

ZAR-SEMINAR

2019

10 Jahre genomische Selektion
Rückblick und Ausblick

Inhaltsverzeichnis

Verzeichnis der ReferentInnen	2
Univ.-Prof. Dr. Johann Sölkner	
Genomische Selektion – Hintergrund und Geschichte	3
Dr. Hermann Schwarzenbacher	
Genomische Zuchtwertschätzung und Herdentypisierung	7
Dr. Christa Egger-Danner	
Aspekte zur Optimierung von genomischen Zuchtprogrammen	16
Dr. Christian Fürst	
Status quo und Analyse der genomischen Zuchtprogramme in Österreich und Deutschland	25
DI Peter Stückler	
Genomisches Zuchtprogramm – Herausforderungen der Umsetzung in der Praxis	39
Dr. Stefan Rensing	
Blick über die Grenzen – Genomische Selektion bei Holstein international	45
Dr. Jørn Rind Thomasen	
Genomic Selection in the Nordic Countries	46
Dr. Gábor Mészáros	
Genomische Selektion in kleinen Rassen: Erfahrungen aus drei Ländern	48
Dr. Kay-Uwe Götz	
Zukunftsperspektiven der Rinderzucht vor dem Hintergrund neuer züchterischer Entwicklungen	53

Verzeichnis der ReferentInnen

Dr. Christa Egger-Danner	ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH Dresdner Straße 89/19, 1200 Wien egger-danner@zuchtdata.at www.zuchtdata.at
Dr. Christian Fürst	ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH Dresdner Straße 89/19, 1200 Wien fuerst@zuchtdata.at www.zuchtdata.at
Prof. Dr. Kay-Uwe Götz	Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft Institut für Tierzucht Prof.-Dürrwaechter-Platz 1, 85586 Poing Kay-Uwe.Goetz@lfl.bayern.de www.lfl.bayern.de
Assoc.Prof. Dr. Gábor Mészáros	Universität für Bodenkultur Wien (BOKU) Institut für Nutztierwissenschaften (NUWI) Gregor-Mendel-Straße 33, 1180 Wien gabor.meszáros@boku.ac.at www.boku.ac.at
Dr. Stefan Rensing	Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (VIT) Heinrich-Schröder-Weg 1, 27283 Verden/Aller stefan.rensing@vit.de www.vit.de
Dr. Hermann Schwarzenbacher	ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH Dresdner Straße 89/19, 1200 Wien schwarzenbacher@zuchtdata.at www.zuchtdata.at
Univ.-Prof. Dr. Johann Sölkner	Universität für Bodenkultur Wien (BOKU) Institut für Nutztierwissenschaften (NUWI) Gregor-Mendel-Straße 33, 1180 Wien johann.soelkner@boku.ac.at www.boku.ac.at
DI Peter Stückler	GENOSTAR Rinderbesamung GmbH Am Tieberhof 6, A-8200 Gleisdorf peter.stueckler@lk-stmk.at www.genostar.at
Dr. Jørn Rind Thomasen	VikingGenetics Ebeltoftvej 16, Assentoft, DK-8960 Randers SØ jortho@vikinggenetics.com www.vikinggenetics.com

Genomische Selektion – Hintergrund und Geschichte

Johann Sölkner

Universität für Bodenkultur Wien (BOKU), Department für Nachhaltige Agrarsysteme,
Institut für Nutztierwissenschaften (NUWI)

Einleitung

Die Rinderzucht hat eine lange Tradition von sehr systematischer Selektion und damit verbundenen Leistungssteigerungen. Nach dem Aufkommen der künstlichen Besamung in den 1950er Jahren, die eigentlich ein Mittel zur Deckseuchenbekämpfung war, haben Rinderzüchter rasch erkannt, dass die systematische Nutzung der Informationen vieler Töchtern einzelner Stiere extrem nützlich für die Zucht ist. Die Nachkommenprüfung war geboren und dominierte für die nächsten 60 Jahre das Zuchtgeschehen. Leistungsprüfung und Pedigree waren die zentralen Informationen im System der Zuchtwertschätzung. In dieser Zeit erkannte man, dass das Zuchtziel komplex sein muss und dass Informationen über sehr viele Merkmale erhoben und genutzt werden müssen. Der ökonomische Gesamtzuchtwert wurde Mitte der 1990er Jahre in Österreich entwickelt (Miesenberger, 1997) und ist mit Modifikationen nach wie vor die zentrale Zahl bei der Zuchtwahl von Rindern.

Molekulargenetiker haben früh auf den potentiellen Nutzen molekularer Marker hingewiesen. Prof. Martin Förster von der LMU München postulierte im Jahr 1995, dass Informationen zur Wirkung von Genen auf Leistungsmerkmale recht bald die Leistungsprüfung ersetzen würden. Die quantitativen Genetiker, zu denen auch ich mich zähle, hielten das für übertrieben. Mein Vorgänger Prof. Alois Essl replizierte, dass, selbst wenn Gene mit großer Wirkung gefunden würden, niemals genug Information über deren Aktion

und Wechselwirkung akkumuliert werden könnte, um den Zuchtwert von Tieren ausreichend gut zu beschreiben.

Das Genom und molekulare Marker

Die genetische Information ist beim Rind in den 30 Chromosomenpaaren jeder Zelle gespeichert, der genetische Code ist simpel. Vier Basen-Buchstaben (A, C, G, T) reichen aus, um in Dreierkombinationen „Worte“ oder „Anweisungen“ zur Bildung von Aminosäuren und Start- und Stop-Codons zu bilden, die für die Bildung von Enzymen, Proteinen und letztlich allen anderen Bausteinen des Lebens verantwortlich sind. Das Genom besteht aus rund 3 Milliarden solcher Buchstaben. Das Genom wurde im Jahr 2001 beim Menschen vollständig gelesen (sequenziert), seit 2005 liegt die Sequenz auch beim Rind vor. Die Molekulargenetik ist dabei zu lernen, die Sprache des Genoms besser zu verstehen. Aktuell weiß man, dass es rund 50.000 Gene gibt, die abgelesen und in Aminosäureketten übersetzt werden. Proteine sind aneinander gereihte Aminosäuren. Die regulatorischen Mechanismen der DNA sind Gegenstand vieler Untersuchungen.

Molekulare Marker sind einzelne Basen oder kurze Basen-Ketten, die mit molekularen Methoden eindeutig wiederzufinden und örtlich zuzuordnen sind. Sie können als eine Art Markierung für das jeweils rundum liegende Stück des Genoms dienen. Ein wesentlicher Faktor für die genomische Revolution in der Rinderzucht war die Entwicklung von Hochdurch-

satz-Technologien für die Genotypisierung von SNPs (gesprochen: „Snips“, single nucleotide polymorphisms) bezeichnet. Ein SNP bezeichnet die Position einer einzigen Base (von rund 3 Milliarden!), die in einer Population in mehr als einer Variante vorliegt. Fast 99 % des Genoms sind für alle Individuen einer Art identisch, also nicht SNP. Die Technologie zur Auffindung von SNP hat sich rasant entwickelt, heute kann man beim Rind und anderen Nutztieren rund 50.000 SNP um € 20-30 genotypisieren lassen.

Genomische Selektion

Der erste Ansatz, genomische Marker in der Zucht zu verwenden, wurde „Marker-gestützte Selektion“ benannt. Man suchte Marker in der Nähe von Genen, für welche eine große Wirkung auf ein Merkmal postuliert wurde, schätzte den Effekt verschiedener Allele und fügte diese Marker in die konventionelle BLUP-Schätzgleichung ein. Dies wurden von manchen Zuchtorganisationen in den 1990er und frühen 2000er Jahren implementiert, mit recht wenig Erfolg. Das lag wohl auch daran, dass Marker teuer waren und das Genom mit vergleichsweise wenigen Markern sehr schlecht abgedeckt werden konnte.

In einer Schlüssel-Publikation schlugen Meuwissen, Hayes und Goddard (2001) einen alternativen Weg zur Nutzung genetischer Marker in der Selektion vor, und benannten diese Gruppe von Methoden „Genomische Selektion“. In einer Simulation zeigten sie, dass ein dichtes Netz von Markern verteilt über das Genom effektiv für die Vorhersage von Zuchtwerten genutzt werden kann, ohne vorher die Effekte der einzelnen Marker zu prüfen und einen großen Teil wegen nicht gesicherter Effekte auszuschließen. Dieser Publikation wurde anfangs wenig Bedeutung zu-

gemessen, weil es eben zu teuer war, ein dichtes Marker-Netz zu knüpfen.

Meine Zeit an der University of Sydney, 2006-2007

Im Jahr 2006 war eine einjährige Gastprofessur „Molecular Animal Breeding“ an der University of Sydney in Australien ausgeschrieben. Weil ich zwar einen guten Ruf als quantitativer Genetiker hatte, aber noch wenig erfahren mit der Analyse molekularer Daten war, bewarb ich mich und bekam diese Stelle. Im September 2006 übersiedelte ich mit meiner Familie nach Sydney und fand Daten von 15.000 SNP Markern von 1.500 sicher geprüften Holstein Friesian Stieren vor, die von einem Wissenschaftler-Team unter Leitung von Prof. Herman Raadsma bearbeitet wurden. Ich fügte mich in dieses Team ein und war dort so etwas wie die kreative Qualitätskontrolle des Teams. Die Überprüfung der von Meuwissen, Hayes und Goddard (2001) vorgeschlagenen Methoden und auch die Entwicklung alternativer statistischer Ansätze der genomischen Selektion waren zentrales Thema. Die Ergebnisse waren hervorragend. Im März 2007 kam ich für zwei Wochen nach Österreich und präsentierte erste Ergebnisse im Rahmen des ZAR-Seminars. Die zentrale Folie dieser Präsentation ist in **Tabelle 1** wiedergegeben.

Tabelle 1: Sicherheiten genomischer Zuchtwerte aus Tests beim australischen Holstein Friesian Rind (Sölkner, 2007)

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

Die Vorstellung, Zuchtwerte mit solchen Sicherheiten aus dem Blut (also der DNA) junger männlicher Kälber lesen zu können, war für die Verantwortlichen der österreichischen Rinderzucht, ganz besonders der Fleckviehzucht, faszinierend. Noch vor meiner Rückreise nach Australien setzten wir uns zusammen und beschlossen gemeinsam, ein Projekt zur genomischen Selektion für Fleckvieh in Österreich zu entwickeln. Ich nahm Kontakt mit der ZuchtData GmbH auf und Christa Egger-Danner war meine wichtigste Partnerin bei der Projektentwicklung. Zurück in Sydney arbeitete ich wieder an verschiedenen Methoden der genomischen Selektion, bis hin zu Machine Learning, die Ergebnisse waren jedoch für viele verschiedene Ansätze ähnlich gut. Es gab keine Methode, die besser als alle anderen war.

Anfänge der genomischen Selektion in Österreich

Anfang 2008 konnten wir bereits mit einem von der Österreichischen Forschungsförderungsgemeinschaft (FFG) sowie der AGÖF und deren Mitgliedsverbänden finanzierten Projekt „Entwicklung einer genomischen Zuchtwertschätzung für Fleckvieh“ beginnen. Birgt Gredler und Hermann Schwarzenbacher waren durch dieses Projekt finanzierte hervorragende Wissenschaftler und wir konnten zeigen, dass genomische Selektion auch bei Fleckvieh funktioniert und deshalb implementiert werden sollte. Zeitgleich gab es auch ein Projekt zur genomischen Selektion bei Fleckvieh in Deutschland und die Vorbereitungen zur Implementierung der genomischen Selektion liefen gemeinsam bei allen drei Zuchtwertschätz-Partnern. Im Dezember 2010 wurde die erste genomische Zuchtwertschätzliste bei Fleckvieh veröffentlicht. Internationale Untersuchungen in dieser Zeit zeigten, dass

nicht nur eine große Zahl genetischer Marker, sondern auch eine große Referenzpopulation für die Erstellung von Schätzformeln für die genomische Selektion erforderlich ist (z.B. Liu et al., 2011). Bei Holstein Friesian bildeten sich zwei große Konsortien, die Länder übergreifend genomische Selektion betrieben. Für die Rasse Braunvieh bildete sich ein einziges internationales Konsortium mit dem Namen „Intergenomics“, an dem alle führenden Braunvieh-Länder teilnehmen, darunter natürlich auch Österreich. Für die lokalen Rassen Tiroler Grauvieh und Pinzgauer führten wir gemeinsam mit den Zuchtverbänden ein vom BMLFUW (jetzt BMNT) finanziertes Projekt zur potentiellen Einführung der genomischen Selektion bei diesen Rassen durch. Die Ergebnisse mit jeweils rund 220 sicher geprüften Stieren zeigten keine sehr starke Verbesserung, weshalb zu dieser Zeit (2014) auf eine Implementierung verzichtet wurde.

Aktueller Stand zur genomischen Selektion

Zuchtwertschätzung ist traditionell ein üblicherweise höchst komplexes statistisches Verfahren, mit dem man die Effekte des Genotyps und verschiedener Umweltfaktoren möglichst gut trennen will. Die Hinzufügung von rund 50.000 SNP Markern pro genotypisiertem Tier hat das Verfahren weiter kompliziert. Bis vor recht kurzer Zeit war es nicht möglich, genotypisierte und nicht genotypisierte Tiere in einem Rechengang gemeinsam zu berücksichtigen. Mit genotypisierten Tieren wurde eine genomische Zuchtwertschätzung durchgeführt und diese Zuchtwerte wurden mit konventionellen Zuchtwerten aus der traditionellen Pedigree-basierten Zuchtwertschätzung zu so genannten genomisch optimierten Zuchtwerten verknüpft. Ein in den USA lebender polnischer Wissenschaftler, Ig-

nacy Misztal, hat gemeinsam mit Kollegen eine Methode entwickelt, eben diese Trennung aufzuheben und die Zuchtwerte genotypisierter und nicht genotypisierter Tiere in einem Rechengang zu ermitteln, die Single-Step Methode. Hermann Schwarzenbacher wird diese und auch andere technische Aspekte der genomischen Zuchtwertschätzung in seinem Beitrag erörtern.

Schlussfolgerung

Die Technologie der genomischen Selektion hat die bereits zuvor extrem effiziente Rinderzucht noch einmal deutlich verbessert. Natürlich stellt sich wie immer im Zusammenhang mit verbesserten Züchtungstechniken auch die Frage, ob denn die Richtung der Zucht stimmt. Das möchte ich aus meiner Sicht für die österreichische Rinderzucht bejahen.

Ich denke auch, dass wir uns für die kleinen Rassen überlegen müssen, ob der Zuchtfortschritt genomisch zu verbessern ist. Meine Meinung ist „ja“ und ich verweise auf den Beitrag von Gabor Meszaros.

Literatur

- Liu, Z., Seefried, F.R., Reinhardt, F., Rensing, S., Thaller, G., Reents, R. (2011). Impacts of both reference population size and inclusion of a residual polygenic effect on the accuracy of genomic prediction. *Genetics Selection Evolution*, 43, 19.
- Meuwissen, T.H.E., Hayes, B.J., Goddard, M. E. (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157, 1819-1829.
- Miesenberger, J. (1997). Zuchtzieldefinition und Indexselektion für die österreichische Rinderzucht. Dissertation, Universität für Bodenkultur Wien.
- Sölkner, J. (2007). Möglichkeiten der molekularen Rinderzucht. ZAR-Seminar 2007, Heffterhof, Salzburg.

Genomische Zuchtwertschätzung und Herdentypisierung

Hermann Schwarzenbacher¹, Christian Edel²

¹ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, Wien

²Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Tierzucht

Einleitung

Wissenschaftler in der Nutztierzüchtung arbeiten schon viele Jahrzehnte an Methoden zur Einbeziehung von Information aus genetischen Markern in den Selektionsprozess (Soller et al. 1976). Dies ist vergleichsweise einfach bei sogenannten „Mendelschen Merkmalen“, da hier häufig nur ein Genort an der Ausprägung des Erscheinungsbildes beteiligt ist. Beispiele hierfür sind rezessive Erbfehler oder genetische Besonderheiten wie die Hornlosigkeit.

Viel schwieriger gestaltet sich dieses Vorhaben bei polygenen Merkmalen. Solche Merkmale werden durch eine Vielzahl von Genvarianten beeinflusst. Die weitaus größte Gruppe der Phänotypen, die Tierzüchter interessieren, fällt in diese Kategorie. Erschwerend kommt hinzu, dass hier Umwelteinflüsse meist mehr zu den beobachtbaren Unterschieden am Tier beitragen als die Genetik.

Da die Genotypisierung vor der Einführung der sog. SNP Chips ein kostspieliges und zeitaufwändiges Unterfangen war, war es damals nicht leistbar Nutztiere mit 1000en von Markern zu untersuchen. Ausgangspunkt der Hoffnungen lag deshalb in der Hauptgenhypothese, welche unterstellt, dass auch bei polygenen Merkmalen einzelne Genvarianten existieren, die einen relevanten Anteil der Tierunterschiede erklären. Obwohl man einzelne solcher Varianten kannte (z.B. *DGAT1*, Grisart et al. 2002, Winter et al. 2002) war

lange Zeit völlig unklar wie verbreitet solche Hauptgene bei züchterisch relevanten Merkmalen sind.

Zuchtprogramme mit markergestützter Selektion wurden in einigen Ländern eingeführt, konnten sich jedoch nicht durchsetzen, da die Kosten-Nutzen Relation meist ungünstig war (Bennewitz et al., 2004; Boichard et al. 2006).

Die Jahre 2001 mit den Schlüsselpublikationen von Meuwissen et al. (2001) zur Methodik der genomischen Selektion und 2008 mit der Einführung von SNP Chips (Van Tassel et., 2008) haben dann aber der Molekulargenetik in der Tierzucht endgültig zum Durchbruch verholfen. Was waren die entscheidenden Faktoren, die dies möglich gemacht haben?

Genomische Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung (ZWS) über das Tiermodell ermöglicht die Abschätzung der genetischen Veranlagung eines Tieres anhand eigener Leistungen bzw. der Leistungen von verwandten Tieren. Um einschätzen zu können welche Aussagekraft die Eigenleistung oder auch Verwandteninformation auf den Zuchtwert eines Tieres hat, braucht man die Erbllichkeit, auch Heritabilität genannt. Unglücklicherweise können wir diese nicht messen, sondern sind auf statistische Verfahren angewiesen, die uns einen Schätzwert liefern. Dabei werden die Leistungen verwandter Tiere miteinander verglichen und darüber ermit-

telt, welcher Anteil der beobachtbaren Unterschiede auf genetische Einflüsse zurückzuführen ist.

In der eigentlichen ZWS werden nun nicht nur die Leistungen des einzelnen Tieres betrachtet sondern es werden Leistungsinformationen von allen verwandten Tieren im Pedigree gleichzeitig herangezogen, um den Zuchtwert eines Tieres zu schätzen. Je höher die Erblichkeit eines Merkmals dabei ist und umso enger die Verwandtschaft, umso höher ist die Gewichtung einer verwandten Leistungsinformation. Die Verwandtschaft zwischen Tieren entspricht jedoch nicht dem tatsächlichen Anteil herkunftsgleicher Gene, sondern dem durchschnittlichen Wert aufgrund der Abstammung. So teilen sich bei diesem Verfahren Enkel beispielsweise mit Großeltern im Durchschnitt 25% gleiche Genvarianten (ohne Berücksichtigung von Inzucht), während der tatsächliche Schwankungsbereich aber zwischen 10 und 40% liegen kann.

Die genomische ZWS als **genomisches BLUP Modell (G-BLUP)** kann nun als Erweiterung dieser herkömmlichen ZWS verstanden werden. Da über SNP Chips für jedes genotypisierte Tier tausende Markergenotypen zur Verfügung stehen, ist es nun möglich die tatsächlichen Verwandtschaften zwischen Tieren mit extrem hoher Genauigkeit zu bestimmen, anstatt sich auf die aus der bekannten Abstammung ermittelten Durchschnittswerte zu verlassen. Dadurch können Leistungsinformationen von verwandten genotypisierten Tieren nun wesentlich genauer gewichtet werden. Erstmals war hierdurch möglich bei Jungtieren ohne Eigen- und Nachkommenleistung Zuchtwerte zu schätzen, die vom Mittelwert der Eltern abweichen (=Zufallshälfte). Die frühzeitige Abschätzung der Zufallshälfte ist beim Rind der entscheidende Vorteil der ge-

nomischen Selektion, da darüber der jährliche Zuchtfortschritt vor allem über die Verkürzung des Generationsintervalls erhöht werden kann.

Der Vollständigkeit halber darf nicht unerwähnt bleiben, dass es mit dem **SNP-BLUP Modell** („Markermodell“) eine alternative Formulierung zum G-BLUP gibt. Im Gegensatz zum G-BLUP werden in diesem Modell Zuchtwerte für Markereffekte geschätzt. Der Zuchtwert eines genotypisierten Tieres ergibt sich durch simples Multiplizieren der Markereffekte mit dem jeweiligen Markergenotyp, und anschließendes Aufsummieren über alle Marker in der Schätzung. Obwohl intuitiv überraschend, führt das SNP-BLUP Modell unter bestimmten Umständen zu identischen Genomzuchtwerten wie das G-BLUP Modell. Diese Modellformulierung hat in Schätzsystemen mit einer großen Anzahl von genotypisierten Stieren rechentechnische Vorteile.

In zwei Schritten zum Genomzuchtwert

Obwohl durch die Einführung der SNP Chips die Preise für die Erzeugung eines Genotyps drastisch sanken und der Labordurchsatz vervielfacht wurde, war die Genotypisierung in den Anfangszeiten der genomischen Selektion immer noch ein teures Unterfangen. Es war daher effizient nur Tiere mit genau geschätzten Phänotypen zu genotypisieren – beim Rind sind das geprüfte Stiere mit hunderten bis tausenden von Nachkommenleistungen.

Diese Gruppe bildet die sogenannte **Lernstichprobe (LSP)**, die oft auch als Kalibrierung bezeichnet wird. Die Übertragung der Leistungsinformation von den Nachkommen auf die Stiere der Lernstichprobe geschieht über eine **vorgeschaltete konventionelle Zuchtwertschätzung**. Aus dieser Schätzung werden

dann sogenannte „Pseudo-Phänotypen“ für die Tiere der LSP abgeleitet. Diese Informationen sind die zusammengefassten und um systematische Umwelteinflüsse bereinigten durchschnittlichen Leistungen der Töchtergruppen der Stiere.

In der **G-BLUP ZWS** nach dem oben beschriebenen Prinzip gehen daher zunächst nur Stiere der LSP ein. Die Zuchtwerte aus diesem Schätzlauf werden als **genomisch direkte Zuchtwerte** (gdZW) bezeichnet. Der Vollständigkeit halber darf nicht unerwähnt bleiben, dass grundsätzlich auch genotypisierte Kühe mit Eigenleistung in die LSP aufgenommen werden könnten. Dass genotypisierte Kühe in der Anfangszeit kaum in nennenswertem Umfang anfielen ist wohl der Grund dafür, dass sie in der Regel in der LSP bis heute nicht berücksichtigt werden. Wollte man dies ändern, müsste man im Hinblick auf eine zuverlässige Schätzung jedoch zusätzlich darauf zu achten, ob die wenigen bisher sehr selektiv ausgewählten genotypisierten Kühe tatsächlich repräsentativ für die zu schätzende Population sind.

Als **Kandidaten** werden alle genotypisierten Tiere bezeichnet, die nicht in der Lernstichprobe sind. Das können Kälber sein aber auch Kühe mit mehreren abgeschlossenen Laktationen.

Die Genomzuchtwerte eines Kandidaten errechnen sich aus den genomischen Zuchtwerten aller Stiere in der LSP sowie deren genomischer Verwandtschaften zum jeweiligen Tier. Ein wichtiger Aspekt dabei ist, dass Leistungsdaten aus Kandidaten nicht zum Schätzwert aus der Lernstichprobe beitragen. Ebenso beeinflussen sich Genomzuchtwerte von Kandidaten nicht gegenseitig. Im letzten Schritt wird schließlich die Leistungsinformation ergänzt, die in den Pseudo-

Phänotypen der LSP nicht repräsentiert ist. Das betrifft beispielsweise Eigenleistungen von Kühen, deren Kälber als Kandidaten geschätzt werden. Der gdZW wird dadurch zum offiziell anerkannten **genomisch optimierten ZW** (goZW).

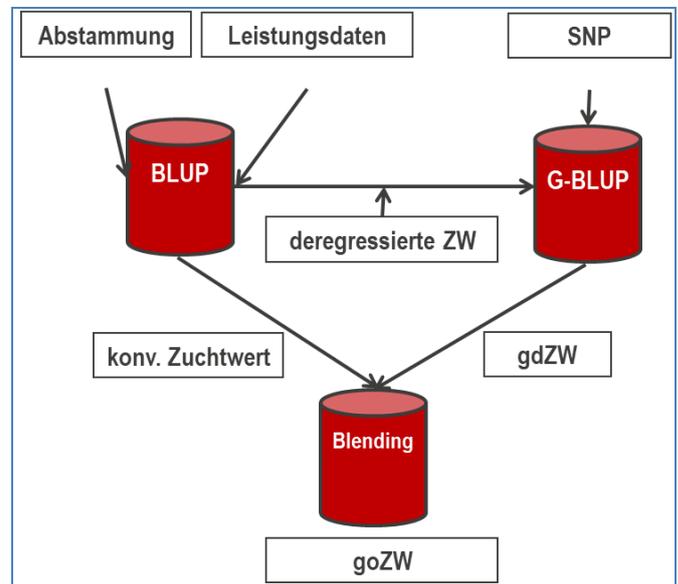


Abbildung 1: Schematischer Ablauf der zweistufigen genomischen Zuchtwertschätzung (G-BLUP)

Aus dieser Ablaufbeschreibung wird klar, dass das aktuelle zweistufige Schätzsystem aus vielen Arbeitsschritten besteht. Daraus ergeben sich neben organisatorischen Erfordernissen auch methodische Schwächen:

- **Keine Berücksichtigung der genomischen Vorselektion:**

Da wir keinen Informationsübertrag aus der Genomik haben, geht die konventionelle ZWS wie bisher davon aus, dass Genomische Jungvererber (GJV) zufällige Stichproben ihrer Eltern sind. Der Durchschnitt der Elternzuchtwerte ist daher der vermeintlich beste Startwert und sobald verfügbar wird Nachkommeninformation herangezogen um die tatsächliche Elternabweichung abzuschätzen. Tatsächlich werden aber Kandidaten an den Genom-

zuchtwerten streng vorselektiert, was dazu führt, dass die wahren Zuchtwerte von selektierten GJV im Durchschnitt deutlich über dem wahren Elternmittel liegen. Es ist zu erwarten, dass konventionelle Zuchtwerte bei Merkmalen, die unter strenger Selektion stehen, im weiteren Verlauf zunehmend unterschätzt werden, vor allem solange noch wenig Information aus Nachkommen vorliegt. Es gibt inzwischen Hinweise aus vielen Ländern, dass dies zunehmend zum Problem werden dürfte (z.B. Masuda et al., 2018). Da konventionelle Zuchtwerte wiederum Grundlage der G-BLUP Schätzung sind, ist mit einer Fehlerfortpflanzung in die Genomik zu rechnen.

- **Kein Rückfluss von Information auf nicht genotypisierte Tiere:**

Der SNP-Genotyp eines Kalbes beinhaltet Information zum Genotyp der Mutter, auch wenn diese selbst nicht genotypisiert ist. Weist ein Kalb an einem Marker den Genotyp AC auf und dessen Vater ist reinerbig AA, dann ist beispielsweise klar, dass die Mutter ein C Allel vererbt hat. Diese indirekte Herleitung von Genotypen wird als Genotypen-Imputation bezeichnet und ist relevant, da hergeleitete Genotypeninformation natürlich auch zuchtwertrelevante Informationen darstellen.

Im aktuellen zweistufigen Schätzsystem bleibt diese jedoch unberücksichtigt.

