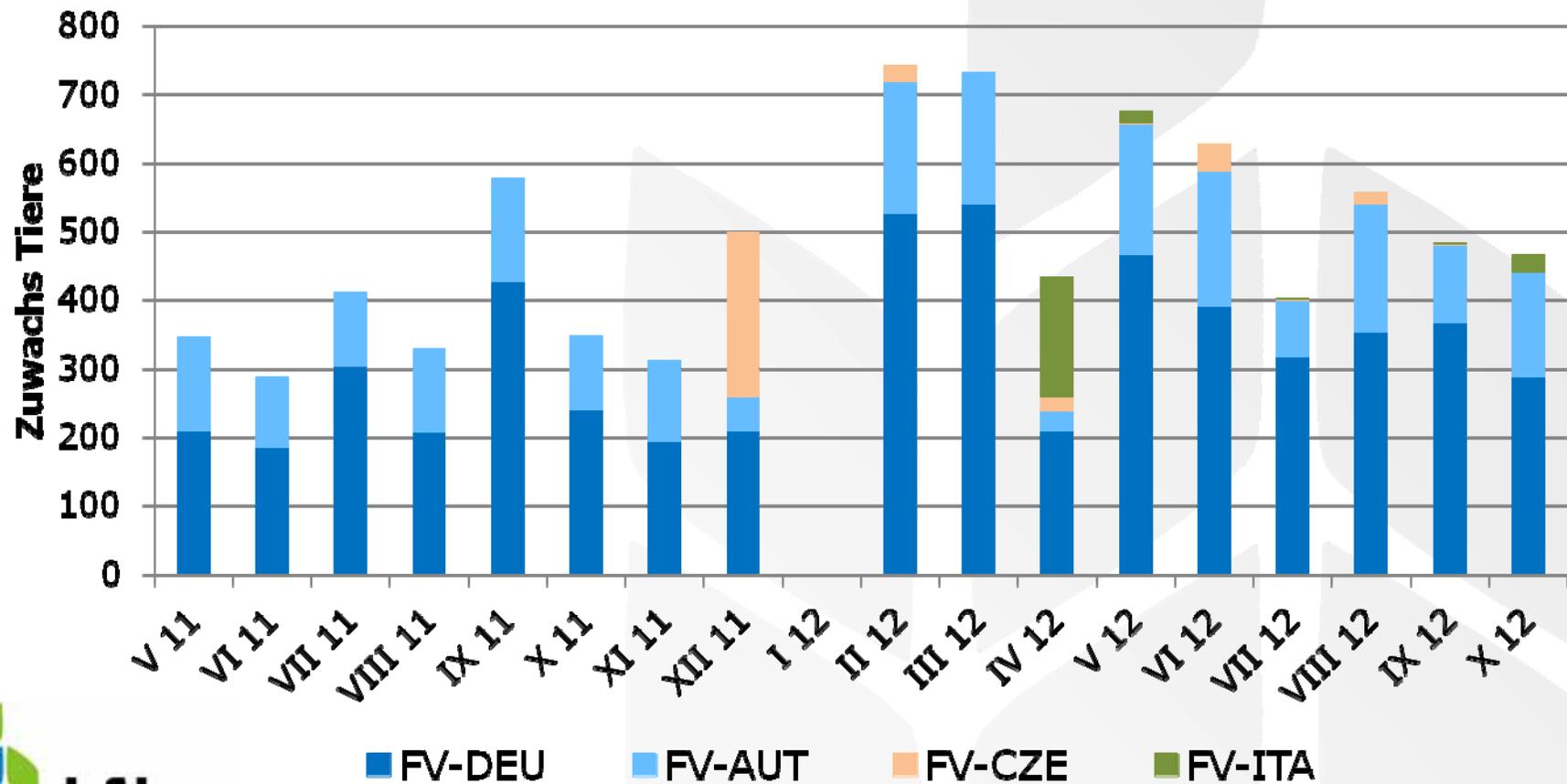
Genomische Zuchtwerte für Kandidaten

Typisierung von Kandidaten

- Auftragsauslösung über Zuchtverband
- Auftraggeber:
 - Züchter/Eigentümer
 - Zuchtverband
 - Besamungsstation
- männliche und weibliche Kandidaten

