

**ZuchtData**  
ZUCHTSTATIONEN IN DEN ZÄHLN

# Genomische Selektion auf Eutergesundheit

SEMINAR DES AUSSCHUSS FÜR GENETIK DER  
ZENTRALEN ARBEITSGEMEINSCHAFT ÖSTERREICHISCHER  
RINDERZÜCHTER

**Hermann Schwarzenbacher**  
Salzburg, am 10. 03. 2011

## Inhalt

- ❖ Marker gestützte- und Genomische Selektion
- ❖ GS für Milchzellzahl
- ❖ Zuchtwerte für Einzelchromosomen
- ❖ Hauptgene für Milchzellzahl und Mastitisresistenz
- ❖ Ausblick & Zusammenfassung

## historische Entwicklung

- ❖ Modell der Merkmalsausprägung

$$P = G + U$$

↑  
ZWS

- ❖ viele Gene spielen eine Rolle → polygen

- ❖ infinitesimales Modell

- unendlich viele Gene mit unbedeutenden Einzelwirkungen
- Basis der ZWS

## historische Entwicklung

- ❖ Marker gestützte Selektion (MAS)

- erste wiss. Arbeiten aus 70er und 80er Jahren (Smith, 1967, Soller u. Beckmann, 1983)
- es gibt Gene mit großen Einzelwirkungen

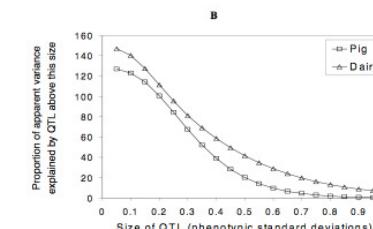
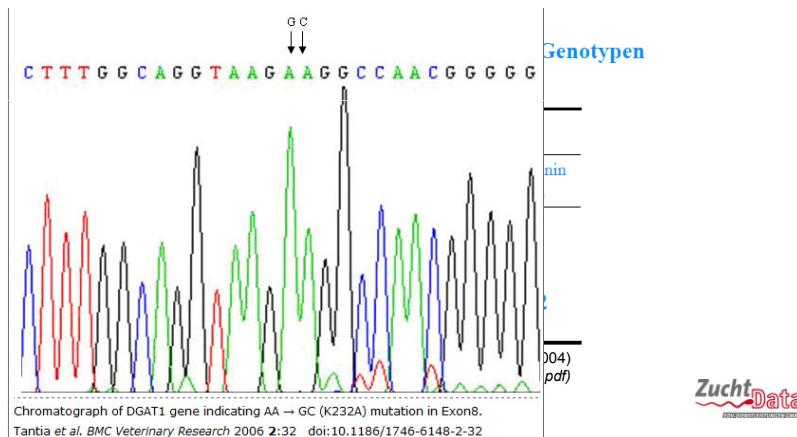


Figure 3. Variance contributed by the QTL above a specified size, (A) estimated proportion of variance when size of QTL is size of the true QTL effect, and (B) variance which would be observed when size of QTL effect is size of the observed effect.  
Hayes and Goddard (2001)

# Quantitative Trait Locus

- ❖ DGAT1 am Rinderchromosom 14  
(*Diacylglycerol O-Acyltransferase*)



viele QTL bereits entdeckt...

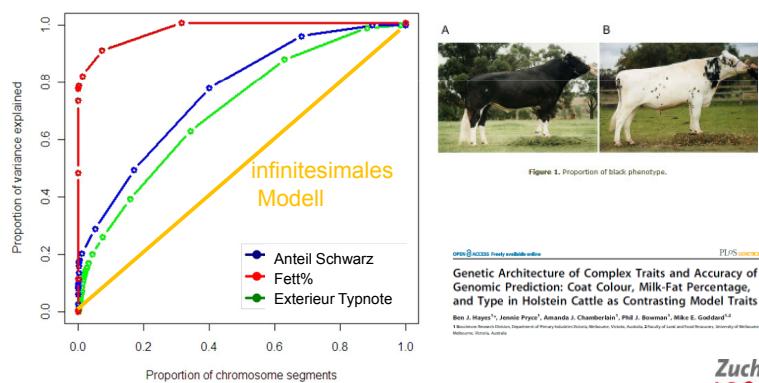
- ❖ QTLdb: ([www.animalgenome.org](http://www.animalgenome.org), Stand 10-03-11)
- ❖ Rind: 4.682 QTL bei 376 Merkmalen