Lektionen aus 10 Jahren Genomik

Hunderttausende, beim Holstein gar Millionen von Genotypen erlauben völlig neue Einblicke in die genetische Fundierung von polygen bedingten Merkmalen. Diese Befunde sind wichtig um Wege zu identifizieren, wie die Leistungsfähigkeit der genomischen ZWS zukünftig gesteigert werden kann.

- **Es gibt (fast) keine wichtigen Genvarianten!**

Die Genomforschung hat gezeigt, dass in fast allen züchterisch interessanten Merkmalen tausende genetische Varianten an der Merkmalsausprägung beteiligt sein dürften. Einzelne Hauptgene sind in den vielen Merkmalen von Bedeutung, erklären aber zusammen genommen selten mehr als 5 oder 10% der genetischen Variation (Godard et al. 2016, Weller et al., 2017).

- **Sehr viele SNPs bringen keine Verbesserung!**

Dieser Befund ist auch in Zusammenhang mit den weitgehend fehlenden Hauptgenen zu sehen. Vereinfacht gesagt ist es nicht entscheidend eine kausale Genvariante über dichte Genotypisierung zielgenau festzunageln, wenn diese nur 0,01% der genetischen Unterschiede erklärt. Zudem ist die genetische Variabilität unserer Nutztierpopulationen aufgrund der strengen Selektion im Vergleich zur Tierzahl sehr klein (die effektive Populationsgröße liegt meist zwischen 50 und 200). Das bedeutet, dass gleiche und vorteilhafte Chromosomenabschnitte bei sehr vielen Zuchttieren zu finden sind. Es ist nachvollziehbar, dass es wenig bringt die Vererbung eines solchen Abschnitts mit hunderten Markern zu

verfolgen, da in der genomischen ZWS jeweils nur ein Effekt für den gesamten Chromosomenabschnitt schätzbar ist. Für das Fleckvieh wurden sowohl mit 780.000 HD Genotypen als auch mit ~12 Mio imputierten Sequenzvarianten nur marginale Anstiege der Sicherheiten von Genomzuchtwerten gefunden (Ertl et al. 2014, Erbe et al. 2016).

- **Teuer aber effektiv: Genotypen und Phänotypen in großer Zahl**

Plieschke et al. (2016) zeigen in einer aufwändigen Simulationsstudie, dass bei Merkmalen mit 40% Erblichkeit durch das gezielte Typisieren von bis zu 100 Töchtern pro GJV über mehrere Stierjahrgänge die Sicherheiten der goZW auf 80% gesteigert werden können. Die große Zahl der Töchtergenotypen mit den zugehörigen Leistungsinformationen erlauben eine wesentlich genauere Abschätzung der Unterschiede zwischen den einzelnen alternativen Chromosomenabschnitten die dieser Vater an seine Töchter weitergegeben hat. Dies gilt aber auch für die Zuchtwerte einzelner Chromosomenabschnitte dieses Stieres. Da diese Chromosomenabschnitte über zwei bis drei Generationen relativ stabil weitergegeben werden ist es dadurch besser möglich einzuschätzen, wie sich die Weitergabe von Chromosomen an die Nachkommen auf deren Zuchtwert auswirkt. Die Autoren zeigen in ihrer Studie aber auch auf, dass es wichtig ist repräsentative Töchterinformationen zu bekommen. Bei vorselektierten Töchtergruppen geht der Sicherheitszugewinn fast vollständig verloren.

Die Wiedervereinigung: Single-Step ZWS

Im Jahr 2009 haben Legarra und Misztal einen Vorschlag zur Zusammenführung von genomischer und konventioneller ZWS in ein Verfahren gemacht (Legarra et al. 2009, Misztal et al. 2009). Herzstück dieses Ansatzes ist die Berücksichtigung der Verwandtschaft aus Genominformation nicht nur für Genotypisierte sondern für alle Tiere in der Zuchtwertschätzung. Dies wird durch einen Informationsübertrag erreicht, bei dem beobachtete Genotypen und Abstammungsinformationen miteinander kombiniert werden. Dabei werden mit einer bestimmten Genauigkeit Genotypen, ausgehend von genotypisierten Tieren, ins Pedigree ‚hineingerechnet‘. Dieser Prozess wird als **Genotypenimputation** bezeichnet. Dadurch entfällt vom Prinzip her die Notwendigkeit, genomische Zuchtwerte und nicht berücksichtigte konventionelle Zuchtwerte nachträglich miteinander zu kombinieren.

Analog zum zweistufigen SNP-BLUP Verfahren gibt es auch im Single-Step eine äquivalente Modellformulierung über die Zuchtwerte zunächst für SNP Marker geschätzt werden. Tierzuchtwerte können dann wie oben beschrieben aus Markereffekten errechnet werden.

Der Rechenaufwand für die Lösung einer Single-Step ZWS ist stark abhängig von der Anzahl der Genotypen. Problematisch ist vor allem, dass sich der Rechenaufwand sowie der Speicherbedarf nicht linear zur Anzahl der Genotypen verhält. Anwendungen in großen Populationen sind daher nur über leistungsfähige Rechner und vor allem hochentwickelte Software wie MiX99 (Lidauer et al. 2017) möglich.

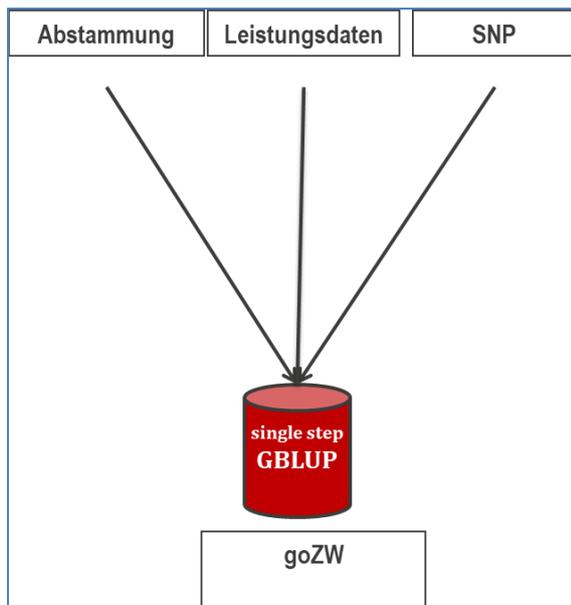


Abbildung 2: Schematischer Ablauf der Single-Step Zuchtwertschätzung

Vorteile des neuen Verfahrens

- **Optimale Nutzung der verfügbaren Information für die genomische Vorhersage**

Jedes Tier mit Leistungsinformation trägt in diesem Verfahren zur Schätzung bei. Dies betrifft vor allem genotypisierte Stiere und Kühe, aber, aufgrund der Genotypenimputation, auch untypisierte Tiere unter Leistungsprüfung. Indirekt können sogar genotypisierte Tiere ohne Leistung zur Schätzung beitragen, indem sie helfen den Genotyp von verwandten Tieren mit Leistung zu imputieren. Ein Beispiel wäre eine untypisierte Kuh mit mehreren genotypisierten Nachkommen.

Daher ist dieses Verfahren auch optimal um Informationen aus Herdentypisierungsprojekten wie FoKUHs oder Braunvieh Vision in die genomische ZWS zu integrieren.

- **Berücksichtigung der genomischen Vorselektion**

Wie oben beschrieben ist im zweistu-

figen Verfahren bei Merkmalen unter starker genomischer Vorselektion eine Verzerrung konventioneller und in weiterer Folge auch genomischer Zuchtwerte zu erwarten. Im Single-Step Verfahren wird jedoch der genomischen Vorselektion Rechnung getragen, da in diesem Verfahren nicht der konventionelle sondern der genomische Ahnenindex der beste Startwert eines vorselektierten Besamungsstieres ist, bevor Töchterleistungen auflaufen. Zu berücksichtigen ist jedoch, dass es bisher noch keine langfristigen Erfahrungen aus Routineanwendungen mit diesem Zuchtwertschätzverfahren gibt.

Bereits in diesem Jahr wird es voraussichtlich zur Routineeinführung des neuen Verfahrens bei allen Exterieurmerkmalen in der Rasse Fleckvieh kommen. Auch bei den anderen Merkmalen und beim Braunvieh ist in den nächsten Jahren mit einer stufenweise Umstellung auf das neue Verfahren zu rechnen.

Herdentypisierung

Seit Einführung der Genomischen Selektion (GS) vor 10 Jahren hat sich der Schwerpunkt der Genotypisierung zunehmend auf weibliche Tiere verlagert. Die Nutzung von GS zur genomischen Vorselektion von Stieren wurde daher zusehends erweitert auf die Selektion interessanter Kalbinnen für die Hochzucht (z.B. Embryotransfer) und in weiterer Folge auf die innerbetriebliche Selektion der Nachzucht. Die Frage ob und wie umfangreich weibliche Tiere mit Phänotypendaten genotypisiert werden, ist heute zu einem entscheidenden Faktor im Wettbewerb der Rinderpopulationen geworden. Vorreiter dieser Entwicklung sind wie so oft die USA mit aktuell 2,43 Mio Genotypen, 91% davon weiblich

(https://queries.uscdcb.com/Genotype/cur_ctry.html). Auch in unserer genomischen ZWS ist diese Entwicklung in abgeschwächter Form zu beobachten (**Abbildung 3**).

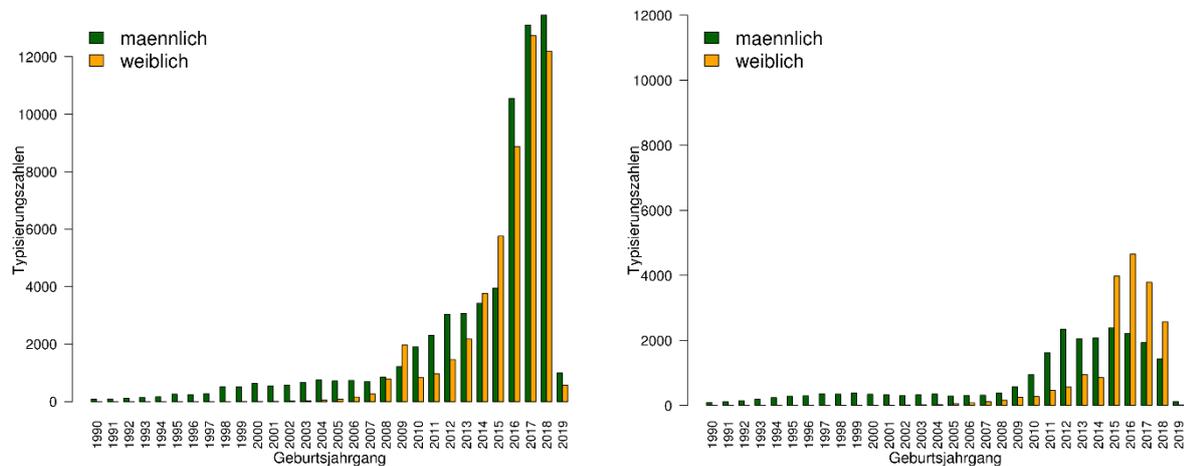


Abbildung 3: Entwicklung der Genotypisierungszahlen beim Fleckvieh (links) und Braunvieh (rechts) nach Geschlecht und Geburtsjahrgang in der gemeinsamen genomischen ZWS (Stand 03/19).

Besonders wichtig wird die Genotypisierung von weiblichen Tieren bei Merkmalen die erst seit kurzer Zeit erhoben werden. Ein Beispiel hierfür sind direkte Gesundheitsmerkmale auf der Basis von tierärztlichen Diagnosen und/oder Beobachtungen durch den Tierhalter. Hier ist der Aufbau einer Kalibrierung über geprüfte Stiere ein langwieriger Prozess der mindestens 10 bis 15 Jahre in Anspruch nimmt. Über die direkte Einbeziehung von genotypisierten Kühen, die für das Merkmal unter Leistungskontrolle stehen, kann hingegen innerhalb weniger Jahre eine genomische Zuchtwertschätzung etabliert werden. Es

verwundert daher nicht, dass in vielen Ländern Projekte zur systematischen Genotypisierung von weiblichen Tieren initiiert wurden. Das Ziel dieser Programme ist der Aufbau einer Kuh-Lernstichprobe, meist mit dem Schwerpunkt auf Gesundheitsmerkmalen. Die **Tabelle 1** gibt einen Überblick über laufende Herdentypisierungsprojekte in Österreich und Deutschland. Im Rahmen des Projektes FoKUHs wurden bisher 13.500 FV, 1.400 BV und 1.700 HF Typisierungen durchgeführt (Stand März 2019). Die Vollständigkeit der Phänotypenerfassung wird im Projekt laufend überprüft.

Table 1: Übersicht über derzeit laufende Herdentypisierungsprojekte in Österreich und Deutschland (Stand 03/2019).

Projekt	FoKUHs	Braunvieh Vision	Fleckfficient	KuhVision
Land	Österreich	Bayern, Baden-Württemberg	Baden-Württemberg	Deutschland (incl. AT)
Laufzeit	01.18-12.22	07.17-06.20	01.19-12.21	06.16-09.20
Anzahl Betriebe	463 346-FV 57-BV 60-HF (Teiln. an Kuhvision)	182 (Stand 02.19)	200	1.250 (Stand 01.19, inkl. Herdentypisierung)
Rassen	FV, BV, HF	BV	FV	HF
Anzahl Genotypisierungen	35.000 (FV) 5.500 (BV) 5.500 (HF)	38.000	20.000	Ziel 250.000 aktuell>300.000 (Stand 01.19)
Erfasste Phänotypen	Ein Programm für alle Standardmerkmale Gesundheitsdaten über GMON als tierärztl. Diagnosen Stoffwechsel (Ketotests) Klauenpflagedaten lineare Beschreibung	Ein Programm für alle Standardmerkmale Gesundheitsdaten über ProGesund und GMON als Diagnosen und Beobachtungen; Kälbererkrankungen incl. Trinkschwäche lineare Beschreibung	Mehrere Programme: Basis, Premium, Premium+ Standardmerkmale Gesundheitsdaten über GMON; Kälbererkrankungen incl. Trinkschwäche Verhalten: (Saugverhalten, Melkverhalten, Kuhcharakter) Lebendgewichte und Körpermaße Klauenpflagedaten lineare Beschreibung	Mehrere Programme: Basis, Basis+, Basis++ Standardmerkmale Gesundheitsdaten über GMON; Klauenpflagedaten lineare Beschreibung

In Bayern ist der Start des Fleckviehprojekts „**FleQS**“ für den 1. Mai 2019 geplant.

Die Herausforderungen die sich aus der Vielzahl Projekte für die genomische Zuchtwertschätzung ergeben sind beträchtlich.

Zum einen müssen weibliche Tiere mit Leistungsinformationen für bestehende Merkmale sukzessive in die Lernstichprobe integriert werden. Dies wird aus heutiger Sicht über die

Umstellung auf die Single-Step ZWS geschehen. Es gibt aber auch eine Reihe von Merkmalen aus dem Gesundheitsbereich, für die es entweder noch keine genomischen Zuchtwerte gibt (Mastitis, frühe Fruchtbarkeitsstörungen, Zysten, Milchfieber), oder für die völlig neue ZWS entwickelt werden müssen (Klauenbereich, Kälbererkrankungen, Verhaltensmerkmale).

Entscheidend für den langfristigen Erfolg der Projekte wird sein, ob es gelingt eine Versteigerung der Herdentypisierung in Österreich und Deutschland nach dem Auslaufen der Fördermittel zu erreichen. Betriebe werden nach nüchternen Kosten-Nutzen Überlegungen entscheiden. Daher ist es wichtig einen unmittelbaren Nutzen für den Betrieb zu generieren. Dafür sind neben aussagekräftigen Genomzuchtwerten, dem einfachen Zugang zur genomischen Untersuchung und günstigen Typisierungspreisen auch Software Lösungen im RDV notwendig, die die Nutzung von Genomik für die Zuchtarbeit am Betrieb unterstützen.

Literatur:

- Bennewitz J. et al. (2004): Top down preselection using marker assisted estimates of breeding values in dairy cattle. *J. Anim. Breed. Genet.* 121:307-318.
- Boichard D. et al. (2006): Implementation of marker-assisted selection: Practical lesson from dairy cattle. *Proc. 8th World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod., Belo Horizonte, MG Brazil.*
- Erbe et al. (2016): Genomic prediction using imputed sequence data in dairy and dual purpose breeds. *Journal of Animal Science* 94(supplement5):198.
- Ertl et al. (2014): On the limited increase in validation reliability using high-density genotypes in genomic best linear unbiased prediction: observations from Fleckvieh cattle. *J Dairy Sci.* 2014;97(1):487-96. doi: 10.3168/jds.2013-6855.
- Goddard et al. (2016): Genetics of complex traits: prediction of phenotype, identification of causal polymorphisms and genetic architecture. *Proc. Biol. Sci.* 283:20160569.
- Grisart et al., (2002): Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle. Identification of a missense mutation in the bovine DGAT1 gene with major effect on milk yield and composition. *Genome Res.* 12:222-231.
- Legarra, A. et al. (2014): Single step, a general approach for genomic selection. *Livest. Sci.* 166:54-65.
- Legarra, A., et al. (2009): A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *J. Dairy Sci.* 92:4656-4663.
- Lidauer, M., K. Matilainen, E. Mäntysaari, T. Pitkänen, M. Taskinen und I. Strandén. 2017 MiX99. General program for solving large mixed model equations with preconditioned conjugate gradient method. *Release XI/2017, Jokioinen, Finland.*
- Masuda et al. (2017): Differing genetic trend estimates from traditional and genomic evaluations of genotyped animals as evidence of preselection bias in US Holsteins. *J. Dairy Sci.* 101:5194-5206.
- Meuwissen THE. et al. (2001): Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* 157. 1819-1829.
- Misztal, I., et al. (2009): Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *J. Dairy Sci.* 92:4648-4655.
- Plieschke L. et al. (2016): Systematic genotyping of groups of cows to improve genomic estimated breeding values of selection candidates. *Genet. Sel. Evol.* 48:73.
- Soller et al. (1976): On the power of experimental designs for the detection of linkage between marker loci and quantitative loci in crosses between inbred lines. *Theor. Appl. Genet.* 47(1):35.9.
- VanTassel, C.P., et al. (2008): SNP discovery and allele frequency estimation by deep sequencing of reduced representation libraries. *Nat. Methods* 5: 247.252.
- Weller et al. (2017): Invited review: A perspective on the future of genomic selection in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 100: 8633-8644.
- Winter et al. (2002): Association of a lysine-232/alanine polymorphism in a bovine gene encoding acyl-CoA:diacylglycerol acyltransferase (DGAT1) with variation at a quantitative trait locus for milk fat content *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 99: 9300-9305.

Aspekte zur Optimierung von genomischen Zuchtprogrammen

Egger-Danner¹, Alfons Willam²

¹ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, Wien

²Universität für Bodenkultur Wien (BOKU), Institut für Nutztierwissenschaften (NUWI)

1. Einleitung

Preisstürze bei Genomanalysen ermöglichten die Entwicklung und Einführung der genomischen Selektion in den Routinebetrieb innerhalb weniger Jahre. Weltweit wurden die Zuchtprogramme aufbauend auf diesen Möglichkeiten umstrukturiert. Durch die Möglichkeiten der genomischen Selektion liegen von Jungtieren ohne Eigenleistung oder Nachkommenprüfung bereits Zuchtwerte mit Sicherheiten von 50-70% vor. Große Steigerungen bei den Zuchtfortschritten von bis zu 100% wurden oftmals prognostiziert (u.a. Schaffer, 2006). Zuchtziele, Möglichkeiten der Leistungsprüfung, Zuchtwertschätzung und Zuchtprogramme wurden überarbeitet und werden laufend an die neuen Möglichkeiten angepasst. Um die laut Zuchtziel angestrebten Zuchtfortschritte zu realisieren, ist es wichtig, dass aussagekräftige Merkmale aus der Leistungsprüfung für die Zuchtwertschätzung zur Verfügung stehen. Im Gesamtzuchtwert sind die Merkmale nach ihren Erheblichkeiten, genetischen Beziehungen untereinander und den wirtschaftlichen Gewichten kombiniert um die gewünschten Zuchtfortschritte zu erzielen. Die Informationen aus der Zuchtwertschätzung sind die Grundlage für die Auswahl der interessantesten Zuchttiere gemäß Zuchtprogramm. Im vorliegenden Beitrag werden verschiedene Möglichkeiten zur Optimierung eines genomischen Zuchtprogrammes am Beispiel Fleckvieh AUSTRIA aufgezeigt. Die Ausführungen beziehen sich groß-

teils auf Analysen im Rahmen des Forschungsprojektes OptiGene (Egger-Danner et al., 2015a). Im Beitrag von (Fürst et al., 2019) wird der aktuelle Stand der Umsetzung der Zuchtprogramme evaluiert.

2. Evaluierung eines Zuchtprogrammes

2.1 Methode

Die Analyse von Optimierungsschritten bzw. Auswirkungen von verschiedenen Strategien bei der Gestaltung von Zuchtprogrammen wurde im Rahmen des Projektes OptiGene (Egger-Danner et al. 2015a) mit dem Computerprogramm ZPLAN (Willam et al., 2008) durchgeführt. ZPLAN optimiert Selektionsstrategien in der Tierzucht bei Verwendung eines deterministischen Ansatzes aufbauend auf der Genflussmethode und einem Selektionsindex. Die genetische und ökonomische Effizienz von Zuchtprogrammen kann evaluiert werden. Selektionsgruppen mit unterschiedlichen Selektionsintensitäten und individuellen Informationsquellen können im Index definiert werden. Zusätzlich müssen für alle Selektionsgruppen verschiedene biologische Kennzahlen, Populations- und Kostenparameter definiert werden. Informationen zu den verwendeten biologischen, genetischen und ökonomischen Parametern sind in Egger-Danner et al. (2012b) dargestellt. Als Kriterium für die Evaluierung wird in diesem Beitrag der monetäre Zuchtfortschritt pro Jahr

(monZF/J herangezogen. Dieser ist folgendermaßen definiert:

Monetärer Zuchtfortschritt (ZF): Der Zuchtfortschritt ist die durchschnittliche monetäre bzw. naturale Überlegenheit der Nachkommen der selektierten Tiere einer Selektionsrunde gegenüber der Elterngeneration in der Zuchtstufe (pro Generation oder pro Zeiteinheit).

2.2 Faktoren (Hebel) im Zuchtprogramm für Zuchtfortschritt

Die Formel zur Berechnung des Zuchtfortschrittes ist in **Abbildung 1** dargestellt.

Abbildung 1: Mathematische Formulierung des Zuchtfortschrittes (ZF) pro Zeiteinheit (T) und Faktoren für Zuchtfortschritt

$$ZF/T = \frac{s_a \cdot i \cdot r(AgA)}{T}$$

Faktoren (Hebel, Schrauben) für Zuchtfortschritt:

- (1) Heritabilität des Merkmals bzw. die additiv-genetische Standardabweichung (s_a)
- (2) Remonte od. Remontierungsanteil (p) → Selektionsintensität (**i**)
- (3) Genauigkeit der ZWS für das Merkmal (r_{AgA}) - (nicht die Sicherheit)
- (4) Generationsintervall (**T**) - (je älter ein Zuchttier → T länger)

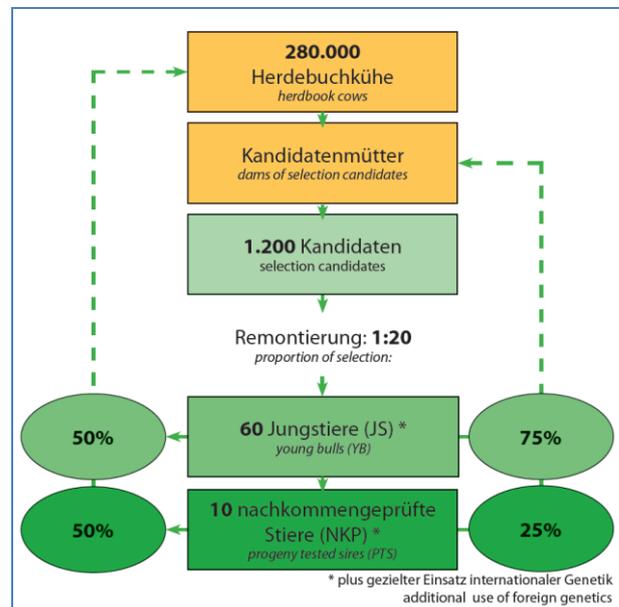
Ist für die einzelnen Pfade (Selektionsgruppen) im Zuchtprogramm zu definieren:

$$dZF/T = \frac{ZF(SV) + ZF(KV) + ZF(SM) + ZF(KM)}{T(SV) + T(KV) + T(SM) + T(KM)}$$

Der Zuchtfortschritt pro Jahr wird durch die Remontierung (Selektionsintensität (i)), die genetische Streuung des Merkmals (s_a), die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung (r_{AgA}) und das Generationsintervall (T) bestimmt. Der Zuchtfortschritt wird wiederum für die verschiedenen Selektionsgruppen berechnet.

2.3 Genomisches Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA

Abbildung 2: Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2012



Das genomische Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA wurde 2012 von der Arbeitsgemeinschaft österreichischer Fleckviehzüchter mit einem angestrebten Anteil an Jungtierbesamungen bei den Herdebuchkühen von 50% und von 75% in der gezielten

Paarung beschlossen. Als weiteres Ziel wurde festgelegt, dass aus 20 Kandidaten jeweils ein Jungtier selektiert wird (1:20). Die 50% der Jungtierbesamungen an den Herdebuchkühen sollen mit 60 jedes Jahr selektierten Jungstieren durchgeführt werden, die besten 10 Nachkommen geprüften Stiere sollen jährlich selektiert werden. Die Remontierungsrate wurde inzwischen angepasst und liegt aktuell bei 1:40.

3. Optimierungsschritte im Zuchtprogramm

Im vorliegenden Kapitel wird auf die Möglichkeiten von Optimierungsschritten eingegangen. Die Diskussion orientiert sich an den allgemeinen Stellschrauben in einem Zuchtprogramm.

Begriffe bei den Darstellungen:

GS50: Genomisches Zuchtprogramm, bei dem 50% der Besamungen der Herdebuchkühe und Stiermütter mit Jungstieren durchgeführt werden.

GS75: Genomisches Zuchtprogramm, bei dem 75% der Besamungen der Herdebuchkühe und Stiermütter mit Jungstieren durchgeführt werden.

GS100: Genomisches Zuchtprogramm, bei dem 100% der Besamungen der Herdebuchkühe und Stiermütter mit Jungstieren durchgeführt werden.

3.1 Genauigkeit und Zuverlässigkeit der Zuchtwerte

Durch die genomische Zuchtwertschätzung liegen bereits von Jungstieren Zuchtwerte mit Sicherheiten für den genomisch optimierten Gesamtzuchtwert (goGZW) von 60-65% vor. Im Vergleich zum vorgeschätzten Zuchtwert aus den Elternzuchtwerten (Pedigree-Index) wird hier ein Anstieg der Sicherheit um 20-30 Prozentpunkte je nach Merkmal erzielt. Ist der Vater von diesem Jungstier wiederum ein Jungstier, so liegen die Sicherheiten ca. 7 Prozentpunkte niedriger.

In **Tabelle 1** sind die Auswirkungen von höheren Sicherheiten der genomisch optimierten Zuchtwerte auf den monetären Zuchtfortschritt pro Jahr bei unterschiedlichen Anteilen Jungstierbesamungen im Zuchtprogramm

dargestellt. Bei GS50 werden 50 % aller Besamungen mit Jungstieren mit genomisch optimierten Zuchtwerten durchgeführt, bei GS100 werden nur mehr Jungstiere eingesetzt.