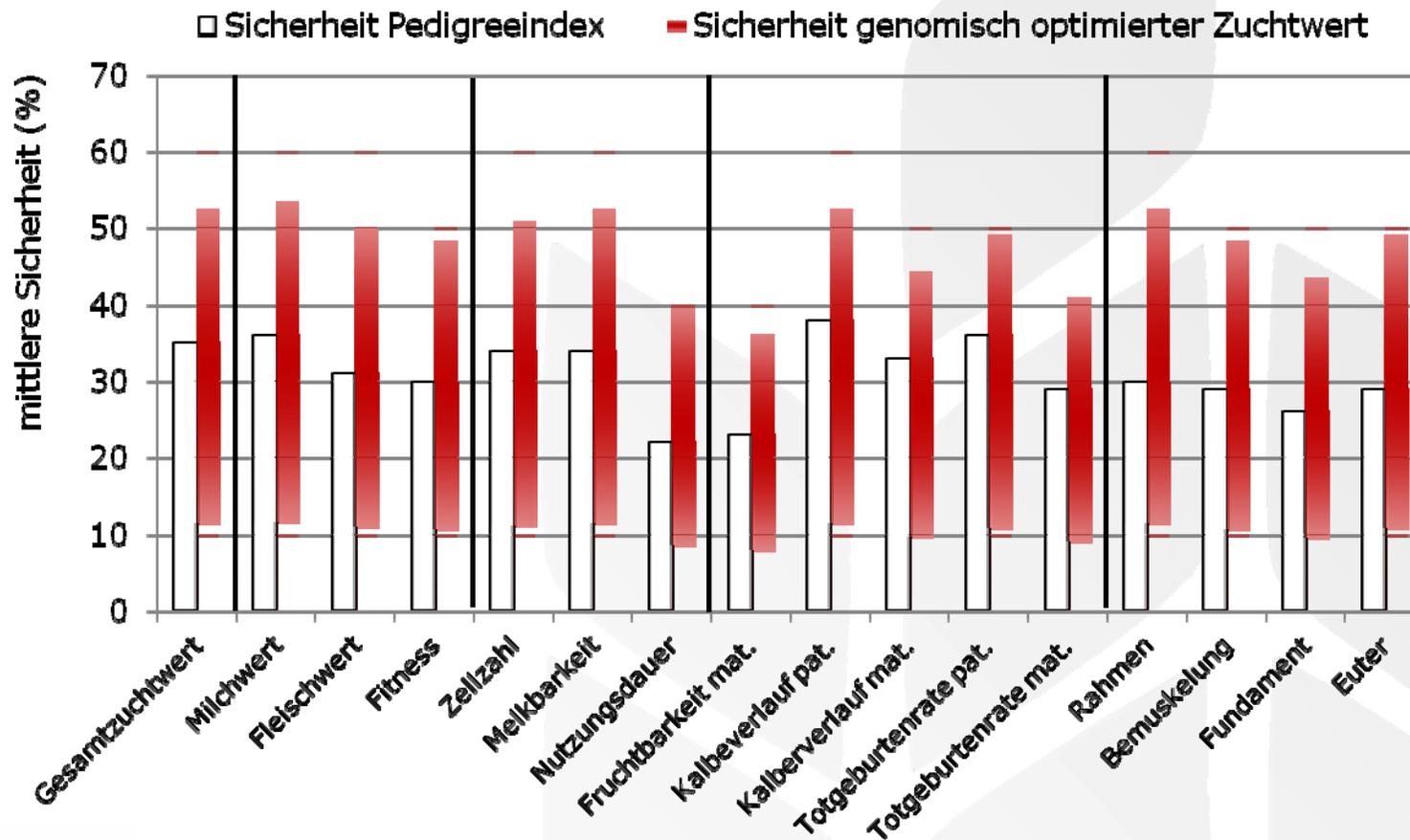
Genotypisierte Kandidaten - Zuwachs

- Genotypenpool wächst rasant
 - Zuwachs seit Mai 2011: Fleckvieh ~8.200
 - Weibliche Tiere: Fleckvieh 588