Top 20 Traits in Terms of Number of QTLs Reported	
Traits	Number of QTL
Milk protein percentage	189
Milk yield	168
Residual feed intake	159
Carcass weight	119
Body weight (birth)	102
Somatic cell score	98
Milk fat yield	96
Milk protein yield	96
Milk protein yield (EBV)	85
Milk fat percentage	82
Marbling score (EBV)	74
Marbling score	70
Fat thickness at the 12th rib	65
Ribeye area	62
Body weight (yearling)	60
Feed conversion ratio	60
Body weight (weaning)	59
Milk protein yield (daughter deviation)	58
Dry matter intake	54
Body weight (mature)	52

Zucht Data

# Quantitative Trait Locus

- ❖ genetische Architektur  
merkmalsabhängig...



# Markergestützte Selektion(MAS)

- ❖ Es gibt wichtige Gene!
  - über Markierungen im Genom (**Marker**) wird die Vererbung dieser QTL verfolgt
  - Auswahl der Tiere mit günstigen Markervarianten
    - z.B.: Vollbrüder (ZW identisch)  
→ Auswahl des Tieres mit der günstigen Allelvariante für das QTL
- ❖ MAS war insgesamt wenig erfolgreich
  - Ausnahme: **Erbfehler**, rezessive Letalfaktoren

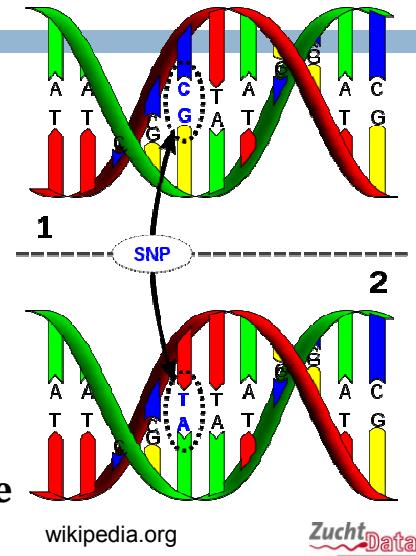
Zucht Data

## SNP Marker

- ❖ Punktmutation
- ❖ häufigste genetische Varianten im Genom (90%)

- ❖ kostengünstig im Hochdurchsatz zu bestimmen

DNA-Chip Technologie



## DNA Chips

- ❖ Hochdurchsatzgenotypisierung
  - 3.000, **54.000** bzw. 778.000 SNP / Tier
- ❖ extrem zuverlässig (>99,9%)



- ❖ relativ niedrige Kosten
  - ~100€ (Einkauf + Typisierung, 50K)
- ❖ Firmen
  - Illumina / Affymetrix

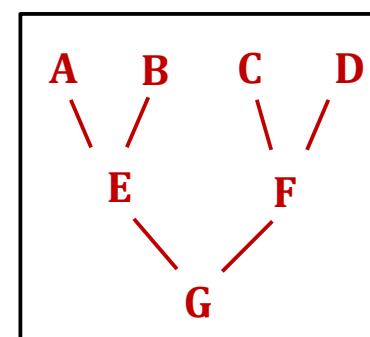


## genom. ZWS: Verfahren

- ❖ große Anzahl von geprüften Stieren mit genaueren Zuchtwerten aus NKP
  - Effekte sämtlicher Marker gleichzeitig geschätzt
    - einzelner Marker ist relativ unbedeutend
  - Schätzformel für alle Merkmale in der ZWS abgeleitet
- ❖ vergleichbar mit konventioneller ZWS mit genauer, von Markerinformation abgeleiteter Verwandtschaft



## genom. ZWS: Verfahren



### genomische ZWS

1			0,51	0,27
	1		0,50	0,26
		1	0,51	0,20
			0,52	0,28
			1	0,53
			1	0,51
				1

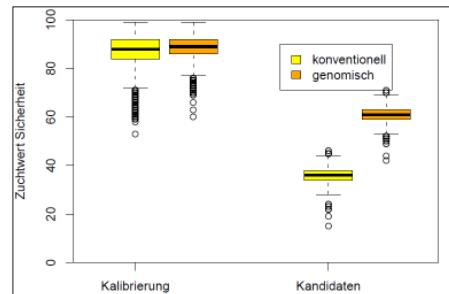
# genom. ZWS für Zellzahlgehalt

## ❖ Fleckvieh

- total 9.398 Tiere geschätzt
- 5.550 Ableitung der Schätzformel
- 3.850 Kandidaten ohne Zuchtwert