Tabelle 1: Monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr in Abhängigkeit von der Sicherheit der genomisch optimierten Zuchtwerte für drei Varianten eines genomischen Zuchtprogrammes (GS50, GS75, GS100)

	GS50	GS75	GS100
GZW-Si-49%	97,0 (-3,0)	101,8 (-4,3)	107,5 (-6,1)
GZW-Si-58%	100,0	106,1	113,6
GZW-Si-69%	103,0 (+3,0)	110,6 (+4,5)	120,0 (+6,4)
GZW-Si-80%	105,5 (+5,5)	114,3 (+8,2)	125,5 (+11,9)
GI (Jahre)	4,69	4,13	3,57

Wie **Tabelle 1** zeigt, erhöht sich der monetäre Zuchtfortschritt pro Jahr bei einer Steigerung der Sicherheit der goGZW von 49% auf 58% um 3%, wenn 50% aller Kühe mit Jungstieren mit genomisch optimierten Zuchtwerten besamt werden. Je höher der Anteil der Jungstierbesamungen ist, desto positiver wirkt sich eine höhere Sicherheit aus. Bei GS100, einem rein genomischen Zuchtprogramm, bringt eine Steigerung der Sicherheit von ca. 10- Prozentpunkten einen jeweils um ca. 6% höheren Zuchtfortschritt pro Jahr. Die Sicherheit der genomisch optimierten Zuchtwerte spielt allerdings auf Ebene der Gesamtpopulation eine geringere Rolle als z.B. die Effekte der Reduktion des Generationsintervalls (**Abbildung 3**).

Durch die Möglichkeiten der genomischen Selektion gewinnt die weibliche Seite im Zuchtprogramm stärker an Bedeutung. Durch die

Genotypisierung kann auch auf der weiblichen Seite strenger selektiert werden. Die Genotypisierung von Stiermüttern gewinnt deshalb an Interesse. Basierend auf den Annahmen im Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA wurden Berechnungen zur Genotypisierung von Stiermüttern durchgeführt. Wenn Kalbinnen-Stiermütter genotypisiert werden, kann dadurch die Sicherheit deutlich gesteigert werden (ohne Genotypisierung ca. 35% Si, mit Genotypisierung ca. 61% Si). **Tabelle 2** zeigt, dass der Nutzen der alleinigen Genotypisierung der Stiermütter sehr gering ist. Je nach Anteil Jungstierbesamungen ist mit einer Erhöhung von 1,8 bis 2,4% monetärer Zuchtfortschritt zu rechnen. Wenn die Genotypisierung mit einer Verkürzung des Generationsintervalles verbunden ist, weil mehr Kalbinnen bereits gezielt angepaart werden, steigt der zu erzielende relative Zuchtfortschritt auf 4,5 bzw. 6,5%. Ein weiterer positiver Effekt ist die Nutzung von Reproduktionstechnologien bei den genetisch interessantesten weiblichen Tieren.

Tabelle 2: Auswirkungen der Genotypisierung von Stiermüttern auf den monetären Zuchtfortschritt pro Jahr

	GS50	GS75	GS100
Ø GI Jahre	4,69	4,13	3,57
Basis	100,0	106,1	113,6
Basis+STM	101,8 (+1,8)	108,2 (+2,1)	116,0 (+2,4)
Basis+STM-GI	104,5	111,5 (+5,4)	120,1
reduz. Ø GI	(+4,5)	4,01	(+6,5)
Jahre	4,57		3,45

3.2 Erbllichkeit/Variabilität der Merkmale

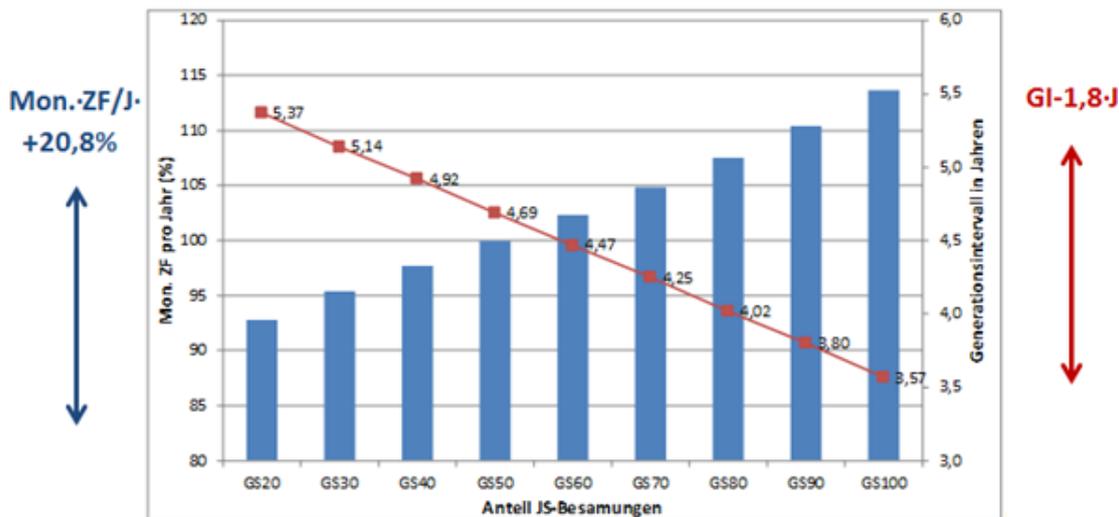
Wesentlich für die Erzielung von Zuchtfortschritt für die gewünschten Merkmalsbereiche sind aussagekräftige Parameter aus der Leistungsprüfung mit hohen Erbllichkeiten. Die Erbllichkeiten für die Milch-, Fleisch- und Exterieurmerkmale liegen üblicherweise im mittleren bis hohem Bereich (20-50%), Merkmale wie Zellzahl oder Nutzungsdauer liegen zwischen 10 und 15% und Gesundheitsmerkmale weisen meist nur eine Erbllichkeit von unter 5% auf. Verschiedene Studien zeigen jedoch, dass es sehr wohl Unterschiede in den Erbllichkeiten bei einzelnen Merkmalen in Abhängigkeit von der Datenquelle und Datenerfassung gibt, z.B. umfassend und standardisiert dokumentierte Klauenpflegedaten von ausgebildeten Klauenpflegern lassen höhere Erbllichkeiten erwarten. Die neuen Möglichkeiten aus den Automatisierungen lassen auch Fortschritte u.a. im Bereich der Gesundheit erwarten. Gelingt es nicht von Zielmerkmalen eine umfangreiche Leistungsprüfung aufzubauen, sind Hilfsmerkmale das Mittel der Wahl.

3.3 Generationsintervall

Die Verkürzung des Generationsintervalls ist die wirkungsvollste Maßnahme in einem genomischen Zuchtprogramm (Schaeffer, 2006). In **Abbildung 3** ist die Auswirkung der Reduktion des Generationsintervalls durch Erhöhung des Anteils an Jungstierbesamungen auf den monetären Zuchtfortschritt pro Jahr dargestellt. Bei GS20 werden 20% der Besamungen mit Jungstieren durchgeführt, bei GS50 50% und bei GS100 werden nur mehr Jungstiere eingesetzt. Dieser Prozentanteil bezieht sich auf die Herdebuchkühe als auch auf die Stiermütter. Durch die Steigerung des Anteils

Jungtierbesamungen von 20 auf 100% wird der monetäre Zuchtfortschritt pro Jahr um 20,8% gesteigert werden. Das Generationsintervall wird durch diese Maßnahme insgesamt um 1,8 Jahre reduziert.

Abbildung 3: Monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr und durchschnittliches Generationsintervall nach Anteil Jungtier-Besamungen (Egger-Danner et al. 2015)



Bei Fleckvieh AUSTRIA lag der Anteil an Jungtierbesamungen im Kontrolljahr 2018 bei 50%. Dies ist der Anteil, wie er im Jahr 2012 beschlossenen Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA festgelegt wurde. Das Alter der Väter der genomischen Jungtiere hat sich bei Fleckvieh in Österreich von 2010 von 7 Jahren auf 3,4 Jahre 2018 reduziert; auf der weiblichen Seite von 4,8 auf 3,2 Jahre. Um den Zuchtfortschritt zu steigern, ist es empfehlenswert den Anteil an Jungtierbesamungen zu erhöhen.

3.4 Selektionsintensität

3.4.1 Allgemein

Um die Selektionsintensität zu steigern bzw. hoch zu halten, ist es wichtig, dass in allen Selektionspfaden die besten Tiere für die Zucht selektiert werden. Den größten Anteil am

Zuchtfortschritt haben die Pfade der Mütter und Väter der Stiere. Je strenger hier selektiert wird, desto höher ist der zu erwartende Zuchtfortschritt. Wenn jedoch Tiergruppen aufgrund von bestimmten Eigenschaften aus der Zucht ausgeschlossen werden, so reduziert das den Zuchtfortschritt. Eine sehr strenge Selektion auf bestimmte Linien erhöht die Inzucht. Die breite Genotypisierung

von Kühen bietet auch die Chance, dass interessante Kühe gefunden werden, die bisher nicht aufgefallen sind. Die Selektionsintensität kann auch über die Vermehrungsrate gesteigert werden. Hier bieten Embryotransfer und wei-

tere Reproduktionstechniken Möglichkeiten den Zuchtfortschritt über die Selektionsintensität aber auch über das Generationsintervall zu steigern.

Vorselektion der Jungtiere

Durch die genomische Selektion können die zukünftigen Vererber bereits als Kalb selektiert werden. Wurden früher Teststiere aufgrund des durchschnittlichen Elternzuchtwertes (Pedigree-Index) und Eigenleistungsinformationen selektiert, so werden jetzt genetisch interessante Kälber genotypisiert und in erster Linie aufgrund des genomisch optimierten Zuchtwertes für den Besamungseinsatz ausgewählt. Diese Möglichkeit der Vorselektion bietet die Chance den Zuchtfortschritt pro Jahr zu steigern. **Tabelle 3** zeigt die Auswirkungen auf den monetären Zuchtfortschritt pro Jahr in der Zuchtstufe in Euro für drei ver-

schiedene Varianten eines genomischen Zuchtprogrammes (GS50, GS75 und GS100).

Tabelle 3: Monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr in Abhängigkeit von der Remontierung der Jungtiere aus Kandidaten (Rem JS) für drei Varianten eines genomischen Zuchtprogrammes (GS50, GS75, GS100)

	GS50	GS75	GS100
Rem JS (1:2,5)	89,7 (-10,3)	94,0 (-12,1)	99,3 (-14,3)
Rem JS (1:5)	95,5 (-4,5)	100,1 (-6,0)	107,5 (-6,1)
Rem JS (1:10)	100,0	106,1	113,6
Rem JS (1:15)	102,0 (+2,0)	108,4 (+2,3)	116,2 (+2,6)
Rem JS (1:20)	103,2 (+3,2)	109,8 (+3,7)	117,9 (+4,3)
GI (Jahre)	4,69	4,13	3,57

Die Vorselektion bzw. Remontierung der Jungtiere aus Kandidaten ist definiert als die Anzahl genotypisierter Kälber (=Kandidaten) pro selektiertem Jungstier (Rem JS). Die Ergebnisse zeigen, dass mit stärkerer Vorselektion der monetäre Zuchtfortschritt pro Jahr deutlich gesteigert werden kann. Aktuell wird bei Fleckvieh in Österreich aus 40 Kandidaten ein Jungstier selektiert. Hier werden jedoch auch Kriterien wie Erbfehler einbezogen, so dass nicht angenommen werden kann, dass

diese Selektionsintensität bezüglich Gesamtzuchtwert voll zum Tragen kommt.

Es wurden auch Berechnungen zur Anzahl der selektierten Jungtiere durchgeführt. Dabei wurde bei einem Anteil von 50% Jungstierbesamungen bei den Herdebuchkühen als auch bei den Stiermüttern die Anzahl der Jungtiere und der Jungstier-Stierväter variiert. Je weniger Jungstier-Stierväter selektiert werden, desto höher ist der monetäre Zuchtfortschritt. Aspekte wie Linienverengung oder Inzucht sind jedoch bei solchen Entscheidungen zu berücksichtigen.

3.4.2 Erbfehler und genetische Besonderheiten

Egger-Danner et al. (2015b) evaluierten verschiedene Zuchtstrategien gegen Erbfehler am Beispiel Fleckvieh AUSTRIA anhand des monetären Zuchtfortschritts pro Jahr. Zum Zeitpunkt der Studie waren acht Erbfehler bei Fleckvieh AUSTRIA publiziert. Die Allelfrequenzen schwankten zwischen 0,5 und 7% in der Kuhpopulation. Wenn alle männlichen Trägerstiere aus der Zucht eliminiert würden, sowohl im Besamungseinsatz bei den Herdebuchkühen als auch in der gezielten Paarung, wäre beim monetären Zuchtfortschritt pro Jahr ein Verlust von 7,1% zu erwarten (**Tabelle 4**). Wenn die Trägerstiere in der gezielten Paarung, aber nicht bei den Herdebuchkühen eingesetzt würden, so würde sich der monetäre Zuchtfortschritt pro Jahr um 4,8% reduzieren.

Tabelle 4. Einfluss der Strategie Merzung mit den Varianten V-10, V-30 und V-50 (d.h. 10%, 30% und 50% der Bullen in Kuhpopulation (HK+NHK) und gezielter Paarung (GP) als Erbfehlerträger gemerzt) auf monetären Zuchtfortschritt pro Jahr (monZF/J) in Prozent relativ zu Fleckvieh AUSTRIA 2012

	Fleckvieh AUSTRIA 2012	Keine Trägerbullen in Kuhpopulation (HK+NHK) und gezielter Paarung (KM)		
		V-10	V-30	V-50
monZF/J	100 (31,2 €)	99,0	96,5	92,9
Remontierung JB aus	60 aus 1200	66 aus 1200	85 aus 1200	120 aus 1200
Kandidaten	(1:20)	(1:18)	(1:14)	(1:10)

JB=Jungbullen, HK=Herdbuchkühe, NHK=Nicht-Herdbuchkühe, KM=Kandidatenmütter

Ähnliche Auswirkungen auf den Zuchtfortschritt wie bei den Erbfehlern gehen mit Selektionsmaßnahmen im Zusammenhang mit zB der Hornlosigkeit oder B-Kasein-Varianten (A2) einher.

3.4.3 Reproduktionstechnologien

Die Nutzung der Möglichkeit von Reproduktionstechnologien wurde am Beispiel Embryotransfer im Zusammenhang mit den Strategien zum Erbfehlermanagement bei Fleckvieh AUSTRIA beleuchtet. Es konnte gezeigt werden, dass durch verstärkten Embryotransfer der Verlust an Selektionsintensität durch die Merzung von Erbfehlerträgern teilweise kompensiert werden könnte (Egger-Danner et al., 2015a). Ein breiter Einsatz von Embryotransfer mit Reduktion des Generationsintervalls auf der weiblichen Seite lässt bis zu 20% Steigerung des Zuchtfortschrittes erwarten. Die Auswirkungen des Einsatzes von Reproduktionstechnologien auf den Zuchtfortschritt wurden gemeinsam mit Kollegen von der Universität in Aarhus und Viking Genetics detailliert analysiert. Einerseits wurden für Kuhpopulationen von 500.000 und 50.000 Kühen verschiedene Selektionsszenarien und Annahmen zum Erfolg der Reproduktionstechniken Embryotransfer und In-Vitro-Fertilisation. Die Ergebnisse sind in Thomassen et al. 2016 dargestellt. Grundsätzlich kann davon ausge-

gangen werden, dass mit einem verstärkten Einsatz von Reproduktionstechnologien ein deutlich höherer jährlicher Zuchtfortschritt zu erwarten ist, wobei aber mit einem konsequent gesteuerten Anpaarungsmanagement die Inzuchtentwicklung zu kontrollieren ist. Der Anteil der in Österreich geborenen genomisch geprüften Jungtiere aus Embryotransfer lag 2018 bei 26,5 %. Neben der höheren Selektionsintensität durch mehr Nachkommen ist die Verkürzung des Generationsintervalls ein wesentlicher Hebel zur Steigerung des Zuchtfortschrittes.

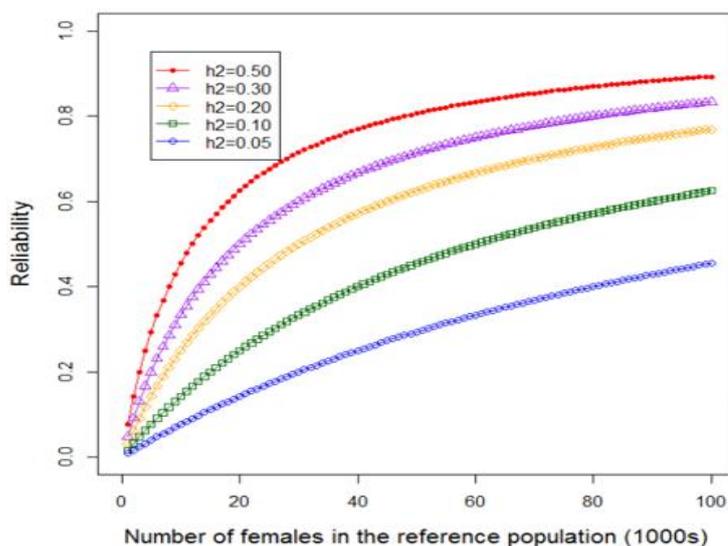
3.5 Optimierung Zuchtfortschritt für Gesundheit und andere neue Merkmale

Die Untersuchungen zu Auswirkungen auf Fitness und Gesundheit zeigen, dass die genomische Selektion generell eine leichte Stärkung der Fitness erwarten lässt, wenn weiterhin von allen Kühen Daten aus der Leistungsprüfung vorliegen. Durch die geringere Stieranzahl ist mit einer höheren Anzahl Nachkommen pro Jungtier und daher mit zuverlässigeren Zuchtwerten für Fitness- und Gesundheitsmerkmale zu rechnen.

Die Auswertungen von Egger-Danner et al., 2012a zeigen, dass die genomische Selektion das Potential hat, den Zuchtfortschritt pro Jahr auch für Fitness- und Gesundheitsmerkmale deutlich zu steigern, die Richtung jedoch

muss im Gesamtzuchtwert vorgegeben werden. Die Voraussetzung für Zucht auf Fitness und Gesundheit sind zuverlässige Daten aus der Leistungsprüfung für diese Merkmale. Es besteht die Herausforderung für Merkmale, deren Erfassung erst später begonnen hat und für die nur wenige Stiere mit zuverlässigen Zuchtwerten aus der Nachkommenprüfung vorliegen, zB Diagnosedaten von Tierärzten, Klauenbefunde oder andere neue Merkmale. Hier ist es wichtig, dass eine Kuhlernstichprobe aufgebaut wird, wodurch zuverlässige Phänotypen und Genotypen vorliegen (siehe Beitrag Schwarzenbacher et al. 2019). Da diese Merkmale meist niedrige Erblichkeiten aufweisen, ist es sehr wichtig, dass diese Daten von sehr vielen Betrieben und sehr vielen Kühen vorliegen (Egger-Danner et al. 2014). **Abbildung 4** zeigt die Anzahl an benötigten Leistungsinformationen von Kühen und die zu erwartende Zuverlässigkeit der Zuchtwerte. Je höher die Zuverlässigkeit der Zuchtwerte, desto höher ist auch der zu erwartende Zuchtfortschritt für diese Merkmale.

Abbildung 4: Erwartete Zuverlässigkeit der Zuchtwerte nach Größe der Kuhlernstichprobe von 0 bis 100.000 Kühen (Gonzales-Recio et al., 2014)



4. Zusammenfassung

Genomische Zuchtprogramme haben das Potential den Zuchtfortschritt massiv zu steigern. Für das genomische Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA waren lt. Analysen im Rahmen des Projektes OptiGene um ca. 40% höhere Zuchtfortschritte beim Gesamtzucht als auch positive Entwicklungen für alle anderen Merkmalsbereiche zu erwarten. Wie im Beitrag von Fürst et al. 2019 zu erkennen ist, wurden die Erwartungen weitgehend erfüllt. Es ist angebracht, aufbauend auf den Ergebnissen der aktuellen Evaluierung die 2012 festgelegten genomischen Zuchtprogramme zu überarbeiten und ggf. weiter zu optimieren. Potential besteht im Anteil der Besamungen mit Jungstieren in allen Pfaden. Diese Maßnahme kann eine weitere Verkürzung des Generationsintervalls bewirken. Der Einsatz von Reproduktionstechniken ist genauer zu evaluieren. Bei einem aktuellen Anteil von 26,5% der Jungstiere aus Embryotransfer scheint Potential nach oben. Die breite Genotypisierung von weiblichen Jungrindern bietet die Chance, dass auf der weiblichen Seite sowohl die Selektionsintensität erhöht als auch das Generationsintervall reduziert werden kann. Bedacht ist auf Strategien im Umgang mit Erbfehlern, Hornlosigkeit oder genetischen Varianten wie A2 zu nehmen. Die damit einhergehende Reduktion der Selektionsintensität geht mit einem Verlust an Zuchtfortschritt für die Gesamtpopulation einher. Um mit dem Zuchtprogramm auch neue Merkmale erfolgreich verbessern zu können, ist es unabdingbar in ausreichend zuverlässige Phänotypen und Genotypen für diese Bereiche zu investieren. Das Zuchtziel gibt die Richtung vor. Zu erwartende höhere Zuchtfortschritte generell bieten das Potential, dass Gewichtungen im Gesamtzuchtwert zu Gunsten der Gesundheit verschoben werden und dadurch

der Zuchtfortschritt für neue Merkmale gestärkt wird. Um möglichst viel Zuchtfortschritt zu erreichen, sind die einzelnen Schritte im gesamten Zuchtablauf und im Zuchtprogramm optimal aufeinander abzustimmen und umzusetzen. Jedes Zuchtprogramm ist nur so gut wie die Umsetzung in die Praxis.

Literaturverzeichnis

- Egger-Danner C, C Fuerst, B Fuerst-Waltl, C Pfeiffer, H Schwarzenbacher, F Steininger, A Willam. 2015a. Endbericht zum Projekt Optimierung der langfristigen züchterischen Entwicklung der österreichischen Rinderrassen unter besonderer Berücksichtigung der Gesundheit und der genomischen Selektion. <https://www.dafne.at/>.
- Egger-Danner, C, H Schwarzenbacher, C Fuerst, A Willam. 2015b. Management von Erbfehlern im Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTIRA: Ergebnisse von Modellrechnungen. *Züchtungskunde*, 87, (3) S. 201-214, 2015, ISSN 0044-5401 © Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.
- Egger-Danner C, H Schwarzenbacher und A Willam. 2014. Short communication:
Genotyping of cows to speed up availability of GEBV for direct health traits in Austrian Fleckvieh (Simmental) cattle – genetic and economic aspects. *Journal of Dairy Science* 97, 4552-4556.
- Egger-Danner C, A Willam, C Fuerst, H Schwarzenbacher und B Fuerst-Waltl. 2012a. Effect of breeding strategies using genomic information on fitness and health. *J. Dairy Sci.* 95:4600–4609.
- Egger-Danner C und A Willam. 2012b. Neues genomisches Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2012. Was wird anders, was bringt es? *Fleckvieh Austria - Das österreichische Magazin für Fleckviehzucht*, 6/2012, 6-10.
- Fürst C, H Schwarzenbacher und R Emmerling. 2019. Status quo und Analyse der genomischen Zuchtprogramme in Österreich und Deutschland. Seminar des Ausschusses für Genetik, Salzburg, 14.3.2019.
- Gonzalez-Recio O, MP Coffey, JE Pryce. 2014. On the value of phenotypes in the genomic era. *J. Dairy Sci.* 97:7905-15.
- Schaeffer LR. 2006. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 123(4):218-23. DOI: 10.1111/j.1439-0388.2006.00595.x
- Schwarzenbacher H., C. Edel. 2019. Genomische Zuchtwertschätzung und Kuhlernstichprobe. Seminar des Ausschusses für Genetik, Salzburg, 14.3.2019
- Thomasen JR, A Willam, C Egger-Danner, AC Sørensen. 2016. Reproductive technologies combine well with genomic selection in dairy breeding programs. *J. Dairy Sci.* 99:1331–1340 <http://dx.doi.org/10.3168/jds.2015-9437>.
- Willam A, G Nitter, K Bartenschlager, K Karras, E Niebel und HU Graser. 2008. ZPLAN - Manual for a PC-Program to Optimize Livestock Selection Schemes. Manual Version 2008 for Source Code "z10.for". Institut für Nutztierwissenschaften, Department für Nachhaltige Agrarsysteme, Universität für Bodenkultur Wien
- ZuchtData. 2019. ZuchtData-Jahresbericht 2018. <https://www.zar.at/Downloads/Jahresberichte/ZuchtData-Jahresberichte.html>; abgerufen am 2.3.2019.

Status quo und Analyse der genomischen Zuchtprogramme in Österreich und Deutschland

Christian Fürst¹, Hermann Schwarzenbacher¹ und Reiner Emmerling²

¹ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, Wien

²Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Tierzucht

1. Einleitung

Die Einführung der genomischen Zuchtwertschätzung (gZWS) im Jahr 2010 bei der Rasse Holstein und 2011 bei den Rassen Fleckvieh und Braunvieh in Österreich und Deutschland brachte gravierende Änderungen bei den Zuchtprogrammen mit sich. Die EU-Verordnung 2016/1012 definiert eine Mindestsicherheit von 50% beim Milchwert um Samenportionen eines Besamungstieres von Milch- und Doppelnutzungsrasen über den Prüfeinsatz hinaus vermarkten zu dürfen. Diese Mindestsicherheit wird bei genomischen Zuchtwerten (gZW) in der Regel deutlich überschritten, womit einem breiten Einsatz von Jungtieren in der Besamung nichts im Wege steht. In wissenschaftlichen Publikationen (z.B. Meuwissen et al., 2001; Schaeffer, 2006) wurde durch die genomische Selektion eine Verdoppelung des Zuchtfortschritts pro Jahr in Aussicht gestellt.

In diesem Beitrag sollen einerseits die Änderungen bzw. der aktuelle Stand der Zuchtprogramme in Österreich und Deutschland und andererseits die Aussagekraft und Haltbarkeit der genomischen Zuchtwerte dargestellt werden. Die Auswertungen konzentrieren sich dabei überwiegend auf die Rasse Fleckvieh, bei Braunvieh und Holstein sind die Populationen in Österreich häufig zu klein für aussagekräftige Analysen.

2. Entwicklung und aktueller Stand

2.1 Phänotypische Entwicklung in Österreich

Die phänotypische Entwicklung bei einigen ausgewählten Merkmalen in den letzten 10 Jahren in Österreich ist für die Rassen Fleckvieh, Braunvieh und Holstein in **Tabelle 1** dargestellt. Diese Entwicklungen beruhen sehr stark auf Verbesserungen im Umweltbereich, also in Management, Fütterung und Haltung, aber auch auf genetischen Veränderungen. Generell kann die phänotypische Entwicklung als sehr positiv eingeschätzt werden. Bei sehr deutlichen Milchleistungssteigerungen konnte das Niveau im Fleischbereich zumindest gehalten und einige wichtige Fitnesskriterien sogar merklich verbessert werden. Die genomische Selektion spielt hier allerdings erst in den letzten Jahren eine gewisse Rolle.

Tabelle 1: Phänotypische Entwicklung einiger ausgewählter Merkmale von 2008 bis 2018 (ZuchtData, 2008, 2018).