Sicherheit der genomischen Zuchtwerte

- mittlere Sicherheiten von Kandidaten bis August 2012



Sicherheit der genomischen Zuchtwerte

- mittlere Sicherheiten von Kandidaten bis August 2012

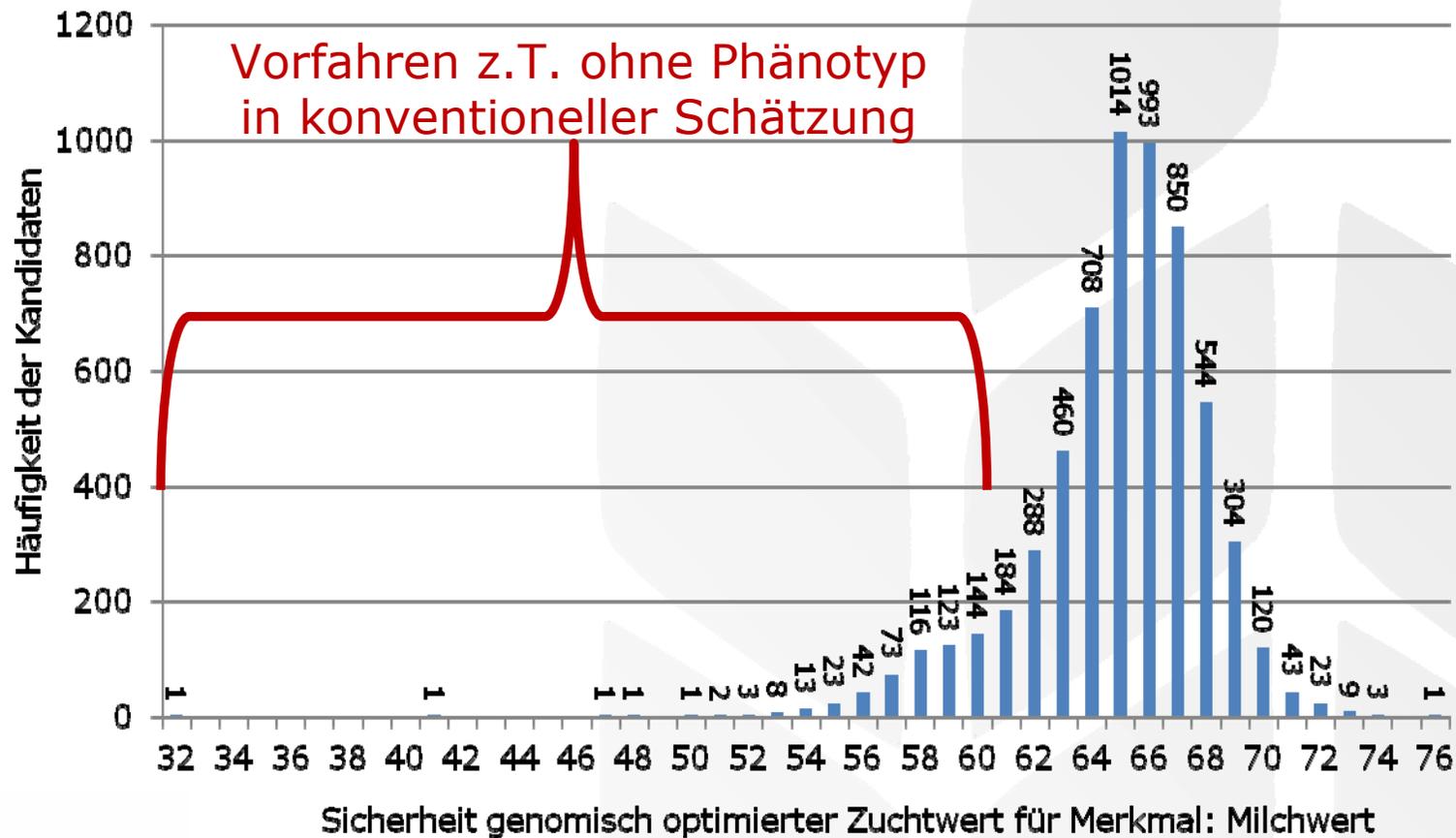


Besonderheiten am DE-AT Verfahren

- Individuelle Sicherheiten
 - Abhängigkeit zu Anschluss an die Lernstichprobe
 - Erfahrungen:
 - niedrigere Sicherheiten für Kandidaten ohne Vater und/oder Muttersvater in DEA-Pool
 - » Bsp. Kandidaten aus CZE, ITA, Montbéliard oder Fleckvieh-Fleischnutzung

Verteilung der individuellen Sicherheiten

Beispiel: DE-AT-Kandidaten August 2012 (n=6.185):



Besonderheiten am DE-AT Verfahren

- Individuelle Sicherheiten
 - weite Spannbreite von individuellen Sicherheiten
- Ziel für Schätzung von Kandidaten:
 - Vorfahren möglichst mit Phänotypen in der konventionellen ZWS
 - Aufnahme von vollständigen Populationen in den ZWS-Verbund (aktuelles Beispiel: CZE oder ITA-Exterieur)
 1. Schritt: Konventionelle Zuchtwertschätzung
 2. Schritt: Genomische Zuchtwertschätzung

Genomische Jungvererber in der Besamung

Ankauf:

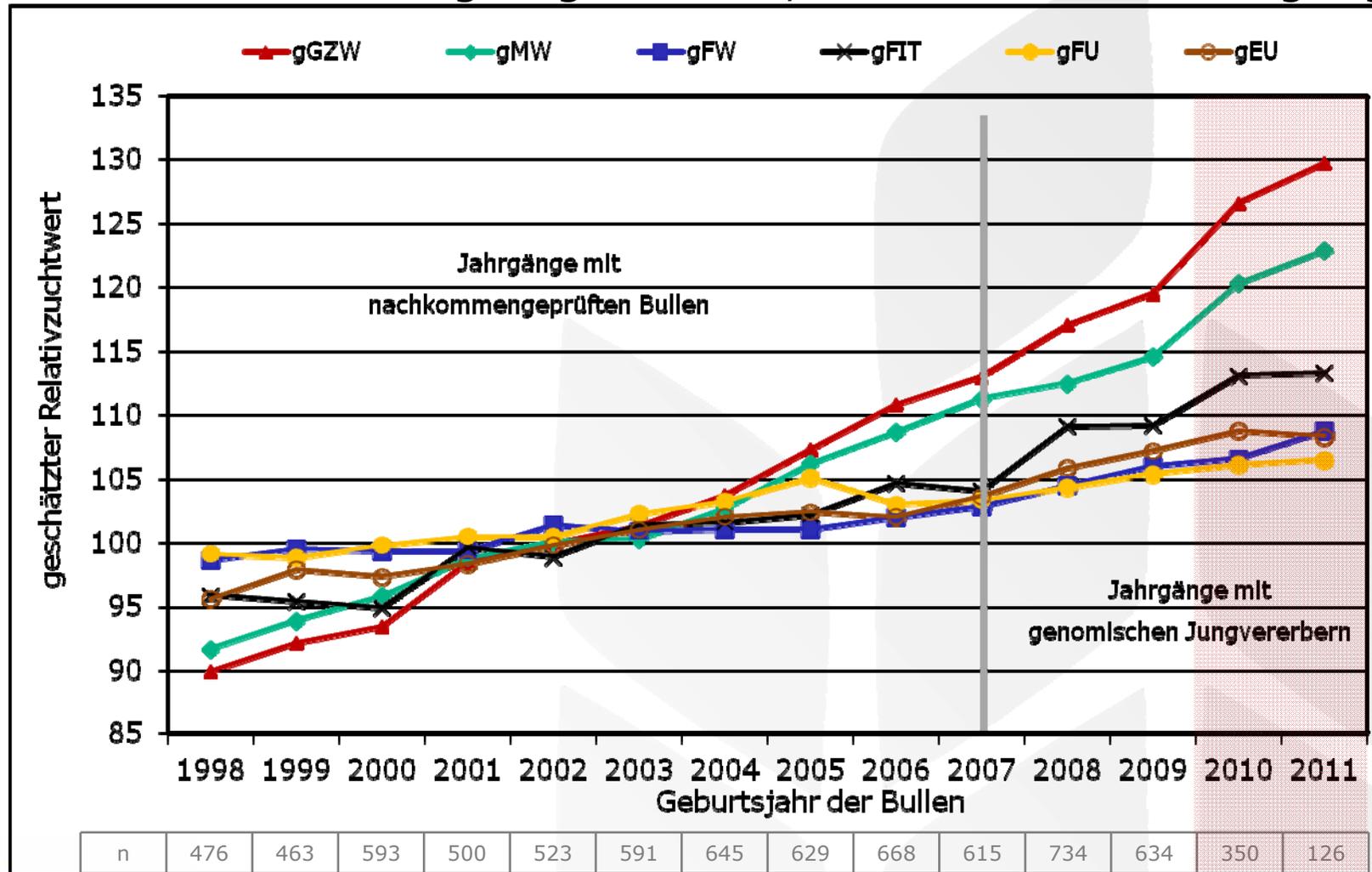
- Zuchtviehauktionen (Kälber, Jungbullen)
- Anpaarungsverträge