## ❖ Sicherheitszuwachs

- Kalibrierung +1.5
- Kandidaten +24.5 (68%)  
→ 32 Töchterleistungen



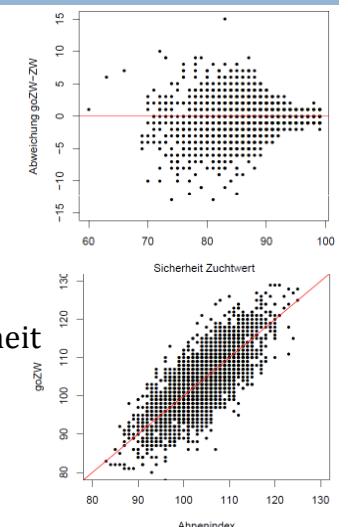
# genom. ZWS für Zellzahlgehalt

## ❖ Kalibrierung

- Abweichung von Sicherheit der Zuchtwerte abhängig

## ❖ Kandidaten

- Abweichungen +/- 10 Punkte
- mehr Streuung da höhere Sicherheit



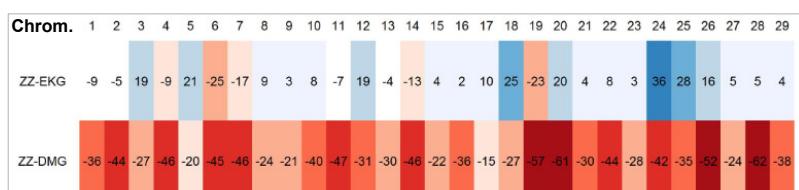
# Zuchtwerte für Chromosomen

## ❖ hypothetisches Tier mit den jeweils besten Chromosomenpaaren

- +133 Punkte im ZZ-Zuchtwert (11 Std.)
- +6.000 kg Milch (10,5 Std.)

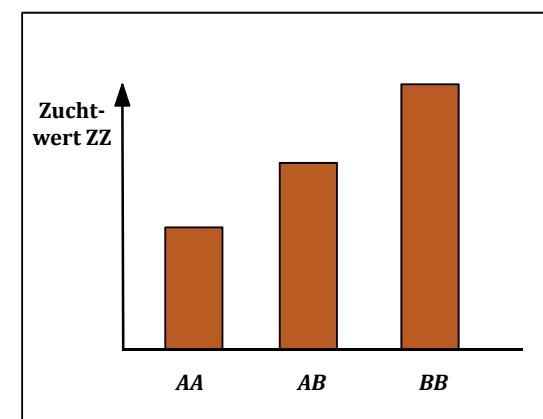
## ❖ große züchterisch nutzbare Variation

## ❖ ZW Korrelationen nach Chromosomen



# Hauptgensuche für Zellzahl

## ❖ Marker für Marker getestet...



# „Problem“ Verwandtschaft

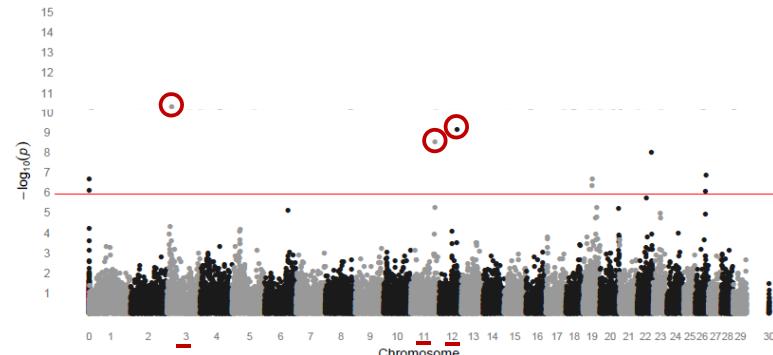
- ❖ kann zu scheinbaren Effekten führen:

- ❖ Lösung: Korrektur auf Verwandtschaft

- Prinzipalkomponenten
- gleichzeitiges Modellieren aller Marker
- ...