Merkmal	Fleckvieh		Braunvieh		Holstein	
	2008	2018	2008	2018	2008	2018
Milch-kg	6702	7661	6817	7461	8211	8945
Fett-%	4,17	4,13	4,14	4,13	4,13	4,03
Eiweiß-%	3,43	3,43	3,41	3,50	3,25	3,31
Nettozun. (g)	686	715	585	602	564	572
Handelskl. ¹	3,6	3,6	2,5	2,6	1,7	1,9
Nutzungsd.	3,75	3,86	3,86	3,78	3,48	3,38
Lebenslsg	24986	29825	26413	28431	29197	31226
Zw.kalbez.	392	388	415	416	413	411
Zellzahl ²	200	182	247	201	284	231

¹Handelsklasse: E=5, ..., P=1, Daten von Schlachtstieren

²Zellzahl in 1000

2.2 Genomische Zuchtprogramme in Österreich

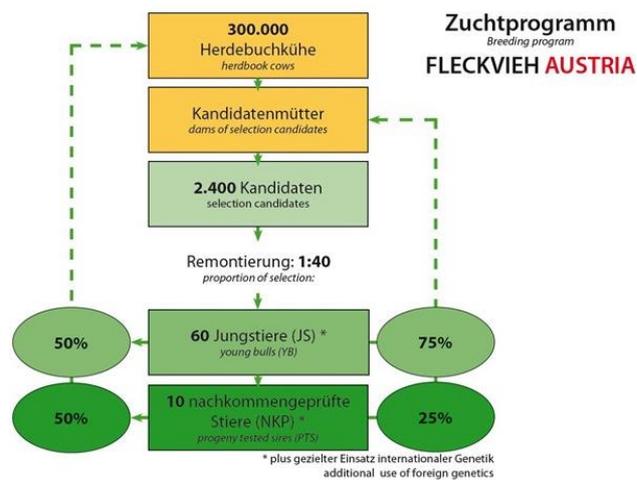


Abbildung 1: Genomisches Zuchtprogramm Fleckvieh Austria.

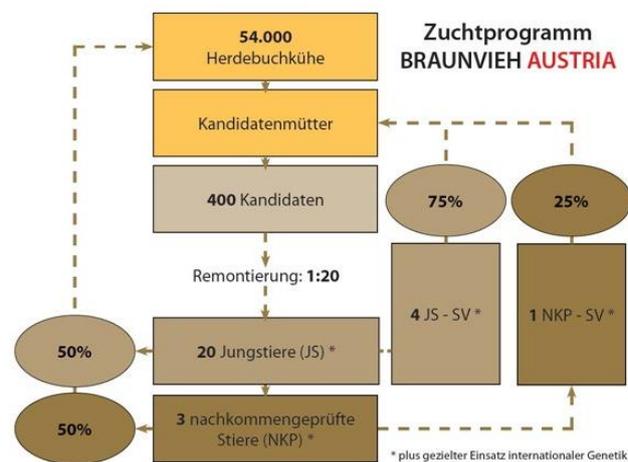


Abbildung 2: Genomisches Zuchtprogramm Braunvieh Austria.

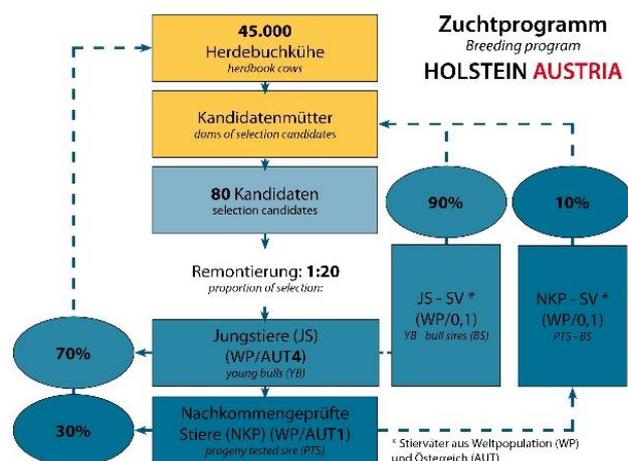


Abbildung 3: Genomisches Zuchtprogramm Holstein Austria.

Basierend auf Arbeiten von Egger-Danner und Willam (2012) wurden die Zuchtprogramme von den jeweiligen Rassen-Arbeitsgemeinschaften in Österreich im Jahr 2012 an die geänderten Möglichkeiten durch die genomische Selektion angepasst.

In den **Abbildungen 1 bis 3** sind die genomischen Zuchtprogramme für Fleckvieh, Braunvieh und Holstein in Österreich dargestellt. In den Fleckvieh- und Braunvieh-Zuchtprogrammen sollen die besten weiblichen Tiere (Kandidatenmütter) in der gezielten Paarung zu 75% mit einem genomischen Jungvererber (GJV) belegt werden, bei der Rasse Holstein werden 90% angestrebt. Die daraus geborenen männlichen Kälber werden genotypisiert und daraus in einem Verhältnis von etwa 1 : 40 beim Fleckvieh bzw. 1 : 20 bei Braunvieh und Holstein die besten Jungstiere selektiert. Diese sollen dann bei Fleckvieh und Braunvieh an die Hälfte bzw. bei Holstein an 70% der Herdebuchkühe in der Besamung eingesetzt werden.

2.3 Genotypisierungen

Basis jeder gZWS bzw. jedes genomischen Zuchtprogramms sind Genotypen (SNP-Daten) möglichst vieler untersuchter Tiere. Wie aus **Abbildung 4** zu sehen ist, hat sich die Anzahl an Genotypisierungen in Österreich und Deutschland seit Beginn der gZWS kontinuierlich gesteigert. Wurden im Jahr 2010 ca. 2.000 männliche Tiere genotypisiert, waren es im Jahr 2018 bereits 17.000. Beim Fleckvieh ist die Anzahl untersuchter männlicher Tiere stetig gestiegen, beim Braunvieh hat sich diese Zahl in den letzten Jahren bei rund 2.000 eingependelt. Die Anzahl genotypisierter weiblicher Tiere ist hingegen bei beiden Rassen speziell im Jahr 2018 vor allem aufgrund diverser Kuh-/Herdengenotypisierungsprojekte (Braunvieh-Vision, FoKUHs, usw.) deutlich gestiegen (Schwarzenbacher und Edel,

2019). Bei diesen Projekten geht es darum, die bisherigen Stierlernstichproben mit Kühen zu erweitern bzw. reine Kuhlernstichproben aufzubauen, um die Sicherheit der gZWS zu steigern bzw. für neue Merkmale (z.B. Gesundheit) überhaupt zu ermöglichen. Außerdem sollen die gZWe die innerbetriebliche Selektion und damit den Zuchtfortschritt verbessern.

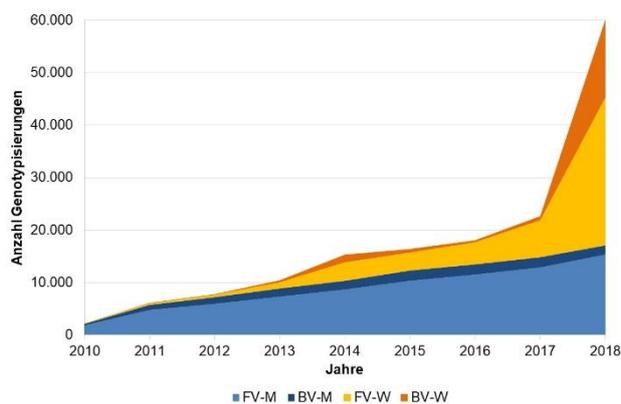


Abbildung 4: Anzahl Genotypisierungen bei männlichen (M) und weiblichen (W) Tieren nach Untersuchungs-jahr für Fleckvieh (FV) und Braunvieh (BV, Ö+D).

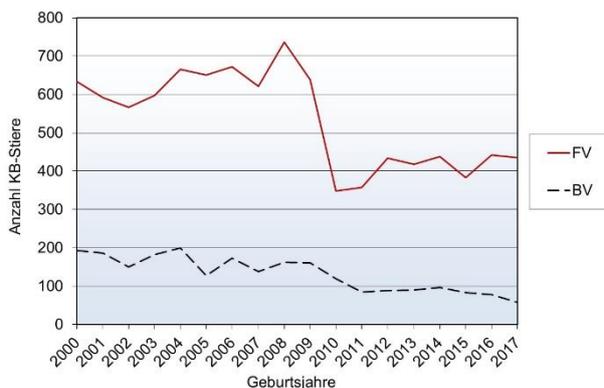


Abbildung 5: Angekaufte KB-Stiere bei Fleckvieh (FV) und Braunvieh (BV) in Ö+D.

Insgesamt liegen für die Rassen Fleckvieh und Braunvieh (Stand März 2019) fast 200.000 Genotypen mit ca. 11 Milliarden SNPs vor. Die Kalibrierung (Lernstichprobe) umfasste im Dezember 2018 für die Milchmerkmale beim Fleckvieh 10.562 Stiere und beim Braunvieh 5.037.

So eindrucksvoll die Zahlen in der gemeinsamen ZWS Deutschland-Österreich-Tschechien auch sein mögen, so niedrig sind sie im internationalen Vergleich. In den USA liegen über alle Rinderrassen hinweg bereits über 3 Millionen Genotypen vor; bei Holstein sind es insgesamt 2,6 Millionen, davon immerhin 2,3 Millionen von Kühen (CDCB, 2019).

2.4 Einsatz genomischer Jungvererber

Da die Sicherheiten der genomischen Zuchtwerte in den Milchmerkmalen normalerweise deutlich über die rechtlich für den breiten Einsatz erforderlichen 50% hinausgehen, können Jungtiere (GJV) über den früheren Prüfeinsatz hinaus eingesetzt werden. Dadurch konnte die Anzahl der angekauften Stiere deutlich reduziert werden – der Ankaufspreis ist aber im Gegenzug deutlich gestiegen.

In **Abbildung 5** ist die Anzahl der angekauften Besamungsstiere in Österreich und Deutschland dargestellt. Beim Fleckvieh hat sich seit der Einführung der gZWS die Anzahl von ca. 650 auf 420, beim Braunvieh von 150 auf etwa 80 pro Jahr reduziert. In Österreich ist der Rückgang beim Fleckvieh von ca. 120 auf 70 bzw. beim Braunvieh von 25 auf 10 angekaufte Stiere pro Jahr. Somit liegt die Anzahl gekaufter Jungtiere beim Fleckvieh aktuell etwas über und beim Braunvieh unter den im Zuchtprogramm vorgesehenen Zahlen (siehe **Abbildung 1** und **2**).

Aus den Zahlen in den **Abbildungen 4** und **5** lässt sich die inzwischen sehr hohe Selektionsintensität bei den KB-Stieren erkennen. Beim Fleckvieh kann man von einem Verhältnis von angekauft zu untersucht von ca. 1 : 10 zu Beginn der gZWS bzw. aktuell ca. 1 : 30 in der Gesamtpopulation Österreich und Deutschland ausgehen. In Österreich liegt das Verhältnis bereits über 1 : 40. Dieser Wert geht in

einzelnen Zuchtgebieten auch deutlich darüber hinaus. Beim Braunvieh hat sich dieser Wert bei ca. 1 : 25 stabilisiert. Die Remontierung entspricht daher etwa den angestrebten Werten (**Abbildung 1** und **2**).

Einer der entscheidenden Vorteile der gZWS ist die Verkürzung des Generationsintervalls. In **Abbildung 6** ist das durchschnittliche Alter der Eltern bei der Geburt der österreichischen KB-Stiere zu finden. Bei beiden Rassen hat sich das Durchschnittsalter weitgehend halbiert, beim Fleckvieh von 6 auf knapp über 3, beim Braunvieh von 7 auf knapp unter 4 Jahre. Beim Fleckvieh gibt es einige Stiere, wo dieser Wert bei 2 Jahren liegt, also aus einem ET von Jungrindern mit einem GJV.

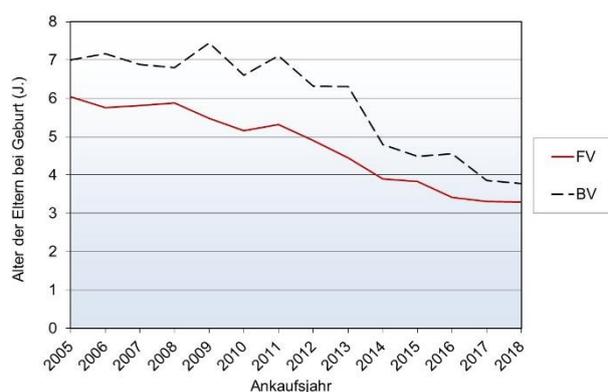


Abbildung 6: Alter der Eltern bei Geburt der KB-Stiere bei Fleckvieh (FV) und Braunvieh (BV) in Ö.

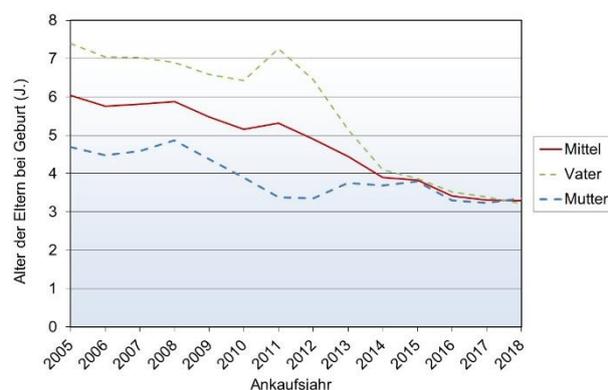


Abbildung 7: Alter der Eltern bei Geburt der KB-Stiere getrennt nach Vater und Mutter beim Fleckvieh (nur Ö).

In **Abbildung 7** ist am Beispiel des Fleckviehs zu sehen, dass die Verkürzung des Generationsintervalls ganz besonders von der Vaterseite herrührt und zu einem geringeren Anteil von der Mutterseite.

Im Jahr 2018 haben bei 14,1% der angekauften Stiere zum Zeitpunkt ihrer Geburt die genetischen Mütter noch nicht abgekalbt, das heißt, sie stammten aus einer Spülung bei einem Jungrind. Im Jahr 2017 lag dieser Prozentsatz sogar bei 25,3%, vor Einführung der gZWS unter 5%. Es ist zu erwarten, dass dieser Anteil in Zukunft noch weiter steigen wird.

In den österreichischen Zuchtprogrammen Fleckvieh Austria und Braunvieh Austria ist ein Besamungsanteil von 50%, bei Holstein Austria von 70% mit GJV in der Population vorgesehen (**Abbildung 1-3**). In den **Abbildungen 8** (Fleckvieh), **9** (Braunvieh) und **10** (Holstein) ist die Entwicklung des GJV-Besamungsanteils seit Beginn der gZWS in den Ländern Österreich, Bayern und Baden-Württemberg zu sehen. In der Auswertung wurden nur Besamungen (KB) von Fleckvieh-Stieren auf Fleckvieh-Kühe, Braunvieh auf Braunvieh bzw. Holstein auf Holstein berücksichtigt. Das heißt, Natursprungbelegungen oder Besamungen mit anderen Rassen (z.B. Gebrauchskreuzungen) wurden hier nicht berücksichtigt. Vor Einführung der gZWS lag der Prüfanteil überwiegend bei ca. 20-30%. Mit der Einführung der gZWS im August 2011 beim Fleckvieh bzw. Dezember 2011 beim Braunvieh ist der GJV-Anteil in allen Populationen mehr oder weniger rasch gestiegen. Der GJV-Anteil liegt sowohl bei Fleckvieh als auch Braunvieh in Baden-Württemberg deutlich am höchsten und aktuell bei ca. 75% beim Fleckvieh und fast 90% beim Braunvieh. In Bayern ist der Anteil am niedrigsten. In Österreich beträgt der GJV-Anteil derzeit ca. 55% beim Fleckvieh

und 65% bei Braunvieh und Holstein. In einzelnen Regionen werden durch einen sehr geringen GJV-Anteil die Möglichkeiten der gZWS bei weitem nicht ausgenutzt. Aus fachlicher Sicht ist ein wesentlich höherer GJV-Anteil anzustreben (Egger-Danner und Willam, 2019). In manchen Populationen weltweit liegt der GJV-Anteil sogar über 90% (z.B. Stalhammar, 2018).

Ein positiver Nebeneffekt der Verfügbarkeit von Genomdaten ist die deutlich erleichterte Vermeidung von Erbfehler-Risikopaarungen durch die Untersuchung von zahlreichen Erbfehlern und genetischen Besonderheiten. Die

genetische Besonderheit der Hornlosigkeit nimmt dabei eine besondere Stellung ein. In **Abbildung 11** ist die Entwicklung der Besamungen mit Hornlosstieren (hetero- und homozygot) beim Fleckvieh dargestellt. Aktuell liegt der Anteil an Hornlosbesamungen in den Ländern zwischen 15 und 25%. Wenn man bedenkt, dass mehr als 80% der Hornlosbesamungen mit einem GJV gemacht werden, wird klar, dass der Anteil Besamungen mit behornnten GJV z.B. in Bayern nur bei etwa 30% liegt. Das bedeutet, dass der GJV-Anstieg in manchen Gebieten fast ausschließlich vom Hornlossegment kommt.

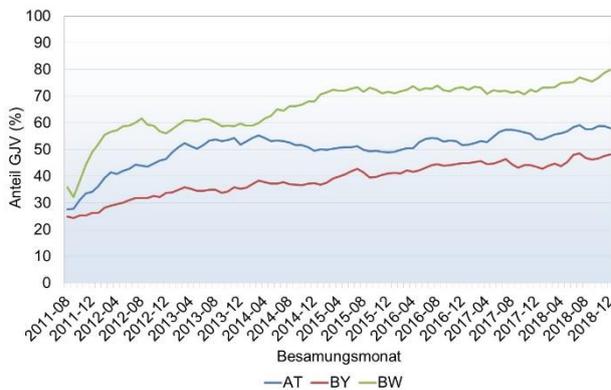


Abbildung 8: Anteil Besamungen mit genomischen Jungvererbern (GJV) beim Fleckvieh (AT=Österreich, BY=Bayern, BW=Baden-Württemberg).

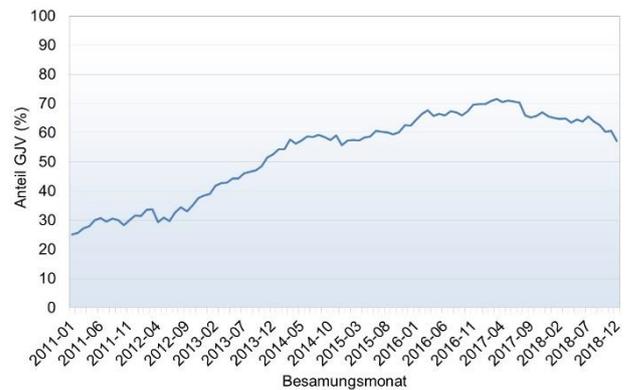


Abbildung 10: Anteil Besamungen mit genomischen Jungvererbern (GJV) bei Holstein (Ö).



Abbildung 9: Anteil Besamungen mit genomischen Jungvererbern (GJV) beim Braunvieh (AT=Österreich, BY=Bayern, BW=Baden-Württemberg).

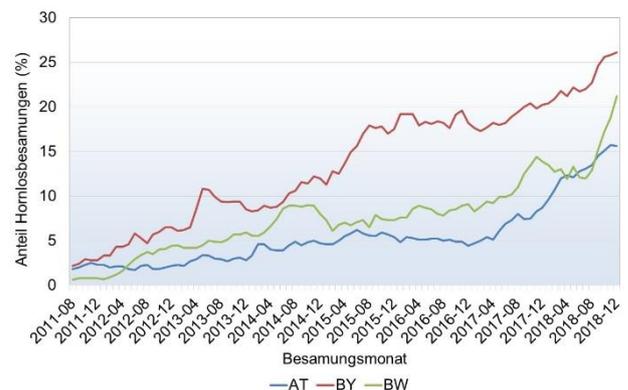


Abbildung 11: Anteil Besamungen mit Hornlosstieren (hetero- und homozygot) beim Fleckvieh (AT=Österreich, BY=Bayern, BW=Baden-Württemberg).

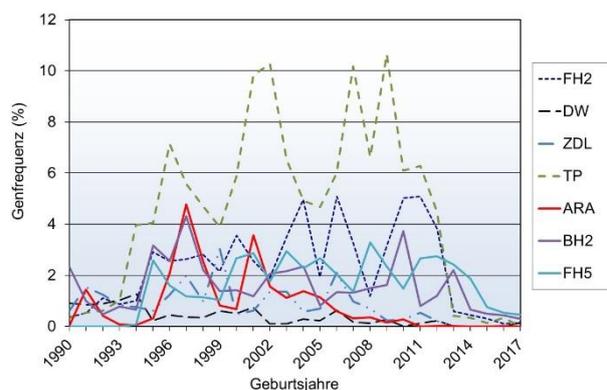


Abbildung 12: Genfrequenz der KB-Stiere für die wichtigsten Erbfehler beim Fleckvieh (FH2=Minderwuchs, DW=Zwergwuchs, ZDL=Zinkdefizienz-like Syndrom, TP=Thrombopathie, ARA=Spinnengliedrigkeit, BH2=Braunvieh-Haplotyp 2, FH5=Fleckvieh-Haplotyp 5).

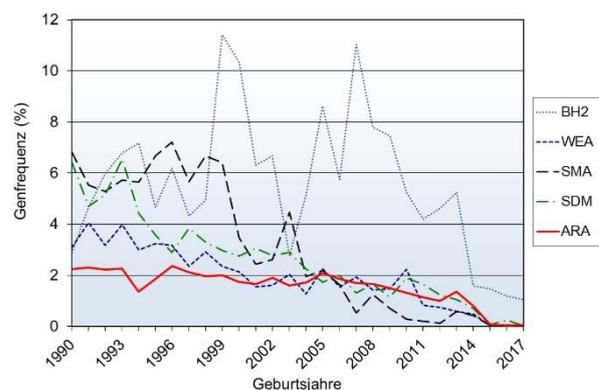


Abbildung 13: Genfrequenz der KB-Stiere für die wichtigsten Erbfehler beim Braunvieh (BH2=Braunvieh-Haplotyp 2, WEA=Weaver, SMA=Spinale Muskelatrophie, SDM=Spinale Dysmyelinisierung, ARA=Spinnengliedrigkeit).

So positiv die Verfügbarkeit von Gentestergebnissen für zahlreiche Erbfehler zur Vermeidung von Risikopaarungen ist, so problematisch kann sie für den Zuchtfortschritt sein. In den **Abbildungen 12** und **13** sind die durchschnittlichen Genfrequenzen für die wichtigsten Erbfehler bei den Fleckvieh- und Braunvieh-Besamungsstieren dargestellt. Daraus lässt sich sehr gut erkennen, dass, bis auf einzelne Ausnahmen, in den letzten Jahren keine Träger von bekannten Erbfehlern für den Besamungseinsatz angekauft wurden. Das muss zwangsläufig zu einer Verringerung des Zuchtfortschritts führen. Bei einer besseren Abdeckung der Population mit Anpaarungsprogrammen (z.B. OptiBull), in denen Risikopaarungen ausgeschlossen werden, könnten auch Erbfehlerträger sinnvoll eingesetzt werden.

Einzelne Ambitionen zur Forcierung der A2-Beta-Kasein-Genotypen werden den möglichen Zuchtfortschritt zusätzlich bremsen, trotz bisher nur spärlicher wissenschaftlicher Belege, was die Auswirkungen auf die menschliche Gesundheit anbelangt.

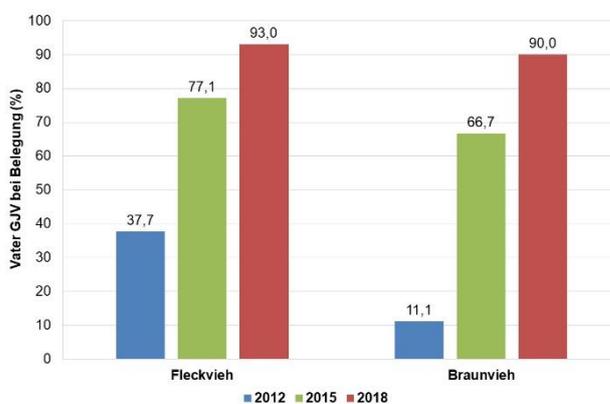


Abbildung 14: Anteil der in den Jahren 2012, 2015 und 2018 angekauften KB-Stiere, bei denen der Vater zum Zeitpunkt der Belegung noch ein GJV war (Ö).

In der gezielten Paarung (Teststierväter auf Stier- bzw. Kandidatenmütter) sind bei Fleckvieh und Braunvieh in Österreich 75% aller Besamungen mit einem GJV vorgesehen (siehe **Abbildung 1** und **2**). Hierbei werden nicht in allen Verbänden gezielt Stiermütter ausgewählt und angepaart, sodass eine diesbezügliche Auswertung nicht aussagekräftig wäre. Bei einer Analyse der angekauften KB-Stiere zeigt sich allerdings, dass im Jahr 2018 bei über 90% aller angekauften KB-Stiere der Vater zum Zeitpunkt der Belegung noch ein GJV war (**Abbildung 14**). Der Anteil ist seit Beginn sehr stark gestiegen und dürfte auch noch etwas zulegen. Das bedeutet, dass aktuell fast

ausschließlich Stiere mit einem GJV als Vater angekauft werden, da diese in der Regel genetisch überlegen sind. Ein Ankauf von Söhnen von NK-Stieren macht nur mehr im Ausnahmefall Sinn, wenn dieser als GJV ‚übersehen‘ wurde oder im ZW stark gestiegen ist.

Ein Problem beim Einsatz der GJV ist die sehr ungleiche Verteilung. Einzelne, meist sehr teuer angekaufte Top-GJV werden übermäßig stark eingesetzt und erhöhen das Risiko für das genomische Zuchtprogramm durch mögliche Abstürze deutlich. In **Tabelle 2** sind die Stiere mit den meisten Besamungen als GJV in der ZWS-Population beim Fleckvieh (Ö+D+CZ+IT) zu finden. Mit immerhin 10 Stieren, davon 3 hornlosen, wurden mehr als 50.000 Besamungen durchgeführt bevor sie Nachkommen-geprüft (NK) waren.

Tabelle 2: Fleckvieh-Stiere mit den meisten Besamungen als GJV in Ö+D+CZ+IT (Stand ZWS Apr. 19).

Name	Gebj.	KB als GJV
MAHANGO Pp*	2013	100.447
HERZSCHLAG	2014	83.290
EVERGREEN	2013	82.900
HARIBO	2013	81.185
INCREDIBLE PP*	2013	70.802
MINT	2012	65.636
MONUMENTAL	2014	56.926
SENSATION PP*	2013	52.047
HUBRAUM	2013	51.402
EVEREST	2010	50.528

2.5 Genetische Trends

Das durchschnittliche genetische Niveau der KB-Stiere im Gesamtzuchtwert (GZW) ist in den **Abbildungen 15** (Fleckvieh) und **16** (Braunvieh) zu sehen. Der GZW steigt stark an, wird aber speziell beim Fleckvieh durch den hohen Anteil der genetisch hornlosen Stiere von 15-20% und deren überwiegend etwas niedrigerem Niveau leicht gebremst. Die hornlosen Stiere haben zwar durch die

Selektionsmöglichkeiten der gZWS stark aufgeholt, liegen aber vor allem bei Milch, Melkbarkeit und Euter im Schnitt noch etwas unter den behornten Stieren.

Beim Braunvieh spielte die Hornlosigkeit lange keine Rolle, erst seit der Einführung der gZWS werden 4-10 hornlose Stiere pro Jahr in Deutschland und Österreich angekauft.

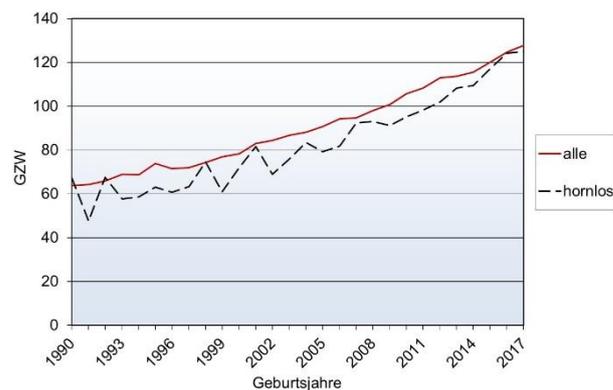


Abbildung 15: Durchschnittl. GZW der Fleckvieh-KB-Stiere in Ö und D (ZWS Dez. 18).