Erste Erfahrungen:

- deutlicher Rückgang der registrierten Jungbullen
- Versteigerungspreise mit hoher Preisspanne
- hohe Selektionsintensität
- deutliche Steigerung der genetischen Trends

Genetische Trends, Besamungsbullen DE-AT

- Zuchtwertschätzung August 2012, Mittelwert nach Jahrgang



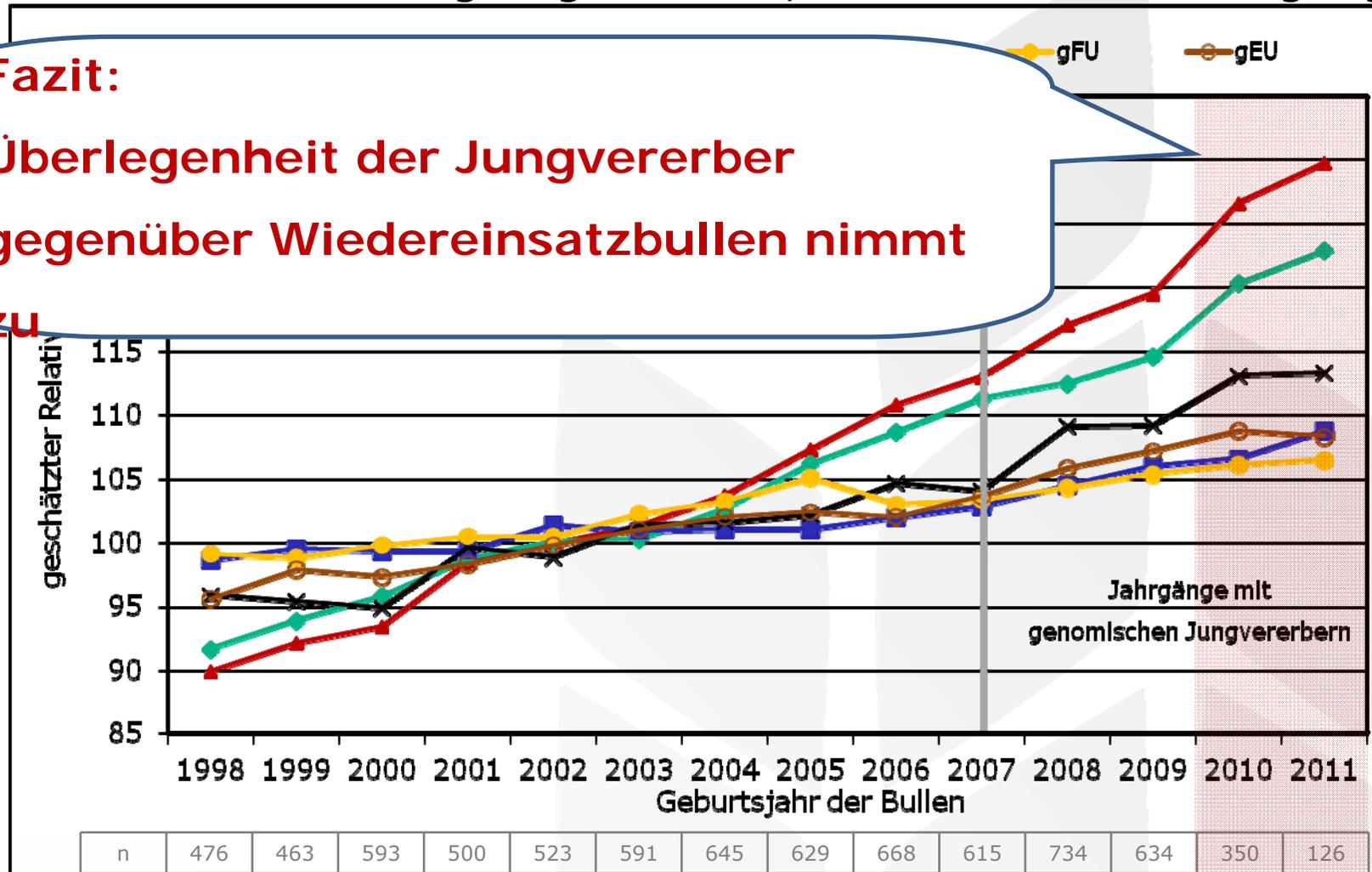
Genetische Trends, Besamungsbullen DE-AT

- Zuchtwertschätzung August 2012, Mittelwert nach Jahrgang

Fazit:

Überlegenheit der Jungvererber gegenüber Wiedereinsatzbullen nimmt

zu

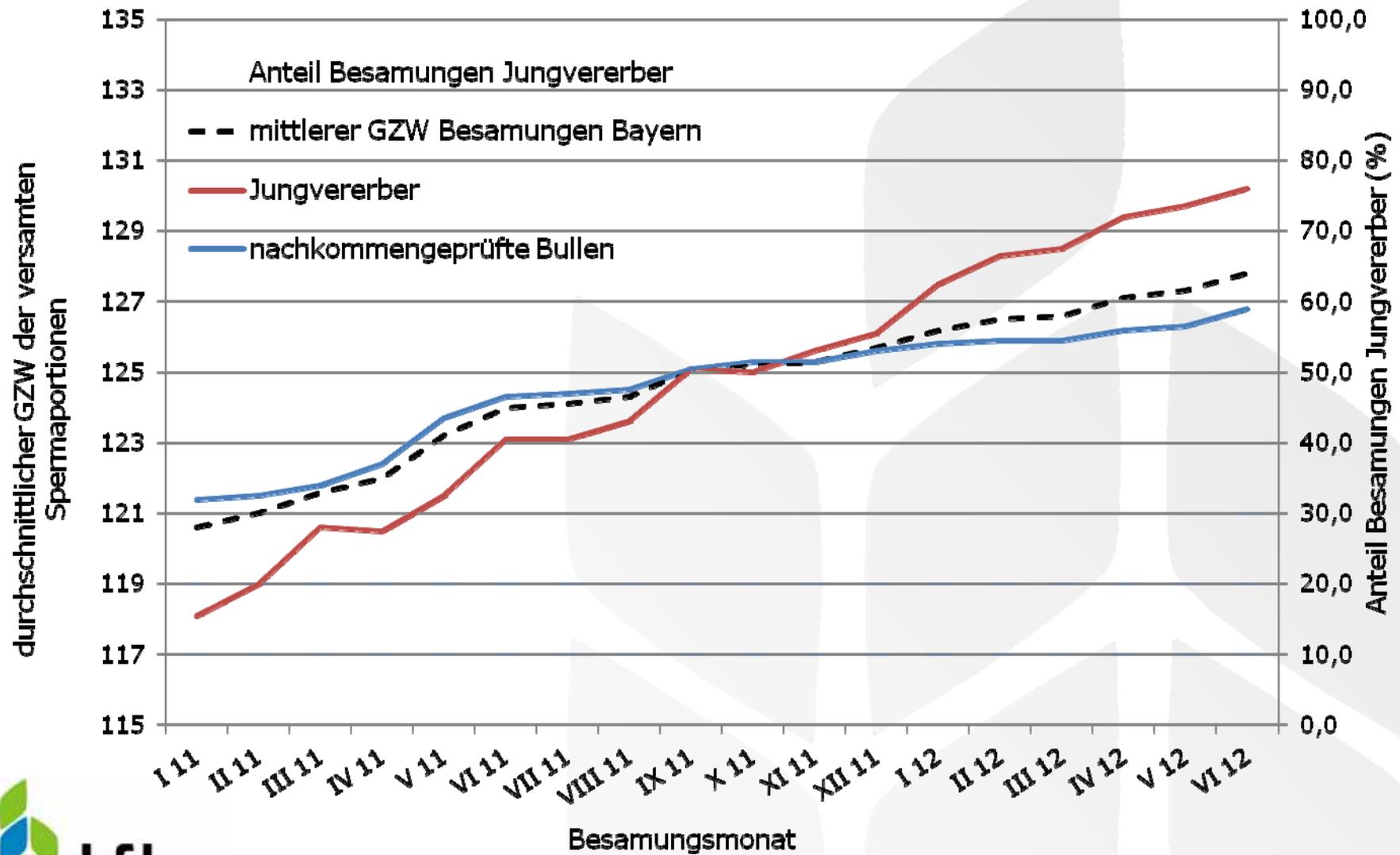


Besamungseinsatz

Genomische Jungvererber

- z.T. zufälliger Ersteinsatz vor breitem Einsatz
- Entwicklung
 - deutliche Zunahme von Besamungen mit Jungvererbern
 - strengere Selektion der eingesetzten Bullen
 - gute Kühe verstärkt mit Jungvererbern gepaart
 - deutliche Unterschiede zwischen Regionen und Organisationen

Beispiel: Besamungen in Bayern



Wie geht es weiter mit GS in der Doppelnutzung?

- Aktuell: erste Version der Genomischen Selektion
- Weiterentwicklung sehr wichtig!
- Konkrete Projekte
 - Weiterentwicklung Typisierung
 - Nutzung High Density Genotypen
 - Informationen aus Vollsequenzierung
 - » Ergebnissen aus Assoziationsstudien
 - » Identifikation von Defektloci
 - Weiterentwicklung Methoden
 - genomische Zuchtwertschätzung
 - Zusammenführung konventionelle & genomische ZWS
 - Monitoring der genetischen Diversität
 - Weiterentwicklung der Zuchtprogramme



Vielen Dank für Ihre Aufmerksamkeit

Wir bedanken uns für die Unterstützung bei den folgenden Organisationen:



StMELF
Bayern



Christian-Albrechts-Universität zu Kiel