# Hauptgensuche für Zellzahl

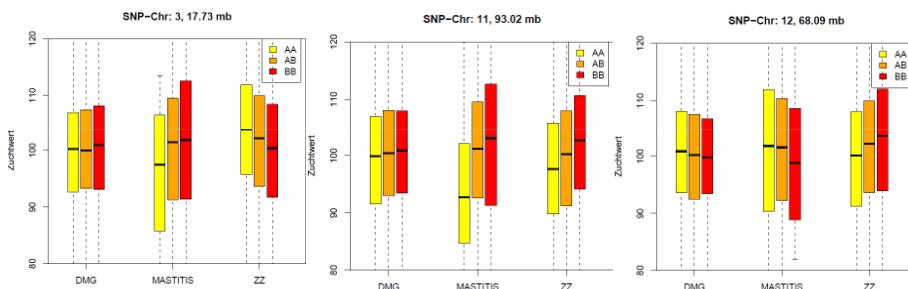
nach Korrektur: 10 signifikante Marker



Zucht  
Data  
ANIMAL BREEDING

# 3 signifikante Marker

- ❖ Chromosomen 3, 11 und 12



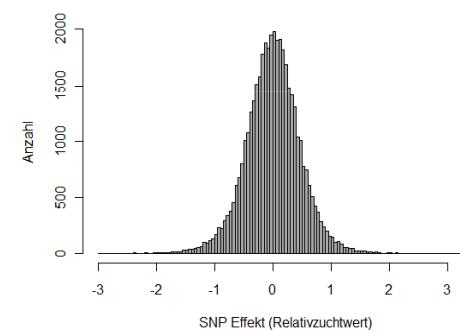
- ❖ rel. schlechte Übereinstimmung Mastitis

- zu wenige Daten ( $n=345$ )?

Zucht  
Data  
ANIMAL BREEDING

# Verteilung der Effekte

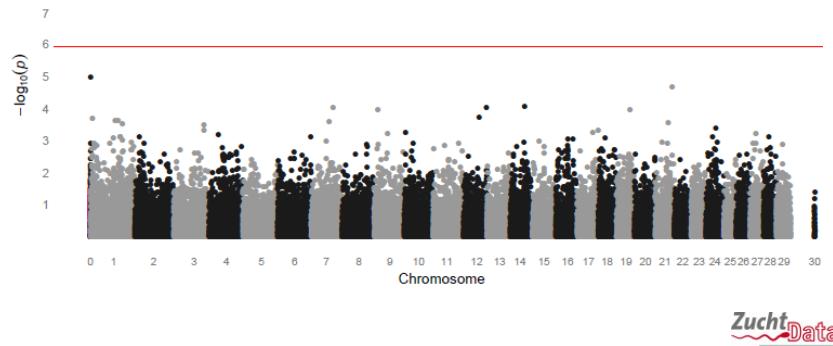
- ❖ moderate Effektgrößen



Zucht  
Data  
ANIMAL BREEDING

# Hauptgene für Mastitisresistenz

- ❖ leider zu wenige Daten... (N=345)



Zucht Data

## Zusammenfassung



- ❖ GS vielversprechende Technologie
  - ultimativer Praxistest goZW ↔ NKP ZW
- ❖ Eutergesundheit kann von GS profitieren
  - Leistungsdaten → GMON
  - Gewichtung im GZW
- ❖ technologische Entwicklung
  - Geschwindigkeit nimmt zu
  - dran bleiben um Dinge in der Hand zu behalten

Zucht Data

# Was bringt die Zukunft?

## ❖ Mehr Marker und Tiere

- HD Chip 778.000 Marker
- Resequenzierung wichtiger Tiere 3.000.000.000 Bausteine
- Sequenz der gesamten Population „herleiten“

## ❖ Methodische Weiterentwicklung

- Umgang mit Datenmengen
- GS+konv. ZWS in einem Lauf?
- Versuch Geneffekte zu isolieren
- ZWS nicht mehr für Tiere sondern Markereffekte?

## ❖ Leistungsdaten zentrale Bedeutung

- jeder hat Genotypen- Leistungdaten bringen den Unterschied

Zucht Data

## ein großes Team...

Die Entwicklung wird in Zusammenarbeit von AT+DEU durchgeführt.  
**Arbeitsgruppe Genomische Selektion:** Vorsitz Götz (ITZ Grub)

	Egger-Danner, Fürst, Mayerhofer, Schwarzenbacher
	Gredler, Sölkner
	Tanzler
	Edel, Emmerling, Neuner (BY), + Hamann (BW)
	Röhrmoser
	Duda

Folgende **Fördergeber** unterstützen die Entwicklung der genomischen Zuchtwertschätzung in Österreich:

- FFG (Österreichische Forschungsförderungsgesellschaft GmbH )
- Bundesministerium für Land-, Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft
- Förderverein für Biotechnologieforschung, DEU

Zucht Data



Danke für die  
Aufmerksamkeit!

Höhle von Lascaux, Frankreich,  
14.000 Jahre v. Chr.