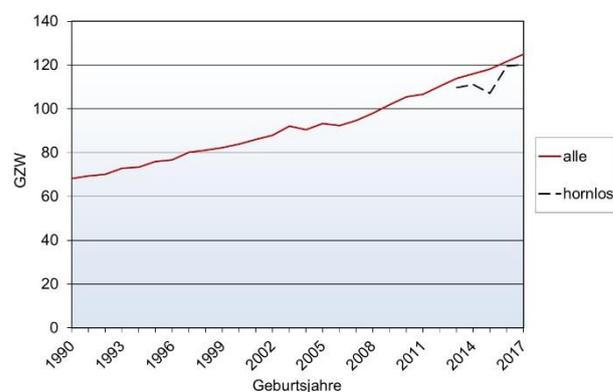


Abbildung 16: Durchschnittl. GZW der Braunvieh-KB-Stiere in Ö und D (ZWS Dez. 18).

In den **Abbildungen 17** und **18** ist die Entwicklung des durchschnittlichen Besamungsniveaus hinsichtlich GZW beim Fleckvieh und Braunvieh in Österreich dargestellt. Es ist ein sehr deutlicher Anstieg des Besamungsniveaus festzustellen und auch, dass die GJV mehr oder weniger deutlich über den NK-Stieren liegen. Diese Überlegenheit würde ohne Hornlos-Stiere noch deutlicher ausfallen.

Ein hohes genetisches Niveau der Besamungsstiere ist Grundvoraussetzung für eine positive genetische Entwicklung der Population. Letztlich entscheidend ist die züchterische Entwicklung der Kuhpopulation, also der genetische Trend bei den Kühen. In den **Abbildungen 19** (Fleckvieh) und **20** (Braunvieh)

sind die Trends für den Gesamtzuchtwert (GZW), Milchwert (MW), Fleischwert (FW) und Fitnesswert (FIT) dargestellt. Bei beiden Rassen ist die Entwicklung in GZW und MW sehr deutlich positiv, im Fleisch stabil und in der Fitness seit einigen Jahren ebenfalls deutlich positiv.

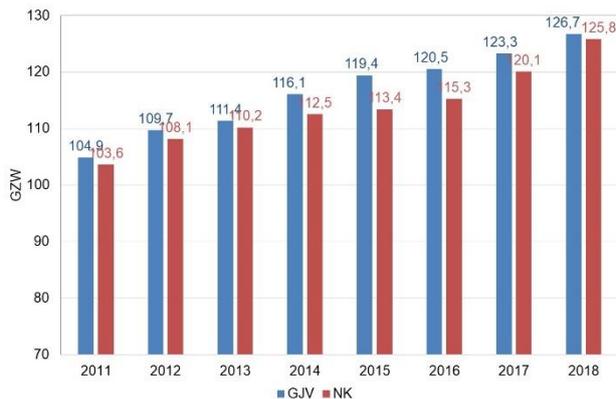


Abbildung 17: Entwicklung des GZW-Besamungsniveaus für GJV und NK-Stiere beim Fleckvieh in Ö (ZWS Dez. 18).

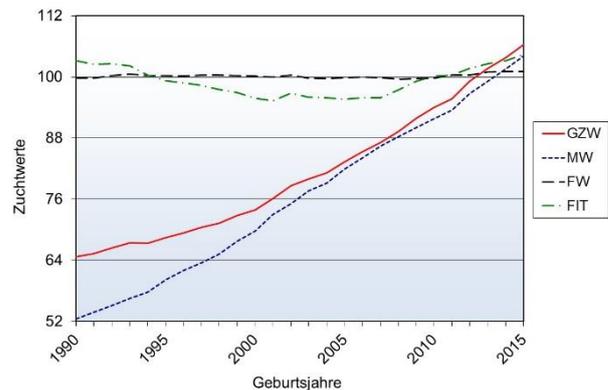


Abbildung 19: Genetische Trends bei Fleckviehkühen in Ö.

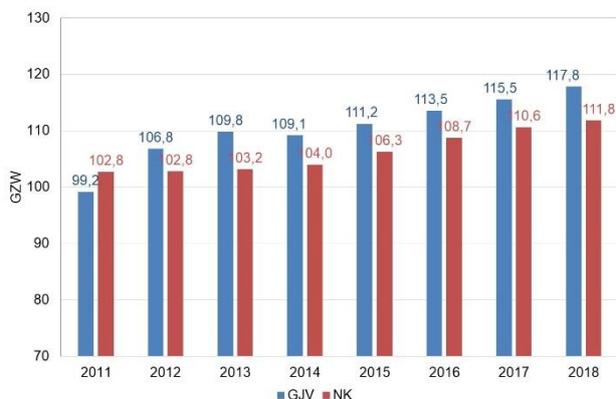


Abbildung 18: Entwicklung des GZW-Besamungsniveaus für GJV und NK-Stiere beim Braunvieh in Ö (ZWS Dez. 18).

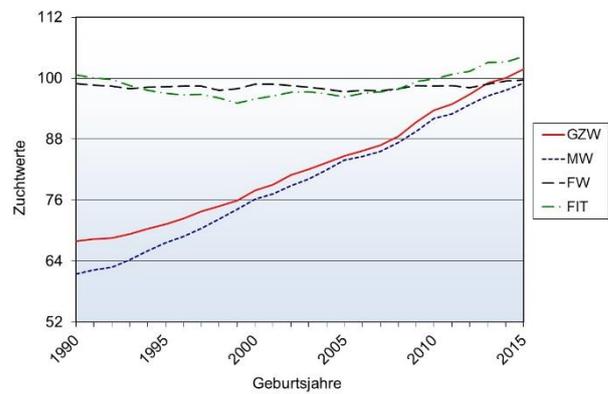


Abbildung 20: Genetische Trends bei Braunviehkühen in Ö.

In **Tabelle 3** sieht man am Beispiel Fleckvieh, dass die GZW-Entwicklung in den aktuellsten Geburtsjahrgängen deutlicher positiver ist als in den Jahren und Jahrzehnten davor. Die Steigerung entspricht dabei annähernd dem in Modellrechnungen geschätzten 30-40% höheren Zuchtfortschritt, allerdings unter der Annahme einer exakten Umsetzung des Zuchtprogramms (Egger-Danner und Willam,

2012; 2019). Es ist jedoch zu bedenken, dass der Betrachtungszeitraum für eine aussagekräftige Beurteilung der Auswirkungen der genomischen Selektion noch zu kurz ist. Mit gezielten Anpaarungen mit GJV wurde erst 2011 begonnen, die daraus resultierenden Kälber wurden also erst ab 2012 geboren. Die aus diesen Kälbern angekauften Stiere wurden ab etwa 2013 in der KB eingesetzt, sodass der Geburtsjahrgang 2014 der erste Jahrgang

mit einem größeren Anteil von Töchtern genomischer Jungvererber ist. Es ist daher zu erwarten, dass trotz nicht optimaler Umsetzung der genomischen Selektion in der Praxis (ungleicher Einsatz der GJV, Erbfehler, Hornlosigkeit, zu niedriger GJV-Anteil, ...) in den kommenden Jahren noch stärker positive Effekte zu sehen sein werden.

Tabelle 3: Genetischer Trend der Fleckvieh-Kühe pro Jahr in Ö von 2000 bis 2010 bzw. 2010 bis 2015.

von-bis	GZW	MW	FW	FIT
2000-2010	+2,0	+2,2	+0,0	+0,4
2010-2015	+2,5	+2,5	+0,3	+0,8

Eine strengere Selektion ist häufig auch mit einem Anstieg der Inzucht verbunden. In **Abbildung 21** ist die Entwicklung des Inzuchtkoeffizienten bei den weiblichen Tieren in Österreich dargestellt. Daraus kann man erkennen, dass sich die Inzucht-Entwicklung durch die genomische Selektion nicht verschlechtert hat. Die gZWS bietet auch die Chance einzelne Top-Stiere aus bisher weniger erfolgreichen Linien zu selektieren und so auch die genetische Vielfalt ohne Verlust von Zuchtfortschritt zu erhalten.

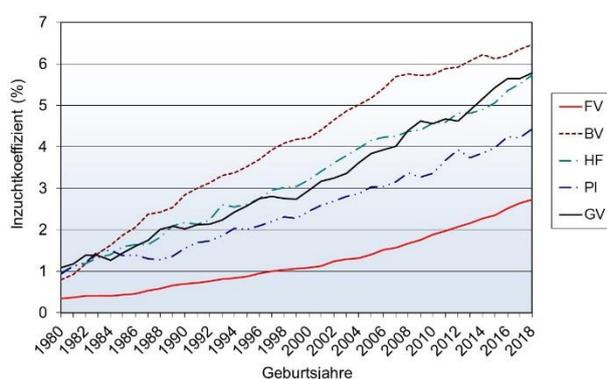


Abbildung 21: Entwicklung des Inzuchtkoeffizienten bei den weiblichen Tieren in Ö.

3. Wie aussagekräftig sind die genomischen Zuchtwerte?

Die Aussagekraft der gZWe wird im Folgenden auf drei Arten untersucht: a) wie gut halten die Zuchtwerte von GJV sobald Töchterleistungen vorliegen, b) wie passen die Leistungen der Töchter mit den genomischen Vater-Zuchtwerten zusammen und c) wie passen die gZWe von weiblichen Jungrindern mit ihren späteren Leistungen als Kuh zusammen?

Die Darstellungen beschränken sich aufgrund der aussagekräftigen Datenmenge fast ausschließlich auf das Fleckvieh, können aber auch auf das Braunvieh umgelegt werden, da die gleichen ZWS-Systeme verwendet werden.

3.1 Stiere: Zuchtwertstabilität

Für die Analyse der Stier-ZWe wurden alle 790 AT- und DE-Fleckvieh-Stiere, die im April 2016 (erste ZWS nach GZW-Umstellung) noch ein GJV und bei der ZWS im Dezember 2018 bereits ein Nachkommen-geprüfter Stier waren, verwendet. Als offiziell Nachkommen-geprüft (NK) gilt ein Stier dann, wenn die GZW-Sicherheit mindestens 75% beträgt, Töchter in mindestens 10 Herden eine Milchleistung aufweisen und bereits 20 Töchter in die Exterieur-ZWS eingegangen sind. Als zusätzliche Grenzen musste bei dieser Analyse die Sicherheit des GZW als GJV unter 70% und als NK über 80% liegen. Durch diese einfache Gruppierung kann es jedoch sein, dass bei manchen GJV bereits im April 16 Nachkommeninformation bei einzelnen Merkmalen (Fleisch, Kalbeverlauf paternal, Vitalität) vorgelegen haben kann. Zu beachten ist außerdem, dass hier geschätzte Zuchtwerte mit ca. 65% Sicherheit mit geschätzten Zuchtwerten mit ca. 85% Sicherheit verglichen werden

und somit keine sicheren Aussagen hinsichtlich des wahren Zuchtwerts möglich sind.

In **Abbildung 22** sind die GZW-Änderungen dieser Stiere von April 16 auf Dezember 18 gruppiert nach GZW vom April 16 dargestellt. Die Basisanpassung von 6,0 GZW-Punkten seit April 16 wurde bei der Auswertung berücksichtigt. Aus der Darstellung kann man erkennen, dass die GZWe im Schnitt in allen GZW-Gruppen sehr gut halten. Die Topgruppe der GJV, die im April 16 einen GZW von mindestens 130 hatten, ist im Schnitt von 132,0 auf

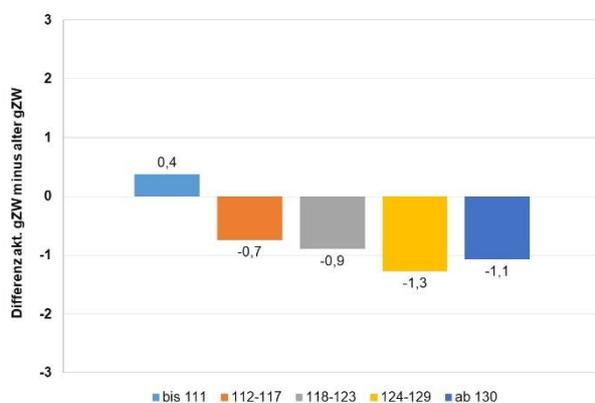


Abbildung 22: GZW-Änderungen der Fleckvieh-KB-Stiere, die von GJV auf NK gewechselt haben, gruppiert nach altem GZW (Diff. ZW Dez.18 – Apr.16, basisangepasst)

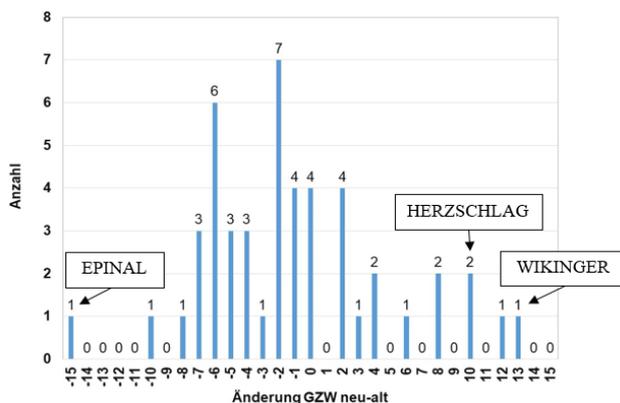


Abbildung 23: GZW-Änderungen der Fleckvieh-KB-Stiere, die im April 2016 als GJV einen GZW von über 130 hatten und im Dez. 2018 ein NK waren (Diff. ZW Dez.18 – Apr.16, basisangepasst)

124,9 gefallen, wenn man die Basisanpassung ausgleicht, bleiben -1,1 Punkte übrig. Wissenschaftliche Untersuchungen zeigen (Erbe et al., 2017; Schwarzenbacher, 2017; Masuda et al., 2018), dass ein leichter ZW-Rückgang bei einer Gruppe von stark selektierten Tieren in der konventionellen ZWS bei Auflaufen der ersten Töchterleistungen zu erwarten ist. Dieser ohnehin minimale Rückgang wird mit steigender Sicherheit wieder kleiner und passt daher gut mit den theoretischen Erwartungen zusammen.

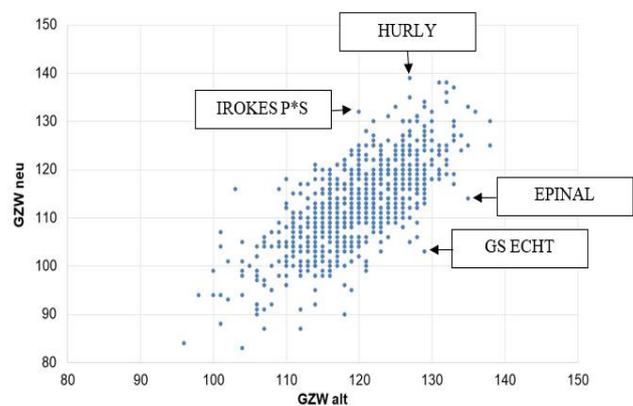


Abbildung 24: Genomische GZWe vom April 2016 (alt) und Dezember 2018 (neu), der Fleckvieh-KB-Stiere, die seit April 2016 von GJV auf NK gewechselt haben.

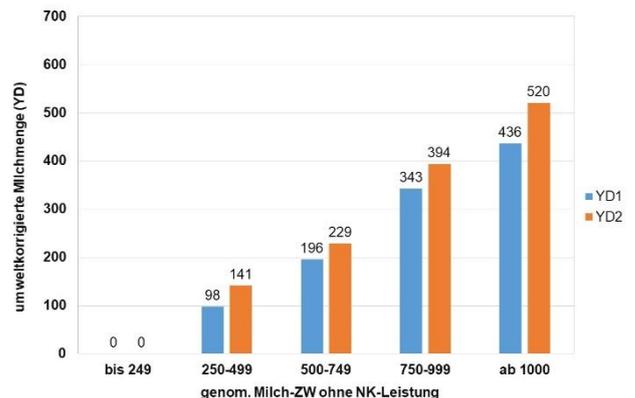


Abbildung 25: Zusammenhang zw. genom. Milch-ZW als GJV (Apr. 16) und umweltkorrigierter Leistung der Töchter beim Fleckvieh (1. und 2. Lakt., Dez. 18).

In **Abbildung 23** sind die (basisangepassten) GZW-Änderungen aller 48 Stiere dieser Topgruppe dargestellt. Daraus kann man sehen, dass die Abweichungen nach oben und unten annähernd gleich ausgeprägt sind. Der stärkste Abfall ist beim Stier EPINAL zu verzeichnen, der von 135 auf aktuell 114 gefallen ist, basisangepasst also -15 GZW-Punkte. Positivster Ausreißer ist der Stier WIKINGER, der von 131 auf 138 gestiegen ist, das entspricht basisangepasst +13 GZW-Punkte.

In **Abbildung 24** sind die alten und neuen GZWe für alle 790 Stiere dieser Auswertung als Punktwolke dargestellt. Der Zusammenhang ist erwartungsgemäß, mit ein paar, ebenfalls erwartbaren Ausreißern.

3.2 Stiere: genomischer Zuchtwert und Töchterleistung

Die Stabilität der Zuchtwerte ist selbstverständlich wichtig (Punkt 3.1), noch wichtiger ist allerdings der Zusammenhang zwischen ZW und Leistung, in diesem Fall zwischen ZW als GJV und Leistung der Töchter.

In **Abbildung 25** ist der Zusammenhang zwischen dem gZW für die Milchmenge als GJV im April 16 mit den späteren Leistungen ihrer Töchter in der 1. und 2. Laktation beim Fleckvieh dargestellt. Da die Töchter in unterschiedlichsten Herdenniveaus produzieren und von genetisch sehr unterschiedlichen Kühen abstammen, wird die Leistung nach Korrektur der Umwelteinflüsse und des Anpaarungsniveaus dargestellt („yield deviations“ = YD). Aus der Darstellung kann man sehr gut erkennen, dass die Voraussage der durchschnittlichen Töchterleistungen basierend auf dem gZW als GJV sehr gut funktioniert. Bei Stieren mit einem gZW von +1000 kg Milch erwartet man, dass seine Töchter (bei Anpaarung an eine durchschnittliche Stichprobe und

in einer durchschnittlichen Umwelt) eine um 500 kg überdurchschnittliche Milchleistung pro Laktation aufweisen. In der Praxis passen die Werte (+436 in der 1. und +520 in der 2. Laktation) also sehr gut zur theoretischen Erwartung.

3.3 Kühe: genomischer Zuchtwert und Eigenleistung

Interessant ist nicht nur der Zusammenhang zwischen Stier-ZW und Töchterleistung, sondern auch der Zusammenhang zwischen dem gZW als Kalb bzw. Jungrind und der späteren Leistung als Kuh.

Abbildung 26 zeigt den Zusammenhang zwischen dem gZW für die Milchmenge von Jungrindern bzw. Kalbinnen vom April 16 und der bisher vorliegenden (unkorrigierten) Absolutleistung für die 1. und 2. Laktation dieser Tiere. In der ersten Laktation standen 3290, in der zweiten 1585 Kühe für die Auswertung zur Verfügung. Kühe, die im April 16 (als Jungrind/Kalbin) einen gZW für Milchmenge von mindestens +1000 hatten, weisen eine durchschnittliche Erstlaktationsleistung von 9.435 kg und eine 2. Laktation von 10.431 kg Milch auf. Damit liegen sie um ca. 1800 bzw. 1600 kg über der Gruppe mit etwa durchschnittlichem gZW für Milchmenge. Da Tiere mit hohen Zuchtwerten im Schnitt in Betrieben mit besserem Management stehen, ist es auch hier notwendig, die Leistung auf vergleichbare bzw. durchschnittliche Umweltverhältnisse zu korrigieren. In den **Abbildungen 27** (Fleckvieh) und **28** (Braunvieh) sind diese umweltskorrigierten Leistungen dargestellt. Die Überlegenheit in den einzelnen Gruppen entspricht, ähnlich wie bei den Stieren, ziemlich exakt den theoretischen Erwartungen. Z.B. zeigt die Gruppe mit einem gZW von mindestens +1000 kg Milch im Schnitt dann eine entsprechend höhere Leistung als

Kuh, also beim Fleckvieh konkret +1099 und +1210 kg für die 1. bzw. 2. Laktation.

Diese sehr gute Übereinstimmung mit der Theorie lässt sich selbstverständlich nicht auf jedes Einzeltier übertragen. Bei einzelnen Kühen können die Abweichungen von der theoretischen Erwartung gravierend sein, wie aus

der **Abbildung 29**, einer Boxplot-Darstellung für die 1. Laktation, ersichtlich ist. In der +1000-Gruppe gibt es z.B. ein Tier, das sogar unter -1000 kg liegt, andererseits gibt es z.B. auch zwei Tiere aus der untersten Gruppe, die sogar über +2000 kg umweltkorrigierte Leistung aufweisen.

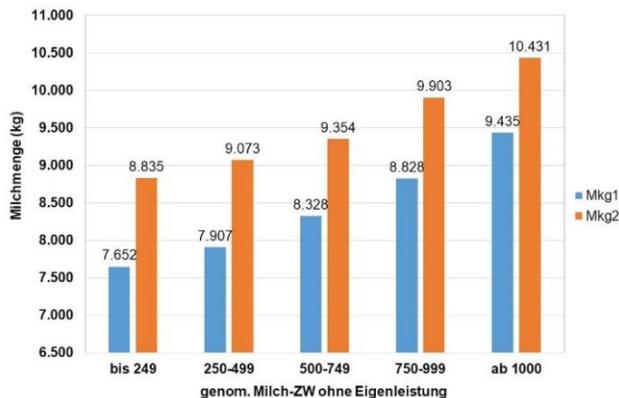


Abbildung 26: Zusammenhang zw. genom. Milch-ZW als Jungtier (Apr. 16) und Absolutleistung als Kuh beim Fleckvieh (1. und 2. Lakt.).

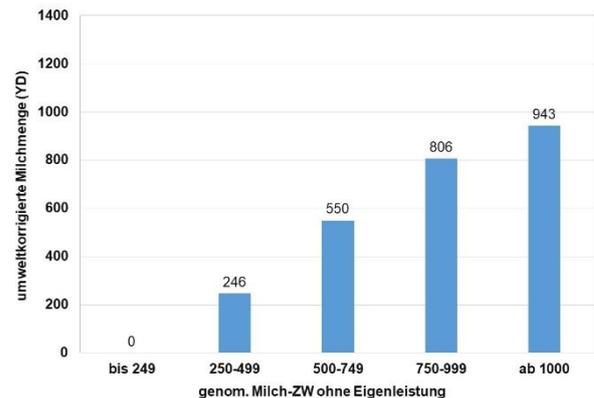


Abbildung 28: Zusammenhang zw. genom. Milch-ZW als Jungtier (Apr. 16) und umweltkorrigierter Leistung (YD) als Kuh beim Braunvieh (1. Lakt.).

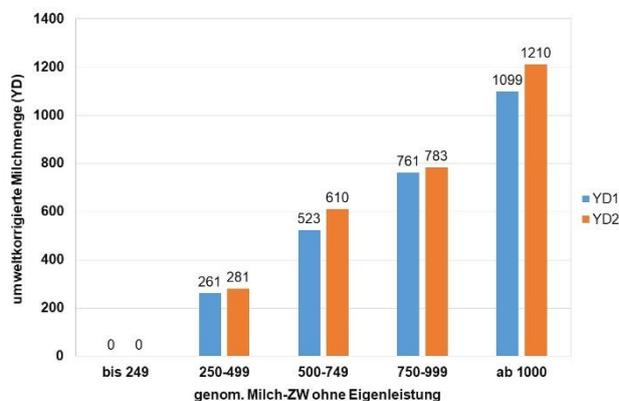


Abbildung 27: Zusammenhang zw. genom. Milch-ZW als Jungtier (Apr. 16) und umweltkorrigierter Leistung (YD) als Kuh beim Fleckvieh (1. und 2. Lakt.).

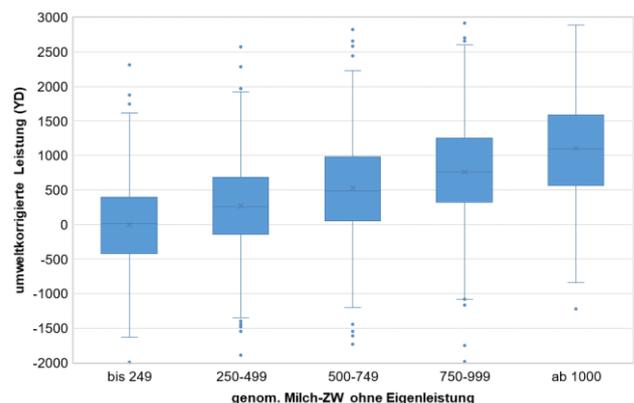


Abbildung 29: Zusammenhang zw. genom. Milch-ZW als Jungtier (Apr. 16) und umweltkorrigierter Leistung als Kuh beim Fleckvieh als Boxplot-Darstellung (1. Lakt.).

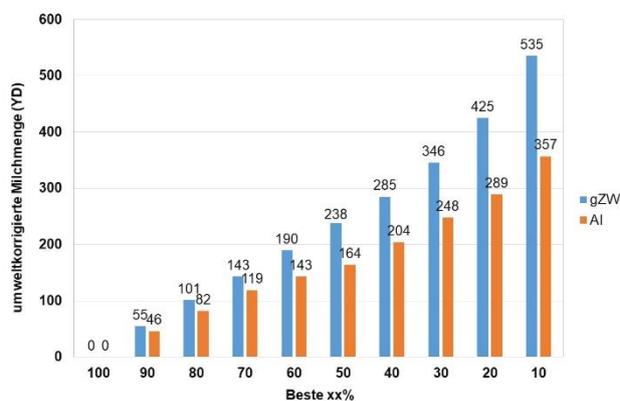


Abbildung 30: Umweltkorrigierte Leistung (1. Lakt.) als Kuh bei Auswahl der besten xx% Jungtiere nach genom. ZW bzw. nach konv. Ahnenindex beim Fleckvieh.

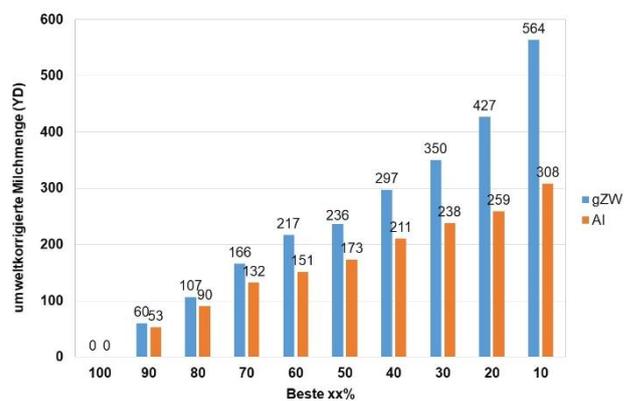


Abbildung 31: Umweltkorrigierte Leistung (2. Lakt.) als Kuh bei Auswahl der besten xx% Jungtiere nach genom. ZW bzw. nach konv. Ahnenindex beim Fleckvieh.

In den **Abbildungen 30** und **31** ist der Vergleich der umweltkorrigierten Leistungen (YD) bei Auswahl der besten Tiere nach gZW bzw. nach konventionellem Ahnenindex für die 1. bzw. 2. Laktation dargestellt. Die Selektion nach gZW ist in allen Fällen überlegen, aber ganz speziell im Spitzenbereich. Das bedeutet, wenn man in der Spitzenzucht (Stier- bzw. Kandidatenmütter, Embryotransfer, gezielte Paarung) nur einen geringen Prozentsatz der besten Tiere benötigt, ist die Selektion nach gZW der Selektion nach konventionellem Ahnenindex deutlich überlegen. Auch für die innerbetriebliche Selektion, wo man z.B. 50 oder 70% der weiblichen Tiere benötigt, ist ebenfalls eine Überlegenheit gegeben, die aber geringer ausfällt. Bei einem Prozentsatz von z.B. 50% beträgt die Überlegenheit 74 kg in der 1. und 63 kg in der 2. Laktation. Wenn man eine durchschnittliche Anzahl von vier Laktationen pro Kuh unterstellt, würde sich das zu einer um ca. 250-300 kg höheren Lebensleistung pro Kuh aufsummieren.

4. Resümee

Die Zuchtprogramme haben sich durch die Einführung der genomischen Selektion weltweit stark verändert. Durch die deutlich höheren ZW-Sicherheiten werden bereits Jung-

stiere breit eingesetzt. Der Anteil der GJV an allen Besamungen ist dabei zwischen Regionen und Rassen extrem unterschiedlich, aber im Durchschnitt noch zu niedrig. Durch den niedrigen GJV-Anteil in manchen Regionen kann der mögliche große Zuchtfortschritt nicht voll ausgeschöpft werden. Hinderlich für den Zuchtfortschritt sind auch der zu starke Einsatz einzelner Stiere, der strenge Ausschluss von Erbfehlerträgern und die starke Berücksichtigung der Hornlosigkeit und anderer genetischer Besonderheiten.

Die Analysen zeigen, dass die genomischen Zuchtwerte den theoretischen Erwartungen entsprechend stabil sind und die erwarteten höheren Töchter- bzw. Eigenleistungen tatsächlich realisiert werden. Die genomischen Zuchtwerte sind nicht nur für die Selektion der Besamungsstiere geeignet, sondern ermöglichen auch auf der weiblichen Seite eine bessere Differenzierung und damit eine sicherere Selektionsmöglichkeit. Das gilt einerseits für den Spitzenzuchtbereich, aber auch für die innerbetriebliche Selektion. Die Genotypisierung von weiblichen Tieren (z.B. FoKUHs, Braunvieh-Vision, Fleckfficient) ist daher über die Qualitätssicherung der gZWS hinaus, eine sinnvolle Investition zur Optimierung der Selektion und Anpaarung für die interessierten

Betriebe. Diese Anpaarungsoptimierung bezieht sich nicht nur auf die Zuchtwerte, sondern auch auf die Vermeidung von genetischen Defekten bzw. die positive Berücksichtigung von genetischen Besonderheiten, wie es bereits in Anpaarungsprogrammen (z.B. OptiBull) umgesetzt ist.

Die genomische Selektion hat sich in Österreich und Deutschland in den letzten Jahren überwiegend gut etabliert. Es wird allerdings notwendig sein, die genomischen Zuchtprogramme zu optimieren und konsequent umzusetzen.

Literatur

- CDCB, 2019. Genotype counts. <https://queries.uscdcb.com/Genotype/counts.html>, Stand 24. Februar 2019.
- Egger-Danner, C. und A. Willam, 2012. Neues genomisches Zuchtprogramm "Fleckvieh Austria 2012": Was wird anders, was bringt es? Fleckvieh Austria - Das österreichische Magazin für Fleckviehzucht, 6/2012, 6-10.
- Egger-Danner, C., und A. Willam, 2019. Aspekte zur Optimierung von genomischen Zuchtprogrammen. Seminar des Ausschusses für Genetik, Salzburg, 14.3.2019.
- Erbe, M., M. Schlather und K-U. Götz, 2017. What to expect for later-in-life breeding values when preselecting on early genomic breeding values? 68th Annual Meeting of the EAAP, Tallinn, Estonia, Book of Abstracts 23: 236.
- Masuda, Y., P. M. VanRaden, I. Misztal und T. J. Lawlor, 2018. Differing genetic trend estimates from traditional and genomic evaluations of genotyped animals as evidence of preselection bias in US Holsteins. J. Dairy Sci. 101: 5194-5206.
- Meuwissen, T.H.E., B.J. Hayes und M.E. Goddard, 2001. Prediction of total genetic merit using genome-wide dense marker maps. Genetics 157: 1819-1829.
- Schaeffer, L., 2006. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. J. Anim. Breed. Genet. 123: 218-223.
- Schwarzenbacher, H., 2017. Single- versus two step genomic evaluations over many generations. 68th Annual Meeting of the EAAP, Tallinn, Estonia, Book of Abstracts 23: 428.
- Schwarzenbacher, H. und Edel, C., 2019. Genomische Zuchtwertschätzung und Kuhlernstichprobe. Seminar des Ausschusses für Genetik, Salzburg, 14.3.2019.
- Stalhammar, H., 2018. Genomic selection – Red Dairy Cattle. 8. Rinder-Workshop Uelzen, DGfZ-Schriftenreihe Heft 75: 117-121.
- ZuchtData, 2008. ZuchtData-Jahresbericht 2008.
- ZuchtData, 2018. ZuchtData-Jahresbericht 2018. <https://www.zar.at/Downloads/Jahresberichte/ZuchtData-Jahresberichte.html>; abgerufen am 4.3.2019.

Genomisches Zuchtprogramm – Herausforderungen der Umsetzung in der Praxis

Peter Stückler

GENOSTAR Rinderbesamung GmbH

Einleitung

In Österreich wurde die Entwicklung der Genomselektion von den Zucht- und Besamungsorganisationen unterstützt und mitfinanziert. Bei der Implementierung der Genomselektion in das Zuchtprogramm zeigten sich dann teils erhebliche Unterschiede. Während von der einen Seite die Genomzuchtwerte als Hilfe für die Selektion der Jungstiere für den Prüfeinsatz gesehen wurden, veränderte die andere Seite das Zuchtprogramm durch weitgehende Implementierung der Genomselektion.

EGGER-DANNER und WILLAM zeigten 2011 anhand von Modellrechnungen, dass der monetäre Zuchtfortschritt durch stärkeren Einsatz von Jungstieren gegenüber den konventionellen Zuchtprogrammen (Selektion nach Zuchtwerten aufgrund Nachkommenschaftsprüfung) deutlich gesteigert werden kann. Insbesondere das Ergebnis, dass mit der Genomselektion der relative Anteil des Zuchtfortschrittes über die Fitnessmerkmale gesteigert werden kann, war der Startschuss für einen offensiven Zugang des Besamungsunternehmens GENOSTAR sowie der dahinterstehenden Zuchtorganisationen auf die Genomselektion. Der prozentuelle Jungstiereinsatz konnte bereits 2011 deutlich erhöht werden. In der Steiermark wurde der „Prüfstiereinsatz“ 2011 eingestellt, es gab nur mehr Jungstiere und Altstiere mit Zuchtwertschätzergebnissen. Der Anteil an Jungstierbesamungen divergierte zu Beginn zwischen

den Regionen in Österreich erheblich – ein Umstand, der auch nach zehn Jahren noch in derselben Streubreite gegeben ist.

Implementierung der Genomselektion

Die Verfügbarkeit von Zuchtwerten für weibliche Tiere, die mit gleichen Sicherheiten wie bei den männlichen vorlagen, eröffnete neue Möglichkeiten in der Selektion auf der weiblichen Seite. Als wichtigste Hebel für die Beeinflussung des Zuchtfortschrittes wurden die Selektionsintensität und die Verkürzung des Generationsintervalles erkannt. Die niedrigere Sicherheit der Genomzuchtwerte und somit das höhere Risiko konnte vor allem durch eine breite Streuung des Stiereinsatzes in den Betrieben kompensiert werden. Die Rinderzucht Steiermark setzte sich 2011 das Ziel, mindestens 50% der Besamungen mit Jungstieren zu machen. Die Akzeptanz durch die Züchter war enorm hoch, der Jungstieranteil lag bald bei 60%.

Maßnahmen im Zuchtprogramm

Die Zuchtorganisationen innerhalb von Genostar konzentrieren sich auf die Genotypisierung möglichst vieler hoffnungsvoller männlicher Kälber. Zur Selektion der Kandidaten wurde eine wöchentliche Selektion der besten Kälber nach Vater mit Hilfe eines 4-Generationen-Väterindex installiert. Anhand dieser Liste erfolgen die Besichtigung der Mütter sowie die Gewebeprobenentnahme durch die Zuchtberater der Zuchtorganisati-

on. Dieser Schritt ist zugleich eine Selektion nach Exterieur. 98% aller Kälber werden auf Kosten von GENOSTAR mit vertraglicher Regelung genotypisiert. Der Vertrag sichert der Besamungsorganisation den Zugriff auf das Kalb.

Die zweite wesentliche Anwendung der Genomselektion war ein Fokus auf weibliche Genotypisierungen, um die Selektionsintensität auf weiblicher Seite zu erhöhen. Es erfolgt regelmäßig eine Selektion der besten weiblichen Kälber nach Vater und eine Typisierungsempfehlung an die Züchter. Die besten Jungrinder werden über Embryotransfer genutzt. Aktuell sind es 200 Spülungen pro Jahr (75% Jungrinderspülungen).

Stimmt die Richtung?

Die „Geschwindigkeit“ in der Zucht nimmt durch die Verkürzung des Generationsintervalles zu. Eine laufende Evaluierung ist von zentraler Bedeutung. Bei den männlichen Typisierungen (aktuell 1.800 jährlich) liegt der Anteil an Kandidaten mit einem GZW über 130 seit Beginn der Genomselektion beispielsweise doppelt so hoch wie im Schnitt aller Typisierungen. Alle Merkmalsgruppen werden auf Stärken und Schwächen durchleuchtet, um Fehlentwicklungen zu erkennen. Die weiblichen Typisierungen werden ebenso analysiert.

Weitere Benchmarks stellt man sich im relativen Anteil weiblicher Spitzentypisierungen sowie im relativen Anteil der Altstiere, Jungstiere und Kandidaten im internationalen Vergleich.

Anpaarungsberatung

Die Beratung der Züchter in der Anpaarungsentscheidung wurde ein weiteres zentrales Element im Zuchtprogramm. Genostar hat

das Ziel eines aktiven Beratungsinstrumentes verfolgt und dieses mit einer intern entwickelten Anpaarungssoftware umgesetzt. Damit werden aktuell bis 80% der Betriebe und 85% der weiblichen Tiere erreicht. Die Züchter erhalten sechs Mal jährlich einen Anpaarungsvorschlag per Mail, wobei sieben unterschiedliche Betriebsziele hinterlegt sind. Die Anpaarungsberatung wird von den Zuchtberatern der Zuchtorganisationen unterstützt, indem individuelle Beratungen mit Berechnungen auf den Betrieben erfolgen. Zudem steht den Züchtern eine App-Anwendung für Anpaarungsberechnung, Besamungsmeldung und Containerverwaltung zur Verfügung. Es war niemals Ziel von Genostar, Entwicklungen außerhalb des österreichischen Verbundes zu forcieren. Das Ziel des Unternehmens in der Anpaarungsberatung konnte aber nur so erreicht werden.

Genomisches Herdenmanagement

Es besteht die Überzeugung, dass die Genomselektion auch im Management der (wachsenden) Betriebe mit begrenzter Flächenausstattung an Bedeutung gewinnen wird. Bei knapper Flächenausstattung belastet die relativ teure Kalbinnenaufzucht die Betriebe. Auf Basis der Genotypisierung der gesamten Herde können weitere Selektionsschritte in Richtung Belegung mit gesextem Sperma und Gebrauchskreuzung mit Fleischrassen gesetzt werden.

Umfang der Stierhaltung

Der Ankauf von Jungstieren wurde mit der Genomselektion deutlich reduziert. Trotzdem haben sich die Investitionen beim Stierankauf stark erhöht. Genostar hält nach wie vor an der Wartestierhaltung an zwei Produktionsstandorten fest. Der aktuelle Stierbestand liegt bei 200 Jung- bzw. Altstieren.

Probleme mit der Genomselektion

Die Verfügbarkeit von nur inoffiziellen Zuchtwerten in der allerersten Phase im Herbst 2010 hat viele Beteiligte verunsichert, weil der Informationsgleichstand nicht gegeben war. Die anfänglich hohen Typisierungskosten waren eine Hürde für die Genotypisierung, andererseits aber förderlich für vertragliche Typisierungen. Nach wie vor unbefriedigend für Zucht- und Besamungsorganisationen ist der „unruhige Zuchtwertverlauf“ nach Auflaufen der ersten Töchterleistungen. Auf dem „One step“-Verfahren ruhen diesbezüglich große Hoffnungen.

Fakten und Mythen

Obwohl den handelnden Organisationen und Personen in der Rinderzucht immer bessere Werkzeuge zur Verfügung stehen, haben Aussagen abseits von wissenschaftlicher Absicherung noch immer Platz in der Szene. Der wissenschaftliche Nachweis für die Wirkung der A2-Variante des Beta-Kaseins ist nicht erbracht – und dennoch fließt dieses Merkmal unreflektiert mehr und mehr in die Veröffentlichung und Selektion ein. Ein anderes Beispiel ist der Umgang mit rezessiven Erbfehlern. Die Genomselektion ermöglicht der Zucht in dieser Frage einen verantwortungsvollen Umgang, dennoch führt ein Einsatz von Anlagenträgern nach wie vor zu Diskussionen.

Zucht in bäuerlicher Hand

Bäuerliche Organisationen müssen moderne Techniken in der Zucht nutzen und konsequent im Zuchtprogramm einsetzen, um den möglichen Zuchtfortschritt zu generieren und konkurrenzfähig zu bleiben. Entscheidungen müssen auf wissenschaftlicher Basis getroffen werden und zum Züchter kommuniziert werden.

Resümee

Selektionsentscheidungen können mit der Genomselektion sachlicher getroffen werden, es werden weniger Fehler gemacht. Mehr Züchter nehmen am Zuchtgeschehen (KB-Stiere) teil – bessere Chancen sind vor allem für Züchter außerhalb des Schauwesens gegeben. Genomselektion wird als Werkzeug zum Halten von „Outcross“-Linien genutzt. Ein Inzuchtanstieg ist nach wie vor da, aber er ist relativ flach. Die Richtung in der Zucht stimmt – der Zuchtfortschritt ergibt sich nicht einseitig aus der (Milch-) Leistungssteigerung, sondern verstärkt durch bessere Fitness. Die Genomselektion ist maßgeblich am Aufwind für die Hornloszucht beteiligt. Die Züchter sind offen für ein genomisches Zuchtprogramm.

Blick über die Grenzen – Genomische Selektion bei Holstein international

Stefan Rensing

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (VIT)

Einleitung

Nach Einführung offizieller genomischer Zuchtwerte vor ca. 10 Jahren in den wichtigsten Holstein-Zuchtländern in Europa und Nordamerika wurde die Selektion nach genomischen Zuchtwerten (gZW) sehr schnell zur wichtigsten Grundlage für die Holstein-Zuchtprogramme. Innerhalb von nur zwei Jahren beruhten praktisch alle Selektionsentscheidungen in den Zuchtprogrammen auf genomischen Zuchtwerten von Jungtieren. Innerhalb kürzester Zeit waren fast 100% der Bullenväter die höchsten genomischen Jungvererber und >90% der selektierten Bullenmütter Jungrinder (z. Zeitpunkt der Anpaarung). Beim Einsatz genomischer Jungvererber in der Breite der Populationen verlief die Entwicklung etwas langsamer. Aber inzwischen liegt der Anteil genomischer Jungvererber in allen wichtigen Holstein-Populationen über 50% bis hin zu 98% in Dänemark (Deutschland 80%).

Durch das deutlich kürzere Generationsintervall (z.B. Bullenvater zu Bullenvater ca. 2 Jahre) und die höhere genomische Selektionsintensität hat sich der Zuchtfortschritt mehr als verdoppelt. Dies kann z.B. aus der Entwicklung der mittleren (g)ZW der in Deutschland über die Zeit eingesetzten schwarzbunten (SBT) KB-Bullen abgeleitet werden (siehe [Tabelle 1](#)).

Tabelle 1: Entwicklung der Zuchtwerte der eingesetzten KB-Bullen (schwarzbunt) in Deutschland (ZW-Basis Dez. 2018)

SBT	Veränderung /Jahr		
	1998-2001	2002-2010	2011-2018
Gesamt-Bes.			
RZM	1,94	1,20	3,05
RZE	1,55	1,54	2,75
RZS	-0,21	0,59	1,62
RZN	0,52	1,11	2,91
RZR	-1,68	-0,20	1,60
RZKm	0,92	0,31	1,60
RZG	1,74	1,80	4,75

Es änderte sich jedoch nicht nur die Selektionsbasis für die Entscheidungen im Zuchtprogramm, sondern bekanntlich auch der gesamte Aufbau der KB-Zuchtprogramme. Testbullen gab es mit Einführung offizieller genomischer Zuchtwerte >50% Sicherheit nicht nur rein rechtlich in der EU nicht mehr. Auch praktisch wurde die Anzahl in den Einsatz gebrachter KB-Bullen pro Jahr gegenüber der früheren Anzahl Testbullen deutlich reduziert. So wurden vor Einführung der genomischen ZW in Deutschland im Jahr 2009 noch ca. 950 Holsteinbullen (SBT u. RBT) getestet, im Jahr 2017 kamen dagegen weniger als 300 neue Jungvererber in den Einsatz. Somit reduziert sich mit 4-5 Jahren Zeitverzögerung auch die Anzahl neuer töchtergeprüfter Bullen und damit der Zuwachs an Lernstichproben-Bullen als Basis für das genomische Schätzsystem. Aber nicht nur die Anzahl aktueller Bullen für die Lernstichprobe wird von Jahr zu Jahr ge-

ringer, diese Bullen sind auch immer stärker vorselektiert. Die ehemaligen genomischen Jungvererber und inzwischen töchtergeprüften Bullen repräsentieren nicht mehr die gesamte Bandbreite der Holstein-Population, sondern nur noch das obere Ende. Die konsequente Umsetzung der genomischen Selektion gefährdet also zunehmend die eigene Basis.

Die nächste Generation: Kuh-Lernstichproben

Die Lösung liegt in der Erweiterung der bisher reinen KB-Bullen-Lernstichprobe um (unselektierte) Kühe bzw. langfristig ggf. sogar eine Umstellung auf reine Kuh-Lernstichproben. Genotypisierte Kühe mit Leistungsbeobachtungen als Lernstichproben-Tiere haben zwei große Vorteile. Ihre Zahl ist relativ unbegrenzt – im Vergleich zur Anzahl KB-Bullen – und mit ihnen kann die gesamte Bandbreite der Holsteinpopulation abgebildet werden. Für letzteres ist aber Voraussetzung, dass es sich um weitgehend unselektierte Kühe handelt, z.B. aus der Typisierung aller Tiere in kommerziellen Milchviehbetrieben. In den USA wurde die Herdentypisierung bereits vor ca. 5 Jahren populär, da dort die im Arzneimittelvertrieb und in der Veterinärberatung von Milchviehbetrieben aktive Firma ZOETIS die Herdentypisierung über ein eigenes Typisierungsangebot stark promotete. Inzwischen stehen in den USA über 400.000 Lernstichproben-Kühe mit mindestens Milchleistung zur Verfügung.

In Europa gab es diese Entwicklung zunächst nicht, obwohl aus Sicht der Milchviehbetriebe prinzipiell die gleichen Argumente für eine Herdentypisierung als Managementmaßnahme sprechen. Daher ergriffen die Holstein-Zuchtorganisationen insbesondere in den Niederlanden (CRV) und Deutschland die Initiative, um eine ähnliche Entwicklung auch

hier zu initiieren. Unter dem Namen KuhVision wurde ab Mitte 2016 in einer begrenzten Anzahl Betriebe die Typisierung der gesamten (Jung-)tiere und Erstkalbskühe zu einem günstigen Preis von ca. 20€ angeboten, wenn der Betrieb neben den Daten aus der MLP und der Herdenklassifizierung zusätzlich kuhindividuell erfasste Gesundheitsdaten und Daten der Routine-Klauenpflege bereitstellt. Das Programm KuhVision war so erfolgreich/begeehrt, dass bereits nach einem halben Jahr das Kontingent ausgeschöpft war. Durch die große Anzahl der Typisierungen und den Aufbau einer schlanken Logistik konnten aber auch weiteren Betrieben Typisierungen für ca. 30€ angeboten werden, und damit günstiger als in den USA. Inzwischen ist die Herdentypisierung in Deutschland dabei sich zu einem Standard-Managementinstrument für zukunftsorientierte Milchviehbetriebe zu entwickeln. Dies vor allem in den westlichen Regionen, wo Fläche immer knapper wird und die Betriebe zunehmend nur noch die für die eigene Remonte mindestens benötigte Anzahl Jungtiere aufziehen. Mit zunehmendem Einsatz von gesextem Spermia und weiteren Preissenkungen für die Typisierung wird die Teilnahme an Herdentypisierungen bei den Holstein-Betrieben weiter steigen. Eine ähnliche Entwicklung zeichnet sich in den Niederlanden ab, aber zunehmend auch in Dänemark und Frankreich.

Die genomische Zuchtwertschätzung profitiert bereits davon. So wurde in den Niederlanden im April 2018 für die meisten Merkmale auf eine gemischte Kuh- und Bullen-Lernstichprobe umgestellt und in der gemeinsamen Holstein-ZWS für Deutschland, Österreich und Luxemburg erfolgt dies im April 2019. Die Entwicklung des Umfangs der Lernstichprobe zeigt die [Tabelle 2](#).

Tabelle 2: Entwicklung der Anzahl potentieller Lernstichproben-Tiere (Bullen und Kühe) für das deutsche genomische Schätzsystem für Holstein

	Bullen	Kühe M-kg	Gesamt M-kg	Kühe Ext.
1804 (Test)	36.887	90.737	127.624	73.614
1808 (Test)	38.152	105.390	143.542	87.150
1812 (Test)	38.507	117.644	156.151	97.266
1904	ca. 39.000	130.884	ca. 169.800	109.746

In Validierungsstudien des vit wurde die theoretischen Ableitungen bestätigt, dass ca. 3-8 Validierungskühe genauso informativ für die Lernstichprobe sind, wie ein KB-Bulle mit Zuchtwerten basierend auf 100 Töchtern. Die über 130.000 zusätzlichen LP-Kühe entsprechen also einem Äquivalent von bis zu 43.000 neuen LP-Bullen, also einer Verdopplung der bisherigen Bullen-LP!

Neue Merkmale nur mit Genomics

Besonders wichtig sind Kuh-Lernstichproben für die Einführung neuer Merkmale in der genomischen Zuchtwertschätzung und damit in die praktische Holsteinzucht. Eine Bullen-LP würde zunächst mind. 20 Jahre Datenerfassung voraussetzen bevor z.B. 10.000 KB-Bullen mit Töchterinformationen in Deutschland zur Verfügung stünden. Aus KuhVision stehen aber bereits nach weniger als drei Jahren ca. 100.000 typisierte Kühe mit Gesundheitsdatenerfassung zur Verfügung. Auf dieser Basis lassen sich genomische Zuchtwerte für direkte Gesundheitsindizes mit ca. 50% gZW-Sicherheit schätzen. Dies entspricht fast der gZW-Sicherheit z.B. für Töchterfruchtbarkeit auf Basis einer Lernstichprobe mit über 30.000 KB-Bullen.

Ließe sich z.B. für direkte Gesundheitsmerkmale theoretisch noch eine flächendeckende Datenerhebung in allen Milchkontrollbetrieben organisieren, ist dies für weitere in der Zukunft wichtige Merkmale nicht möglich.

Das zukünftige Merkmal mit dem wohl größten wirtschaftlichen Potential ist die Futtereffizienz. Die Voraussetzung für die Berechnung

der kuhindividuellen Futtereffizienz ist die Erfassung der individuellen Futtermaterialeinnahme.

Dies ist technisch aufwändig, entsprechend teuer und damit nur in speziell ausgestatteten (Versuchs-) Betrieben möglich.

Gleichzeitig gibt es eine rasante Entwicklung bei der Sensor-Technik, so dass für immer mehr Merkmale eine automatisierte rund-um-die-Uhr Erfassung von Daten der Milchkuh möglich wird. Aber auch hier wird die neue Technik aus Kosten- aber auch organisatorischen Gründen nicht umfassend und bei der Masse der Milchviehbetriebe eingeführt werden. Daraus lässt sich ableiten, dass die Zeit als die Grundlage der Zuchtwertschätzung die Datenerhebung in der gesamten (Milchkontroll-) Population war, sich dem Ende zuneigt. Immer mehr Merkmale werden nur noch in ausgewählten „Daten-Erzeugungs-Betrieben“ erfasst werden. Für die klassischen Merkmale mit relativ hoher Erbllichkeit reicht die genauere Datengrundlage in diesen Betrieben vermutlich ebenfalls aus, um eine ausreichend genaue genomische Zuchtwertschätzung durchzuführen. Es ist also eine Tendenz der Entkopplung von Datenerhebung in der Breite für Managementzwecke sowie der Datenerhebung für (genomische) Zuchtwertschätzung zu erkennen. Diese Entwicklung fördert die Konzentration der Holstein-Zucht in wenige immer größer werdende Zuchtunternehmen, die den dafür notwendigen Investitions-Umfang leisten können.

Genomic Selection in the Nordic Countries

Dr. Jørn Rind Thomasen, Jan Lassen
VikingGenetics

Introduction

VikingGenetics introduced genomic selection in 2009, building sire references for the breeds Holstein, Red dairy Cattle and Jersey. In order to obtain higher accuracy on genomic breeding values, collaboration with other breeding organizations has been established. This has been followed by a strategy to genotype cows to be included in the reference population. Today genomic information is an integrated part of all breeding decisions and on the home market dairy semen sale from young genomic bulls account of more than 95%. The implementation of genomic selection has induced large structural changes in the execution of the breeding programme both on male and female setup.

VikingGenetics: a farmer owned breeding company

VikingGenetics is a cooperative owned by 20,000 dairy and beef farmers in the three member countries Denmark, Finland and Sweden. Our purpose is to provide superior genetics at a competitive price to increase competitiveness, profitability and influence on cattle breeding programmes for Nordic farmers. VikingGenetics is responsible for the breeding programme, semen production and semen sale at the export markets. The three owner organizations; VikingDenmark, FABA and VAXA are responsible for inseminations, breeding advisory services and other breeding related aspects to the farmers in the three countries. In 2018, VikingGenetics produced 3.2 mill doses of semen of which one million

was export and 11% of the produced semen was sexed semen. The market share on the home market is approximately 90%.

Nordic genetic evaluation (NAV) is responsible for the joint breeding value estimation using farmers' registrations in the three member countries. NAV is owned by the cattle federations in the three countries. Breeding indexes are combined in a joint total merit index (NTM) for each breed.

Reference population and genomic reliabilities

The reference populations for the three breeds combining genotypes with phenotypes and estimated breeding values is the backbone of a strong breeding scheme and ensuring genetic progress in all traits included in our breeding goal. Table 1 shows the present size of the reference populations for our three breeds (www.nordicebv.info/).

Table 1: Size of reference population

Breed	No of sires	No of cows	Source
VikingHolstein	35,100	44,100	VG+Eurogenomics*
VikingRed	9,300	43,500	VG+Norway
VikingJersey	2,700	21,800	VG+USA/Canada

*EuroGenomics includes proven bulls from the Netherlands, France, Germany, Spain and Poland

In order to maintain and develop strong reference populations in all three breeds, VikingGenetics supports genotyping of approximately 30,000 cows across breeds in herds qualified with good registrations. All cows are genotyped on the customized EuroG 10K chip.

Cost calculations have shown that genotyping of cows are profitable as a management decision tool in herds with good reproduction (Hjortø et al., 2015). Depending on traits and breeds, the present genomic reliabilities vary between 45% and 80%.

Breeding scheme

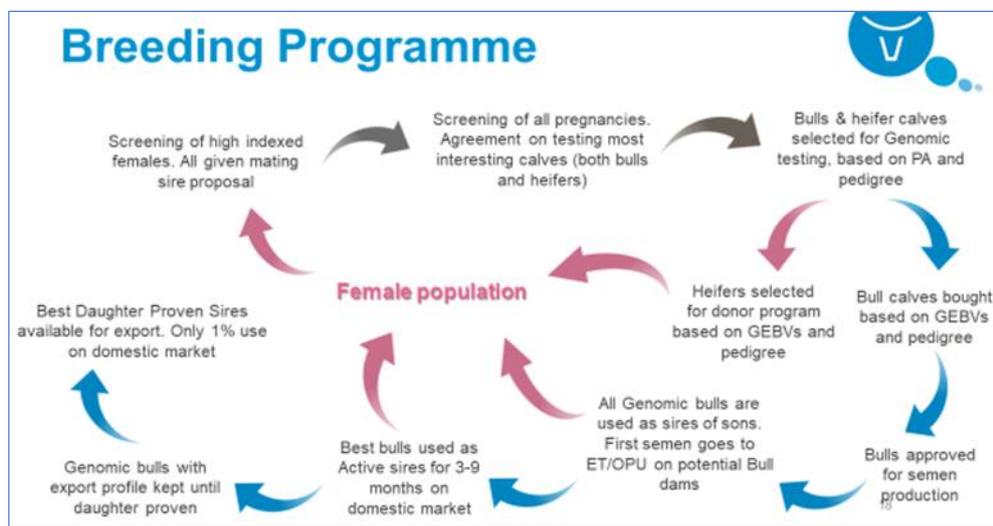
With the present reliabilities of genomic breeding values, a full genomic breeding scheme using young genomic bulls as sires of sons is superior (Thomassen et al., 2014) for all breeds. The breeding programme rely on a broad screening of the high indexed females from the registered cow population, which count 584,000 for Holstein, 218,000 for VikingRed and 70,000 for VikingJersey. Simulations have shown that reproductive technologies combine well with genomic selection, as young donor females can be selected more accurately. Genetic gain can be increased remarkably by introducing an intensive donor scheme (Thomassen et al., 2016). The undesirable effect on rate of inbreeding by using the best females more intensively can be alleviated by increasing the number of sires without

compromising the genetic gain remarkably. Based on these findings, VikingGenetics has established an internal open nucleus for all three breeds supplemented with field contracts to stimulate flushings in the field. To manage risk and inbreeding, all selected bulls for semen production supplementing with the best foreign bulls that match the breeding programme are candidates as sires of sons. Optimal contribution selection is used in the selection steps of female donors and purchased bull calves for controlling the rate of inbreeding.

New traits

The implementation of new traits in the breeding goal is faster with genomic selection compared to a traditional progeny scheme, as it just requires a reference population of genotyped cows registered for the trait of interest (Buch et al., 2012). The traits “Claw Health” and “Young Stock Survival” are examples of traits where reliabilities and selection efficiency have been improved with genomic selection. The present focus is to include feed efficiency in the breeding goal. The implementation will be a two-step procedure including an index that account for maintenance which require weight measurements. The second part is metabolic efficiency, which require individual feed measurements. For

Figure 1: Overview of selection steps in the breeding program



this purpose, VikingGenetics is using 3D camera technology to generate individual feed intake records in commercial herds combined with genotyping of cows. These records will be supplemented by data from interna-

tional collaboration for improving reliability.

References

- Buch, L.H., M. Kargo, P. Berg, J. Lassen, and A.C. Sorensen. 2012. The value of cows in reference populations for genomic selection of new functional traits. *animal* 6:880–886.
- Hjortø, L., J.F. Ettema, M. Kargo, and A.C. Sørensen. 2015. Genomic testing interacts with reproductive surplus in reducing genetic lag and increasing economic net return. *J. Dairy Sci.* 98:646–658.
- Thomasen, J.R., C. Egger-Danner, A. Willam, B. Guldbrandtsen, M.S. Lund, and A.C. Sørensen. 2014. Genomic selection strategies in a small dairy cattle population evaluated for genetic gain and profit.. *J. Dairy Sci.* 97:458–70.
- Thomasen, J.R., A. Willam, C. Egger-Danner, and A.C. Sørensen. 2016. Reproductive technologies combine well with genomic selection in dairy breeding programs. *J. Dairy Sci.* 99.

Genomische Selektion in kleinen Rassen: Erfahrungen aus drei Ländern

Gábor Mészáros, Johann Sölkner

Universität für Bodenkultur Wien (BOKU), Department für Nachhaltige Agrarsysteme, Institut für Nutztierwissenschaften (NUWI)

Einleitung

„Eine neue Technologie namens Genomische Selektion revolutioniert die Rinderzucht.“ Dieses oder ähnliche Statements waren vor 10 Jahren in vielen Publikationen zu lesen. Nun, heute sind genomische Technologien und genomische Selektion nicht mehr neu. Eine wesentliche Basis des Erfolgs der genomischen Selektion war die sehr große Zahl genetischer Marker (SNP), verteilt über das gesamte Genom. Vereinfacht gesagt befindet sich immer ein SNP in der Nähe eines Gens mit Wirkung auf ein quantitatives Merkmal. Quantitative Merkmale werden von vielen Genen gesteuert. Diese Verbindung zwischen Markern und kausativen Genen wird durch Kopplungsgleichgewicht (linkage disequilibrium – LD) charakterisiert.

Genomische Selektion wurde zuerst für große Rinderpopulationen entwickelt und implementiert. Große Referenzpopulationen ermöglichen eine sichere Abschätzung und Nutzung des LD zwischen SNP und Genen mit Wirkung. Ursprünglich vorhandene Zweifel an der Technologie der genomischen Selektion wurden mit der ersten Generation genomisch selektierter Jungtiere zerstreut, welche die Erwartungen erfüllte. Traditionelle und genomische Zuchtwerte waren in guter Übereinstimmung (Hutchinson et al, 2014).

Die Implementierung der genomischen Selektion für regionale Rassen ist problematischer. Grund sind die kleinen Populationsgrößen, mit denen keine großen Referenz-Datensätze zur

Implementierung der genomischen Selektion erzeugt werden können. Andere Wege der Nutzung der genomischen Information müssen gesucht werden.

In diesem Beitrag stellen wir Ansätze und Entwicklungen der genomischen Selektion für kleine Rassen vor und verwenden Fallstudien aus Österreich, der Schweiz und aus Frankreich zur Illustration.

Frankreich

Genomische Selektion ist in Frankreich für die großen Rassen Holstein, Montbéliarde und Normande seit 2009 etabliert, für Brown Swiss seit 2014 und für drei regionale Rassen, Abondance, Tarentaise und Vosgienne seit 2016. Bei 5 Rassen (den 3 regionalen Rassen, Montbéliarde und Normande) werden männliche und weibliche Tiere in der Trainingspopulation genutzt, bei den beiden internationalen Rassen Holstein und Brown Swiss finden nur männliche Tiere Eingang. (Jónás et al., 2017).

Genomische Selektion wurde auch für die kleinen Rassen mit einer Referenzpopulation der eigenen Rasse implementiert. Für Größe der Referenzpopulation und erwartete Sicherheiten der Zuchtwertschätzung siehe [Tabelle 1](#).

Table 1: Geschätzte Sicherheiten für Selektionskandidaten aus der französischen genomischen Zuchtwertschätzung (übernommen von Sanchez et al., 2016).

Rasse	Referenzpopulation		Merkmalsgruppe			
	Anzahl männliche	Anzahl weibliche	Milchleistung	Zellzahl	Fruchtbarkeit	Exterieur
Abondance	389	2769	54	51	40	51
Tarentaise	323	1569	52	48	34	49
Vosgienne	66	1171	54	45	33	49

Genomische Selektion mit Mehr-Rassen-Referenz war für Abondance tendenziell gut, mit Verbesserung der Sicherheit um rund 3%, während sie für Tarentaise und Vosgienne eher schädlich wirkte, Verringerung der Sicherheit um 1-3%).

Schweiz

In der Schweiz konzentriert sich die genomische Selektion bei kleinen Rassen vor allem auf die Rasse Original Braunvieh (OB). Rund 7000 Kühe dieser Rasse sind unter Milchleistungsprüfung. Eine frühe Implementierung der genomischen Selektion im Jahr 2009 war nicht erfolgreich, die Validierung der ersten Gruppe genomisch geprüfter Jungstiere zeigte Mängel auf.

Bei der später aufgenommenen erneuten Implementierung der genomischen Selektion bei dieser Rasse nutzt man Informationen der weit verbreiteten Rasse Brown Swiss (BSW). BSW entwickelte sich ja aus OB, allerdings erfolgte die Trennung schon vor sehr vielen Jahren und die Rassen divergierten. Dennoch ist BSW der ideale Kandidat für eine Mehr-Rassen (multi breed) genomische Selektion. In einem Testlauf wurden die Daten von 365 mit low density (19K), 8868 mit medium density (50K) und 1680 mit high density (777K) SNP Chips genotypisierten OB Tieren verwendet (Seefried et al, 2014). Vor der Auswertung wurden die low und medium density Daten auf high density hochgerechnet (imputiert). Verschiedene Referenzdatensätze mit männlichen und

weiblichen Tieren wurden erstellt, der Validierung erfolgte anhand von rund 100 OB-Tieren (78-120, je nach Merkmal). Die Ergebnisse waren nicht sehr konsistent, für manche Merkmale war eine Imputierung auf 50K besser als jene auf 777k. Die erwarteten Sicherheiten waren vergleichbar mit jenen in Frankreich (siehe **Table 1**) und genomische Selektion für OB wurde propagiert (Seefried et al, 2014). Ein Aspekt dieser Studie befasste sich mit der Verwendung von OBxBSW-Kreuzungstieren. Kühe mit mehr als 50% BSW waren nützlich für die genomische Zuchtwertschätzung von OB-Tieren. Andererseits war die Einbeziehung von Stieren mit >90% BSW eher schädlich.

Österreich

Die Routine der genomischen Selektion ist in der Österreichisch-Deutschen Fleckvieh-Population seit Dezember 2010 etabliert. Braunvieh (Brown Swiss) Tiere erhalten genomische Zuchtwerte im Rahmen der von Interbull gemanagten internationalen Kooperation Intergenomics.

Im Rahmen eines vom BMLFUW (jetzt BMNT) finanzierten Projekts zur genomischen Selektion bei den lokalen Rassen Pinzgauer und Tiroler Grauvieh wurde untersucht, ob genomische Selektion, entweder mit einer Referenzpopulation aus der eigenen Rasse oder mit einer gemischt-rassigen Referenzpopulation Erfolg versprechend ist. Jeweils rund 220 wichtige Stiere der beiden Rassen wurden genotypisiert, sehr viel mehr Genotypen standen für

die großen Rassen Fleckvieh und Braunvieh zur Verfügung. Genomische Selektion über Rassen hinweg mit Einbeziehung dieser Rassen war nicht erfolgreich. Die Schätzung der genomischen Zuchtwerte basierend auf der Referenz der jeweils sicher geschätzten 220 Stiere zeigte enge Korrelation zum Ahnenindex (Mészáros et al., 2015), weswegen eine Implementierung in dieser Form nicht empfohlen wurde.

Angesichts der stark sinkenden Preise für die SNP-Genotypisierung wäre es jedoch aktuell möglich, weibliche Tiere der lokalen Rassen routinemäßig zu genotypisieren und so eine Referenzpopulation mit ausreichender Größe zu generieren.

Schwarzenbacher and Fuerst (2018) führten für die österreichische Pinzgauer Rasse eine Simulation mit 7500 Kühen und 75 Stieren über 15 Generationen durch. Sie zeigten, dass Single-Step GBLUP deutlich bessere Zuchtfortschritte bringt als konventionelles BLUP mit Pedigree-Information. Der Unterschied hing auch von der Heritabilität eines Merkmals ab, die Überlegenheit des Zuchtfortschritts betrug für ein Merkmal mit einer Heritabilität von 0,40 rund 40%, wenn alle Kühe genotypisiert wurden. Die Kosten der Genotypisierung und die Verwendung von Stieren mit einer Sicherheit von 35-40% Sicherheit wurden als Nachteile eines solchen Systems präsentiert.

Diskussion

Im Zeitalter der Genomik ist die Nutzung genomischer Marker in den Zuchtprogrammen lokaler Rassen von großer Bedeutung, zum Management der genetischen Vielfalt der Rasse und für die Erhöhung des Zuchtfortschritts (Mészáros et al., 2015). Ein wesentliches Plus der genomischen Selektion bei kleinen Rassen ist, dass Zuchtstiere aus einer viel größeren

Palette von Selektionskandidaten ausgewählt werden können. Für jedes potentiell interessante Stierkalb können über Genotypisierung Zuchtwerte mit Sicherheiten von 35-40% ermittelt werden. Tiere können mit Genotyp-Information auch in das Diversitäts-Spektrum der Rasse eingeordnet werden und bei richtigem Management können so auch Lücken in der genetischen Vielfalt geschlossen werden.

Genomische Selektion ist für lokale Rassen auch wichtig, um die Leistungslücke zu den globalen Rassen nicht zu groß werden zu lassen. Genomische Selektion hat den Zuchtfortschritt der großen Rassen beschleunigt. Genomische Selektion in der kleinen Rasse ist nicht so effizient, aber besser als konventionelle Selektion mit Nachkommenprüfung (siehe **Abbildung 1** und die Studie von Schwarzenbacher und Fuerst, 2018)

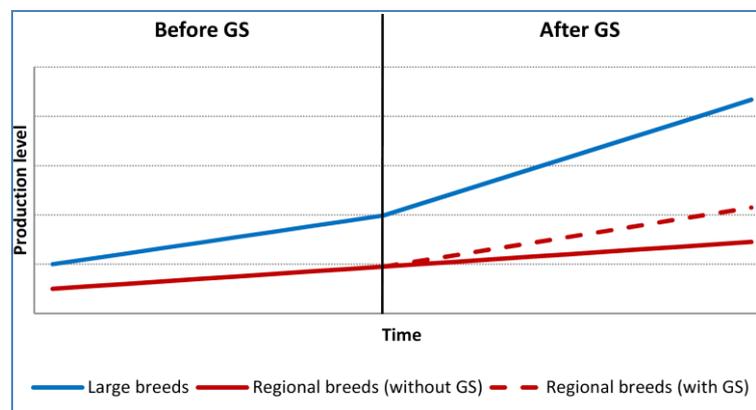


Abbildung 1: Langfristiger Effekt der genomischen Selektion in großen und regionalen Rassen (übernommen von Jónás, 2016)

Jónás (2016) listet folgende Strategien für die Implementierung der genomischen Selektion bei kleinen Rassen auf, die in Kombination Erfolg versprechend sein könnten:

- Erhöhung der Referenzpopulation: Genotypisierung aller weiblichen Tiere zur Verbesserung der Sicherheit der genomischen Zuchtwertschätzung

- Weitere Untersuchungen zur Verbesserung der Methoden der genomischen Zuchtwertschätzung über Rassen hinweg
- Nutzen von Informationen von großen Rassen: Wenn Kandidaten für kausative Mutationen bekannt werden, Überprüfung in der eigenen Rasse und Einbau in die genomische Zuchtwertschätzung.

Letztlich können auch die volle Genomsequenz und ein besseres Verständnis des Genoms, inklusive der Stoffwechselwege und Gen-Netzwerke einen Beitrag zur Verbesserung der genomischen Selektion leisten. Wie schnell das zu einer Verbesserung der genomischen Selektion für kleine Rassen führen wird, ist aktuell schwer abzuschätzen.

Genotypisierung von Kühen

Die Einbeziehung von Kuh-Genotypen ist aufgrund der Ergebnisse verschiedener Studien ein Schlüssel für die genomische Selektion in kleinen Rassen. Das zeigen die hier vorgestellten Ergebnisse aus den drei Ländern, aber es gibt viele ähnliche Studien, etwa zur Rasse Guernsey (Jenko et al., 2017). In manchen Ländern, etwa Frankreich, sind Landwirte bereit, für die Genotypisierung ihrer Kühe zu bezahlen. **Abbildung 2** zeigt die von Zuchtprogrammen und von Landwirten bezahlten Genotypisierungen im Jahr 2017, nach Rassen. Züchter bestellten und bezahlten mehr als 118.000 Genotypisierungen. Im Jahr 2018 gab es einen Anstieg um ~20% (V. Ducrocq, persönliche Mitteilung)

race	programmes de sélection ES				demandes d'éleveurs			Total par race
	mâles	femelles	embryons	total	mâles	femelles	total	
prim'holstein et pie-rouge	5791	7310	1091	14192	3	60991	60994	75186
montbéliarde	2104	9358	20	11482		41441	41441	52923
normande	1436	1662	120	3218		9158	9158	12376
brune	131	163		294		925	925	1219
abondance	197	131	0	328	0	1698	1698	2026
tarentaise	144	151		295		867	867	1162
simmental	90	468		558			0	558
vosgienne	43	506		549		471	471	1020
charolaise	2644	1241		3885	488	1266	1754	5639
blonde d'Aq.	859	587	214	1660	1282	331	1613	3273
limousine	322	41	12	375		0	0	439
parthenaise	783	28	0	811			0	811
autres	16	37	95	148	0	0	0	148
total	14560	21683	1552	37795	1773	117148	118921	156176

Source : Valogène 2018

Abbildung 2: Genotypisierte Tiere in Frankreich, nach Rasse.

Programmes de selection ES: Genotypisierung von der Zuchtorganisation bezahlt

Demandes éleveurs: Genotypisierung vom Züchter bestellt und bezahlt

Boichard et al. (2015) zeigen, dass je nach Sicherheit des Stier-Zuchtwerts und der Heritabilität eines Merkmals recht wenige Kuh-Genotypen einen Stier-Genotyp mit unterschiedlichen Sicherheiten aufwiegen (**Tabelle 2**). Für Merkmale mit niedriger Heritabilität sind viele Kuh-Genotypen erforderlich, um den Stier-Genotyp mit hoher Sicherheit zu ersetzen. Sehr hohe Stier-Sicherheiten bei niedriger Heritabilität sind jedoch bei kleinen Populationen tatsächlich nicht zu finden.

Tabelle 2: Anzahl weiblicher Tiere mit jeweils einem Phänotyp, welche die gleiche Information liefern wie ein Stier mit vorgegebener Sicherheit des Zuchtwerts (EBV), abhängig

ZW-Sicherheit Stier	Heritabilität				
	0.1	0.2	0.3	0.4	0.5
0.40	6.0	2.7	1.6	1.0	0.7
0.50	9.0	4.0	2.3	1.5	1.0
0.60	13.5	6.0	3.5	2.3	1.5
0.70	21.0	9.3	5.4	3.5	2.3
0.80	36.0	16.0	9.3	6.0	4.0
0.90	81.0	36.0	21.0	13.5	9.0

Schlussfolgerungen

Wie viele andere Autoren halten auch wir die Implementierung der genomischen Selektion auch für kleine Rassen für notwendig und nützlich. Aktuell ist die Genotypisierung der gesamten weiblichen Zuchtpopulation ein Erfolg versprechender Weg. Angesichts von Genotypisierungs-Kosten für 50k Chips von rund € 20 ist das unseres Erachtens für ein Zuchtprogramm auch leistbar. Die Genotyp-Information kann auch für das effektive Management von Erbfehlern genutzt werden.

Ob mit einem besseren Verständnis des Genoms und mehr Wissen über kausative Muta-

tionen genomische Selektion über Rassen hinweg betrieben werden kann, wird sie Zukunft weisen.

Literatur

- Boichard, D., Ducrocq, V., Fritz, S. (2015) Sustainable dairy cattle selection in the genomic era. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 132, 135-143.
- Hutchison, J.L., Cole, J. B., and Bickhart, D. M. (2014) Short communication: use of young bulls in the United States. *Journal of Dairy Science* 97, 3213–3220.
- Jenko, J., Wiggans, G.R., Cooper, T.A., Eaglen, S.A.E., Luff, W.G.de.L., Bichard, M., Pong-Wong, R., Woolliams, J.A. (2017) Cow genotyping strategies for genomic selection in a small dairy cattle population. *Journal of Dairy Science* 100, 439-452.
- Jónás, D. (2016) Evaluation of haplotype-based genomic selection methods with focus on their performances in a multi-breed context in dairy cattle. Doctoral thesis, 225 p.
- Jónás, D., Ducrocq, V., Fritz, S., Baur, A., Sanchez, M.-P., Croiseau, P. (2016) Genomic evaluation of regional dairy cattle breeds in single-breed and multibreed contexts *Journal of animal breeding and genetics*, 134, 3-13.
- Mészáros, G., Boison, S.A., Ferenčaković, Pérez O'Brien, A.M., Garcia, J.F. Utsunomiya, Y.T., da Silva, M.V.B., Curik, I., Sölkner, J. (2015) Genomic analysis for managing small and endangered populations: a case study in Tyrol Grey cattle. *Frontiers in Genetics*, 6:173.
- Sanchez, M-P., Jónás, D., Baur, A., Ducrocq, V., Hozé, C., Saintilan, R., Phocas, F., Fritz, S., Boichard, D., Crouseau, P. (2016) Implementation of genomic selection in three French regional dairy cattle breeds. 67th annual meeting of the European Federation of Animal Science. Belfast, Northern Ireland.
- Seefried, F., Gredler, B., Moll, J. (2014) Accuracy of DGVs for Original Braunvieh: across breed evaluation using phenotypes and genotypes of Original Braunvieh and Brown-Swiss cattle. 2014 Interbull Open Meeting Berlin, Germany
- Schwarzenbacher, H., Fuerst, C. (2018) Genomic Selection in Pinzgauer Cattle, 69th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, Dubrovnik, Croatia.

Zukunftsperspektiven der Rinderzucht vor dem Hintergrund neuer züchterischer Entwicklungen

Kay-Uwe Götz

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Tierzucht

1. Einleitung

Die Einführung der genomischen Selektion hat in den vergangenen 8 Jahren zu sehr unterschiedlichen Erfolgen in verschiedenen Rassen und/oder Regionen geführt. Dort, wo der Anteil genomischer Jungvererber nach wie vor auf einem niedrigen Niveau stagniert, müssen sich die verantwortlichen Wissenschaftler fragen, ob sie die Wirkungsmechanismen eines genomischen Zuchtprogramms wirklich erfolgreich kommuniziert haben. Dies wird sich durch den Aufbau von Kuhlernstichproben nicht grundsätzlich ändern. Auch bei einer Sicherheit der genomischen Zuchtwerte von über 70% besteht der Effekt eines genomischen Zuchtprogramms zum weit überwiegenden Teil aus der möglichen Verkürzung des Generationsintervalls. Es ist von überragender Bedeutung, dass es uns gelingt, den Rinderhaltern klarzumachen, dass eine hohe Sicherheit der Zuchtwertschätzung kein Garant für gute Nachkommen ist. In den folgenden Abschnitten gebe ich einen Ausblick darauf, was zukünftig möglich, wahrscheinlich oder absehbar ist. Das wird die bäuerliche Zucht vor große Herausforderungen stellen und sie neuer Konkurrenz „aus der Industrie“ aussetzen. Bäuerliche Zuchtprogramme haben beim Rind durchaus Chancen, mit mächtiger Konkurrenz mitzuhalten, aber dazu müssen auch die bäuerlichen Zuchtprogramme konsequent genetische Prinzipien nutzen, neue Technologien einführen und alte Zöpfe abschneiden.

2. Derzeitiger Stand der Genomik

Die Details der Entwicklung neuer genomischer Verfahren wurden bereits in den vorhergehenden Beiträgen geschildert. Ich will an dieser Stelle nur feststellen, dass die Einführung von Single-Step Modellen erheblich länger dauert, als ursprünglich geplant. Die Ursachen liegen unter anderem in fehlenden Ergebnissen aus der Grundlagenforschung, der nach Praktikeransicht unverzichtbaren Sicherheitsberechnung und der Bindung von Arbeitskapazitäten für die Akquise von Fördermitteln für Kuhlernstichproben.

Mit dem Anstoßen von Kuhlernstichprobenprojekten haben wir Zuchtwertschätzer uns selbst unter Druck gesetzt, denn alle Projekte versprechen die Verfügbarkeit von Zuchtwerten aus Modellen mit Kühen in der Lernstichprobe bis spätestens 2021. Geplant ist derzeit, im Jahr 2019 die Single-Step Zuchtwertschätzung für Exterieurmerkmale beim Fleckvieh einzuführen, es bleiben aber noch große Herausforderungen bestehen, wie z.B. die Einbeziehung von MACE-Zuchtwerten beim Braunvieh oder Single-Step in komplexen Modellen, wie Random Regression Testtagsmodellen mit Korrektur heterogener Varianzen, für die Milchleistungsmerkmale.

3. Gesellschaftliche und rechtliche Rahmenbedingungen

Rinderzüchter werden zukünftig noch mehr Rücksichten auf gesellschaftliche Befindlichkeiten nehmen müssen als in der Vergangen-

heit. Dabei werden sich die Ansprüche vermutlich auf drei Bereiche konzentrieren:

- die Reduktion der Nahrungsmittelkonkurrenz zwischen Mensch und Nutztier,
- die Produktionsweisen sowie
- die Zuchtzielsetzung und die eingesetzten Methoden.

Rücksichtnahme auf gesellschaftliche Anforderungen oder Zielvorstellungen ist zunächst einmal ein Kostenfaktor für die Rinderhalter. Langfristig kann sich dies aber zum Standortvorteil ausweiten, vorausgesetzt, es gibt eine verbindliche und aussagekräftige Kennzeichnung für gesellschaftlich erwünschte Haltungformen, Fütterungsverfahren und Produktionsweisen, die auch für Importware gilt.

Im Hinblick auf die **Nahrungsmittelkonkurrenz** zum Menschen sind Wiederkäuer zunächst einmal im Vorteil. Sojafreie Fütterungskonzepte für Wiederkäuer sind inzwischen praxisreif [1], aber nach wie vor enthalten Kraftfutter hohe Getreideanteile. Der Fokus sollte zukünftig stärker auf den Ersatz von Getreidekomponenten im Kraftfutter durch Nebenprodukte gelegt werden.

Gesellschaftliche Anforderungen im Hinblick auf die **Produktionsweisen** sind vielfältig. Sie beziehen sich auf die Haltungformen (Anbindestall vs. Laufstall), aber auch auf Themen wie konventionelle oder Bio-Produktion, Enthornung, horntragende Kühe, Auslauf/Weidegang, Silagefütterung oder die Notwendigkeit regelmäßiger Abkalbungen. Kennzeichnend ist, dass die Vielfalt der Anforderungen Jahr um Jahr größer wird, oftmals getrieben durch Trends in den sozialen Medien. Damit wird auch die Vielfalt der Erzeugungsweisen größer, was Abnehmer und

Erfassungssysteme vor neue Herausforderungen stellt.

Aber auch die Zuchtorganisationen sind durch die zunehmende Vielfalt der Produktionsweisen gefordert. Bereits häufiger wurde die Forderung nach einem ökologischen Rinderzuchtprogramm erhoben. Bislang ergibt eine solche Forderung wenig Sinn, weil die Korrelation zwischen dem konventionellen und dem ökologischen Gesamtzuchtwert sehr hoch ist [2] und sich im konventionellen Bullenangebot genügend Bullen mit einem guten ökologischen Profil finden lassen. Es ist aber zu erwarten, dass die ökologischen Produzenten in absehbarer Zeit mit dem genetischen Leistungspotenzial der KB-Bullen nicht mehr zufrieden sein werden. Da auch die Zahl der Biolandwirte immer weiter zunimmt, bietet sich in einigen Jahren vermutlich die Möglichkeit, ein eigenes genomisch-ökologisches Zuchtprogramm zu etablieren (vergl. Abschnitt 5). Für die Züchtervereinigungen stellt sich die Frage, wie sie damit umgehen sollen. Einerseits ist eine Unterteilung der Population im Hinblick auf den Zuchtfortschritt von Nachteil, andererseits werden konventionelle und ökologische Produktionsweisen immer weiter konvergieren. Es wäre daher taktisch unklug, ökologische Rinderzuchtprogramme einer eigenen (neuen) Organisation zu überlassen.

Diese Überlegungen betreffen auch die strategischen Entscheidungen im Hinblick auf die eingesetzten **züchterischen Methoden**. Die mitteleuropäischen Gesellschaften lehnen gezielte Eingriffe in das Genom von Nutztieren mehrheitlich ab, gleiches gilt für die Öko-Organisationen. Insofern wäre es unklug, Zuchtprogramme basierend auf der Nutzung von sog. neuen Züchtungstechniken (CRISPR/Cas etc.) zu planen. Die Entscheidung wäre einfach, gäbe es keine internationalen

Märkte. Sowohl die deutsche, als auch die österreichische Rinderzucht sind jedoch erfolgreiche Exportnationen und sind auf die dortige Wertschöpfung angewiesen.

Moderne **Zuchtziele** in der Rinderzucht sind der Gesellschaft nur schwer vermittelbar. Auch viele Landwirte sind von der Komplexität der Überlegungen, die hinter einem modernen Gesamtzuchtwert stehen, überfordert. Eine erfolgreiche Zuchtarbeit erfordert aber Akzeptanz der gemeinsamen Ziele durch alle Züchter. Insofern ist es eine dringende Aufgabe der Zuchtverantwortlichen, eine Kommunikationsstrategie zu entwickeln, die die ausgewogenen Zuchtziele von Fleckvieh und Braunvieh in verständlicher Form der Züchtermgemeinschaft und der Öffentlichkeit erklärt.

Es ist eine Tatsache, dass die biologischen Gesetzmäßigkeiten und die **rechtlichen Rahmenbedingungen** in der EU die größten Populationen massiv bevorzugen. Kleinere Populationen werden dagegen immer mal wieder in Situationen kommen, in denen sie aus eigener Kraft die Wettbewerbsfähigkeit nicht mehr erlangen können. In der jüngeren Vergangenheit wurden sowohl das Braunvieh, als auch das Fleckvieh durch Genimporte vor dem Bedeutungsverlust gerettet. Es ist nur wenigen bewusst, dass dies unter dem gegenwärtigen EU-Tierzucht recht so nicht mehr möglich wäre. Populationen mit mehr als einer Million Kühen können bei wissenschaftlich fundierter Zuchtarbeit nahezu jedes Zuchtziel erreichen, aber nicht in beliebig kurzer Zeit. Populationen mit weniger als 100.000 Kühen haben langfristig keine Chance, ohne züchterische Anleihen bei anderen Populationen zu überleben.

Es ist daher an der Zeit, sich vom überholten und wissenschaftlich nicht definierbaren Ras-

sebegriff zu trennen und die verschiedenen Zuchtpopulationen zu länderübergreifenden Marken zu entwickeln. Das erfordert eine Änderung des EU-Tierzucht rechts, die aber früher oder später ohnehin angegangen werden muss. Wenn man im Zeitalter von CRISPR/Cas jederzeit in der Lage ist, eine schwarz-weiß gefleckte Fleckviehkuh mit lupenreinem Fünf-Generationen-Pedigree zu erzeugen und diese in das Zuchtbuch eintragen *muss*, dann stimmen Tierzucht recht und züchterische Realität nicht mehr überein. Die internationale Holsteinzucht profitiert stark von diesen Regeln und wird sicherlich nicht die Initiative ergreifen. Daher müssen sich die alpinen Rassen bzw. die verantwortlichen Ministerien formieren, um ein moderneres Tierzucht recht in Europa zu etablieren.

4. Züchtungsmethodik

Die verfügbaren Methoden sind das Werkzeug des Tierzüchters und bestimmen, welche Merkmale überhaupt züchterisch bearbeitet werden können und wie effizient dies geschieht.

4.1 ZWS-Methoden

Nach wie vor ist Zuchtwertschätzung beim Rind für große Populationen eine Herausforderung an die technische Ausstattung. Während beim Schwein bereits im Jahr 2016 eine multivariate, genomische Single-Step Zuchtwertschätzung mit 20 Merkmalen eingeführt wurde [3], ist bis heute keines der großen Rinderzucht länder in der Lage, auch nur Milch, Fett und Eiweiß zusammen in einer multivariaten konventionellen Zuchtwertschätzung zu verarbeiten.

Rechentechnische Herausforderungen sind auch einer der Gründe dafür, dass echte Single-Step Anwendungen bisher noch nicht in größerem Umfang in die Praxis umgesetzt

wurden. Mit der Zunahme von Kuh-Lernstichproben und der um sich greifenden Typisierung auch in normalen Herden müssen diese Probleme aber über kurz oder lang gelöst werden.

Kühe in der Lernstichprobe versprechen auch für mittelgroße Populationen die Möglichkeit, ansprechende Sicherheiten der genomischen Zuchtwertschätzung zu erreichen und damit die Wettbewerbsfähigkeit in Sachen Zuchtfortschritt zu verbessern. Für die ganz kleinen Populationen ist aber nach wie vor keine Beteiligung an den Zuchtmethoden des 21. Jahrhunderts in Sicht.

Zunehmend werden wir uns auch daran gewöhnen müssen, dass die modernen Methoden nicht mehr jedem uneingeschränkt zur Verfügung stehen. Bereits kurz nach der Einführung des Testtagsmodells gab es eine Auseinandersetzung um das sog. „Cornell-Patent“ und derzeit diskutiert man über ein Patent auf Imputing [4], das für praktisch alle genomischen Zuchtwertschätzungen relevant ist.

4.2 Genetik und Genomik

Genomik wird innerhalb der nächsten Dekade zur Massentechnologie werden. Bereits heute umfasst die US-amerikanische Zuchtwertschätzung für Holsteins mehr als 2 Millionen Genotypen [5]. Derzeit ist die Nutzung der Technologie noch auf Zuchtbetriebe beschränkt, aber schon in wenigen Jahren wird man Genotypisierungen auch in der Produktionsstufe einsetzen. Mit Hilfe von Big Data und Landwirtschaft 4.0 werden wir zahllose Eigenschaften an Tieren erkennen und diese bestimmten Individuen zuordnen können.

Um diese Informationen auch genetisch interpretieren zu können, benötigt man entweder Abstammungsaufzeichnungen oder Genotypen. Abstammungsaufzeichnungen sind seit

Jahren auf dem absteigenden Ast, u.a. durch Eigenbestandsbesamer, Natursprung und größere Herden. Insofern wird man über kurz oder lang komplett auf Pedigrees verzichten und die Zucht nur noch mit Hilfe der genomischen Informationen und daraus abgeleiteter Verwandtschaftsbeziehungen durchführen.

Wenn alle Tiere genotypisiert werden, wird das Leben für den Landwirt einfacher, weil er dann keine Abstammungsaufzeichnungen mehr führen muss, keine Besamungsmeldungen machen und darüberhinaus seine Jungtiere selektieren kann. Besamungsstationen könnten in einer solchen Situation die ansonsten unpraktikablen Bullenpakete bereits in der Station durch die Mischung des Samens von 5-6 verschiedenen Bullen erreichen und damit auch die Non-Return Raten verbessern.

In der Produktion kann der Genotyp zur Bestimmung der optimalen Aufzuchtintensität, des optimalen Erstbelegungsalters und der Auswahl eines passenden Kalbinnenbullens verwendet werden. Ebenso wie in der personalisierten Medizin beim Menschen könnten spezielle Anforderungen auf Grund besonderer genetischer Veranlagungen bereits von vornherein in der Aufzucht berücksichtigt werden.

Als größter Vorteil wird sich aber erweisen, dass sich die Genotypisierungskosten für Kuh-Lernstichproben damit bis auf nahezu Null reduzieren lassen und dennoch sehr viele Töchter pro Bulle in die Lernstichprobe eingehen. Das wird uns hohe Sicherheit der genomischen Zuchtwerte, geringe Verzerrungen und damit eine hohe Akzeptanz von Jungvererbern bringen. Es wird aber auch dazu führen, dass zahlreiche Besamungsorganisationen ihr Geschäftsmodell radikal überdenken müssen.

4.3 Leistungsprüfungen

Leistungsprüfungen sind sicherlich das derzeit interessanteste Gebiet, wenn es um zukünftige züchterische Profilbildung geht. Die drei Hauptrichtungen für neue Entwicklungen sind

- Gesundheit inkl. Klauengesundheit,
- Effizienz und Umweltwirkungen sowie
- Verhalten.

Allen drei Richtungen ist gemein, dass eine flächendeckende Leistungsprüfung nicht möglich ist. Auch aus diesem Grund wurden Kuhlernstichproben-Konzepte entwickelt, die mit einem Bruchteil der Population die Möglichkeit schaffen, allen Zuchttieren genomische Zuchtwerte in solchen innovativen Merkmalen zu verschaffen.

Derzeit laufen in allen Hauptrassen Projekte, mit denen Kuhlernstichproben etabliert werden und in denen neue Leistungsmerkmale erfasst werden, wobei der Finanzierungsanteil der an der Zucht beteiligten Organisationen erheblich ist. Diese Projekte werden bei Erfolg früher oder später in Routinesysteme überführt werden müssen, was neue Folgen für die Organisation der Zuchtprogramme haben wird.

Zum einen bieten Leistungsprüfungen die Möglichkeit, sich von anderen Rassen oder Zuchtorganisationen abzugrenzen. Damit stellt sich aber automatisch auch die Frage nach der Ausgrenzung von Organisationen, die sich nicht an neuen Leistungsprüfungen bzw. den damit verbundenen Kosten beteiligen. Eine solche Ausgrenzung ist zum einen technisch schwierig, weil es Verflechtungen zwischen den Organisationen gibt und zum anderen kann sie rechtlich problematisch sein, wenn eine bestimmte Organisation anfangs mitfinanziert hat und später wieder

aussteigt bzw. nicht alle Innovationen mitgeht. Es ist nicht zu erwarten, dass in einem komplizierten ZWS-Verbund, wie der internationalen Fleckvieh-ZWS auf alle Zeiten alle beteiligten Zuchtverbände alle Entwicklungen mitmachen. Es müssen demnach Konzepte entwickelt werden, wie man mit diesen Methoden umgeht.

Zum anderen stellt sich die Frage, wie die Zuchtorganisationen mit ihren knappen Ressourcen umgehen. Leistungsprüfungen sind in allen Zuchtprogrammen das weitaus teuerste Element. Es ist demnach zu hinterfragen, ob die überkommenen Konzepte auch unter den Bedingungen eines genomischen Zuchtprogramms im 21. Jahrhundert noch tragfähig sind. Einerseits streben wir mit genomischen Zuchtprogrammen ein extrem kurzes Generationsintervall an, andererseits werden Jungvererber nicht gekauft, weil die absolute Leistung der Mutter nicht irgendwelchen abstrakten Mindestanforderungen genügt. Das passt so nicht zusammen!

Es gibt eigentlich keinen Grund mehr für eine flächendeckende Leistungsprüfung und früher oder später wird das auch der Gesetzgeber einsehen und die Förderung reduzieren. Umgekehrt gibt es gesellschaftlich relevante Merkmale, deren Erfassung für Milchviehhalter und ihre Organisationen vollkommen unwirtschaftlich ist, beispielsweise Methanausstoß, Futteraufnahme oder Carbon Footprints. Hier wäre eine staatliche Förderung der Leistungsprüfung im gesellschaftlichen Interesse und äußerst hilfreich.

Wie klein ein solches System eigentlich sein könnte, kann man mit einfachen Modellrechnungen ermitteln. Wenn beispielsweise in Bayern jährlich 300 neue Bullen eingestellt werden und jeder von ihnen mit 50 genotypisierten aus 100 erzeugten Töchtern geprüft

werden soll, dann ergeben sich bei 70% GJV-Anteil in den Testherden ein Umfang von 2 Kühen pro weiblichem Kalb $\times 100$ weibliche Kälber / 0,7 = 285 Kühen pro Bulle und damit rund 85.000 Kühe in leistungsgeprüften Herden. Das entspricht ca. 10% des derzeitigen Umfangs. Solche Testherdensysteme wurden bereits vor fünfzehn Jahren von Swalve und König [6] beschrieben und deren Vorteile aufgezeigt.

Wenn die Leistungsprüfung aus züchterischen Motiven zukünftig deutlich geringer ausfallen kann, kann damit auch das allgemeine Dilemma der Leistungsprüfungen überwunden werden. Die Leistungsprüfungen stammen aus einer Zeit, in der die Erhebung der Leistungen ein Aufwand war, den der Betrieb auf Grund fehlender Ausstattung und qualifizierten Personals nicht leisten konnte. Folglich war er bereit, für diese Dienstleistung zu bezahlen. Bereits seit vielen Jahren kehrt sich der Trend aber deutlich um: die Betriebe führen die Leistungsprüfung zunehmend selbst durch, zu einem erheblichen Teil bereits mit automatisierten Systemen. Demzufolge werden sie in der Zukunft nicht mehr dazu bereit sein, für die Leistungsprüfung zu bezahlen. Vielmehr wird die Zuchtorganisation, für die Bereitstellung der Daten, die sie dringend benötigt, zahlen müssen, wie wir es bei den Fleischleistungsdaten bereits seit Langem tun.

Dies kann sich durchaus zu einer Win-Win Situation entwickeln, denn die Zuchtorganisationen sind an einer kleinen und effizienten Leistungsprüfung interessiert und die Leistungsprüfungsorganisationen finden ein neues Geschäftsmodell unter dem Dach der Zuchtorganisationen. Es ist absolut nicht erstrebenswert, dass sich solche Systeme kleinteilig innerhalb eines Landes entwickeln. Vielmehr ist anzustreben, dass es pro Land (Bundes-

land?) nur eine Organisation gibt, damit die Kooperation innerhalb der Zuchtwertschätzpopulation nicht noch komplizierter wird (vergl. Abschnitt 5).

4.4 Digitalisierung und Big Data

Die beiden Schlagwörter der 10er-Jahre dieses Jahrhunderts versprechen dem Tierzüchter eine schöne neue Welt. Landwirtschaft 4.0 bedeutet, dass im operativen Bereich Geräte bzw. Algorithmen alles können, was der Landwirt selbst tun kann. Wenn der Landwirt ein Tier erkennt, kann das Gerät das auch bei Dunkelheit. Wenn der Landwirt eine Tiernummer abliest, kann das Gerät es mit weniger Fehlern. Wenn der Landwirt ein Tier beurteilt, kann es das Gerät objektiver und auch mehrmals täglich.

Damit werden viele Dinge möglich, die wir bisher für nicht realisierbar gehalten haben. Beispielsweise kann man Futteraufnahme auch in Praxisbetrieben messen [7], Tierverhalten mit 3D-Kameras erfassen und die Entwicklung des BCS mit optischen Methoden verfolgen. Entscheidend ist dabei, dass nicht nur die Merkmale erfasst werden, sondern dass auch jedes einzelne Tier automatisch und zuverlässig identifiziert wird.

Verhaltensmerkmale werden somit voraussichtlich einer der ersten intensiv genutzten Bereiche sein, bei denen Ethologen, Haltungstechniker und Genetiker zusammenarbeiten, um Verbesserungen des Tierwohls herbeizuführen. Die Technik kann aber natürlich auch noch in vielen anderen Bereichen züchterisch genutzt werden, die Erkennung von Krankheiten ist hier nur ein weiteres Beispiel. Eine Schlüsseltechnologie ist dabei die automatische optische Tiererkennung, weil sie die Voraussetzung für viele weitere automatisierte Erfassungen ist. Für die kameragestützte Tier-

erkennung bei Rindern gibt es bereits erste erfolgreiche Ansätze (z.B. [8]).

4.5 Biotechnik

Im biotechnischen Bereich hat es in den vergangenen 10 Jahren keine züchterisch relevanten Durchbrüche gegeben. Die Genotypisierung von Embryonen ist derzeit zwar möglich, wird aber nicht im großen Umfang umgesetzt, weil die organisatorischen Voraussetzungen suboptimal sind und der Erfolg noch nicht sicher genug.

Die Bestrebungen der Biotechnik sollten zukünftig stark auf die Nutzung möglichst junger Tiere in der Zucht ausgerichtet werden. Dies ermöglicht in Verbindung mit der Genomik eine noch stärkere Verkürzung des Generationsintervalls und damit mehr Zuchtfortschritt.

Beim Sexing wurden große Fortschritte gemacht, wodurch die Methode preiswerter und sicherer wurde. Auch hier fehlt aber noch der entscheidende Durchbruch zur Massentechnologie. Das Potenzial dafür wäre durchaus vorhanden, denn mit konsequentem und gezieltem Einsatz von männlich und weiblich gesexten Sperma könnte man eine Rasse wie das Braunvieh deutlich wettbewerbsfähiger machen. Wenn alle züchterisch leistungsfähigen Betriebe nur noch weibliche Nachzucht erzeugen und alle nicht an der Zucht Interessierten nur noch männliche (Kreuzungs-)Kälber, würde die Wettbewerbsfähigkeit erhöht und gleichzeitig der Zuchtfortschritt gesteigert. Aber auch das Fleckvieh könnte vom Sexing profitieren und wenn es auch nur durch die Halbierung des Umfangs der leistungsgeprüften Population ist (vergl. Abschnitt 4.3).

Unklar ist, ob die Besamungszuchtprogramme auf lange Sicht fortgeführt werden. Britt et al.

[9] prognostizieren, dass in Zukunft anstelle der KB nur noch Embryonen übertragen werden. Das würde sicherlich eine gezieltere Steuerung der Remontierung und der Produktion von Masttieren ermöglichen. Wenn Gene Editing Eingang in die Praxis fände, wäre es sicherlich ein Ziel internationaler Unternehmen, die Produktionstiere steril zu machen, um sich auf diese Weise den Embryonenabsatz zu sichern. Bei bäuerlichen Zuchtorganisationen ist das eher unwahrscheinlich.

4.6 Epigenetik

Epigenetische Prozesse spielen bei der Steuerung verschiedener physiologischer Prozesse und Lebensphasen eine wichtige Rolle, aber die Ergründung der genauen Mechanismen ist derzeit noch eine große Herausforderung. Epigenetik umfasst heute ein breiteres Spektrum als noch vor einigen Jahren, als man sich hauptsächlich auf die DNA-Methylierung fokussierte. Wir wissen heute, dass hierzu auch Effekte wie der Transfer von RNA zwischen Zellen und Genregulation durch nicht translatierte RNA gehören [10]. Problematisch dabei ist vor allem, dass zwischen einem ursächlichen Ereignis und dem Eintreten einer Wirkung sehr lange Zeiträume liegen können. Das verlangt nach sehr großen und sehr langfristigen Experimenten, die mit unseren heutigen Einrichtungen und Konzepten nicht immer leicht durchführbar sein werden, besonders, wenn sich die Effekte erst in der nächsten Generation zeigen [11].

5. Organisatorische Fragen

Es ist keinesfalls unumstritten, ob es in einigen Dekaden noch bäuerliche Zuchtorganisationen geben wird [12]. Die historische Erfahrung der Tierarten Huhn und Schwein zeigt, dass eine Tierzucht ohne staatliche Unterstützung bei Vorhandensein der entsprechenden

Reproduktionskapazität zur Monopolisierung führt. Beim Rind, insbesondere bei der Rasse Fleckvieh, sind die Chancen, eine bäuerliche Zucht langfristig zu erhalten, noch sehr gut. Allerdings sind auch hier Reformen notwendig, denn auf der organisatorischen Ebene stellt die Technisierung und Digitalisierung der Landwirtschaft jahrzehntelang bewährte Geschäftsmodelle in Frage.

Bayern und Österreich sind nach wie vor durch eine Vielzahl bäuerlicher Zucht- und Besamungsorganisationen charakterisiert. Diese sind überwiegend wirtschaftlich erfolgreich, was aber oftmals auch auf Erträgen aus geschickten Investitionen vergangener Gewinne basiert. Zucht und Besamung arbeiten in internationalen Verbänden auf der Ebene der Zuchtwertschätzung, aber auch des Samenvertriebs.

Während die Tierzucht in der Vergangenheit durch die Notwendigkeit einer großen Prüfpopulation und einer organisierten Leistungsprüfung quasi ein bäuerliches Monopol besaß, ermöglichen die modernen genomischen Methoden es heute, eine belastbare genomische Lernstichprobe aus einigen zehntausend genotypisierten und leistungsgeprüften Kühen pro Jahr aufzubauen (vergl. Abschnitt 4.3). Damit ist eine Zucht in kleineren Einheiten ohne Zugang zu einer flächendeckenden Prüfpopulation vorstellbar. Global gesehen sind einige Unternehmen bereits in dieser Richtung aktiv, andere nehmen einzelne Herden unter Vertrag, um dort gezielt Bullen für die KB zu züchten. Der Fall Zoetis in den USA [13] zeigt, dass auch Branchenfremde in kurzer Zeit relevante Zuchtwertschätzverfahren aufbauen und damit den bäuerlichen Züchtervereinigungen das Leben schwermachen können. Es ist derzeit strategisch nicht ganz klar, ob man mit diesen Organisationen bes-

ser kooperieren oder auf Abgrenzung setzen sollte. Segelke [14] schlägt vor, dass Zuchtverbände auf dem Gebiet der Pharmakogenetik mit Pharmakonzernen zusammenarbeiten sollten.

Hinzu kommt, dass auch die bäuerlichen Organisationen nicht mehr so offen zusammenarbeiten wie noch vor einigen Jahren. Während es bei Schweinen schon länger deutliche Restriktionen im Zuchttieraustausch gibt, war bislang bei Rindern noch ein sehr offener Umgang üblich. Das hat sich in den letzten Jahren aber ebenfalls geändert. Mittlerweile gibt es einige Unternehmen im Holstein-Bereich, die ihre besten Bullen zunächst exklusiv für ihre eigenen Bullenmütter verwenden und sie erst nach einer Karenzzeit den übrigen Züchtern zugänglich machen. Sexing Technologies bringt von manchen Spitzenvererbern nur noch weiblich gesextes Sperma auf den Markt [15].

Im Hinblick auf die Integration der an der Zucht Beteiligten sind die Verhältnisse in den verschiedenen Regionen sehr unterschiedlich. In Baden-Württemberg bilden Zucht und Besamung seit langer Zeit eine Einheit, während das LKV relativ autonom operiert. In Bayern arbeiten Zuchtverbände und LKV relativ eng zusammen, dagegen gibt es nur sehr wenig Kooperation zwischen Zucht und KB. Österreich hat zwar formell keine Integration von Zucht und Besamung, dafür aber eine enge Zusammenarbeit und auch häufiger Personalunion.

Noch weiter geht derzeit die Integration in manchen Holsteinverbänden. So hat Qnetics mit seiner Gründung im Sommer 2017 die Integration von Zucht, Besamung und Leistungsprüfung zumindest teilweise vollzogen und damit in der Holsteinwelt neue Impulse gesetzt. Eine solche Entwicklung zeigt eine

gewisse Logik, weil sich mit dem Aufbau von Kuhlernstichproben auch die Leistungsprüfungen stärker differenzieren. Wenn eine Zuchtorganisation also Mitbewerber ausgrenzen will, muss sie sie auch von den Leistungsprüfungen ausschließen. Auf diese Weise kann man sich im Wettbewerb Alleinstellungsmerkmale schaffen. Dies gilt natürlich auch im Hinblick auf die Zuchtwertschätzung, wobei hierbei zu beachten ist, dass bei unterschiedlichen und somit nicht vergleichbaren Zuchtwertschätzungen der Vorteil der eigenen Merkmale schnell durch den Nachteil der eingeschränkten Selektion in den Hauptmerkmalen oder zu kleine Lernstichproben aufgezehrt wird. Dennoch werden wir in der Zukunft vermutlich erleben, dass nicht mehr alle in einer Rasse vertretenen Zuchtverbände über dasselbe Portfolio an Zuchtwerten verfügen werden. Dies wird auch Auswirkungen auf die gemeinsame Zuchtzielsetzung haben.

Literaturverzeichnis

- [1] Ettle, T.; Obermaier, A.; Aichner, V.; Spiekers, H.; Windisch, W. (2013) Untersuchungen zum Austausch von Soja- durch Rapsextraktionsschrot beim Milchvieh. Forum angewandte Forschung 09./10.04.2013
- [2] Krogmeier, D. (2009) Der ökologische Gesamtzuchtwert für Kühe. In: Wiesinger K & Cais K (Hrsg.): Angewandte Forschung und Beratung für den ökologischen Landbau in Bayern. Ökolandbautag 2009, Tagungsband. – Schriftenreihe der Lfl 7, 27-33
- [3] https://www.lfl.bayern.de/mam/cms07/itz/dateien/schwein_genomische_zuchtwerte_jetzt_offiziell_mai2016.pdf
- [4] N.N. EP 07 855 371.6 Artificial selection method and reagents
- [5] te Plate-Church, A.; Bentley, C. (2017) Two million genotypes in U.S. dairy database <https://queries.uscdcb.com/News/CDCB%20AGIL%20Two%20Million%20Genotype%20Mark.pdf>
- [6] König, S.; Swalve, H. (2007) Testherden in Zuchtprogrammen für Milchrinder. 1. Mitteilung: Allgemeine Überlegungen. Züchtungskunde 79: 249-262
- [7] Vision Systems (2016) 3D camera monitors cow feed intake. <https://www.vision-systems.com/articles/print/volume-21/issue-2/departments/technology-trends/3d-imaging-3d-camera-monitors-cow-feed-intake.html>
- [8] Journaux, L. (2018) Morpho 3D: a new device to register and analyze 3D shapes of animals. <http://www.icar.org/Documents/Auckland-2018/1000%20Mr%20Laurent%20Journaux.pdf>
- [9] Britt, J.H.; Cushman, R.A.; Dechow, C.D.; Dobson, H.; Humblot, P.; Hutjens, M.F.; Jones, G.A.; Ruegg, P.S.; Sheldon, I.M.; Stevenson, J.S. (2018) Learning from the future - A vision for dairy farms and cows in 2067. J Dairy Sci 101: 3722-3741
- [10] Yang, Y.; Yang, C.R.; Han, S.J.; Daldello, E.M.; Cho, A.; Martins, J.P.S.; Xia, G.; Conti, M. (2017) Maternal mRNAs with distinct 3' UTRs define the temporal pattern of *Ccnb1* synthesis during mouse oocyte meiotic maturation. Genes Dev. 31: 1302-1307
- [11] Mossa, F.; Carter, F.; Walsh, S.W.; Kenny, D.A.; Smith, G.W.; Ireland, J.L.H.; Hildebrandt, T.B.; Lonergan, P.; Ireland, J.J.; Evans, A.C. (2013) Maternal undernutrition in cows impairs ovarian and cardiovascular systems in their offspring. Biol. Reprod. 88: 92
- [12] Götz, K.-U. (2016) Ist die bäuerliche Zucht noch gut aufgestellt? ZAR Seminar 2016 - Neue Zuchtziele in der Rinderzucht, S. 57 - 64, Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter, Wien, Österreich
- [13] Zoetis (2016) The drive to do better is in our DNA - Clarifide. <https://www.zoetisus.com/animal-genetics/dairy/clarifide/clarifide.aspx>
- [14] Segelke, D. (2019, pers. Mitteilung) Vortrag beim FBF-Workshop am 5. und 6.2.19 in Kassel
- [15] Wesseldijk, B. (2015) Immer mehr Topbullen nicht mehr frei erhältlich. Holstein International 11/2015

Veranstalter:

RINDERZUCHT AUSTRIA

Organisiert in Zusammenarbeit mit:

ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH
Dresdner Straße 89/19, A-1200 Wien

Institut für Nutztierwissenschaften
Universität für Bodenkultur
Gregor Mendel Straße 33, A-1180 Wien



Gefördert aus Mitteln des BMNT:

 **Bundesministerium**
Nachhaltigkeit und Tourismus

Medieninhaber und Herausgeber:

Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR)
Dresdner Straße 89/19, 1200 Wien

Für den Inhalt verantwortlich:

Die jeweiligen AutorInnen

Layout:

DI Lukas Kalcher, ZAR

Redaktion:

DI Lukas Kalcher, ZAR

FAIR

1000



Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter - ZAR
ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH
Dresdner Straße 89/19, 1200 Wien
+43 1 334 17 21 11