

# ***Genomweite ZWS – eine neue Technologie in der Tierzucht***



***Jürg Moll, SBZV Zug***



# Übersicht



- Grundlagen  
Molekulargenetik
- SNP-Marker
- Auswirkungen  
Zuchtprogramm
- Schlussfolgerungen



# ***Ziel der Tierzucht***

Verbesserung der genetischen  
Veranlagung der Tiere für bestimmte  
Leistungs- und Fitnessmerkmale

Phänotyp = Genotyp + Umwelt



# ***Wunschvorstellung***

Direkte Bestimmung der genetischen Veranlagung eines Tieres von seinen Genen (ohne Phänotyp)

→ **Diesen „Idealzustand“ wird man wohl nie erreichen**



# *Anwendung Molekulargenetik*

## Rindviehzucht Schweiz

- Abstammungskontrolle
- Erbfehlerbekämpfung

## Weltweit

- intensive Forschung
- Einbau in Zuchtprogramme



# ***Begriffe 1***

**DNA = DNS (Desoxyribonukleinsäure)**

DNA ist Träger der Erbinformation

**Gen**

Abschnitt auf der DNA mit dem Code für ein bestimmtes Protein

**Locus (Genort)**

Ort auf der DNA, an dem sich ein Gen befindet



# ***Begriffe 2***

## **Leistungs- und Fitnessmerkmale**

An der Ausprägung des Merkmals sind sehr viele Genorte beteiligt

## **Quantitative Trait Locus QTL**

Genort (Locus) mit einem messbaren Einfluss auf ein quantitatives Merkmal

Gene an diesem Genort = Hauptgene

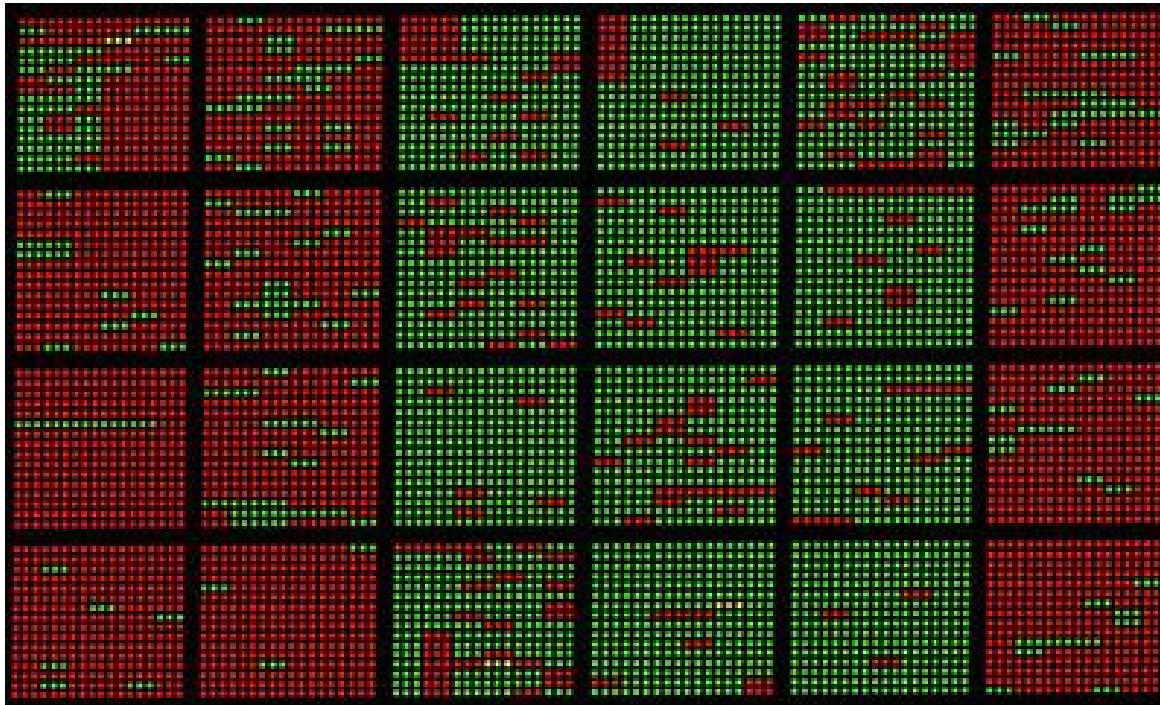
## **Marker**

geben Hinweis auf das Vorhandensein von Hauptgenen



# *neue Technologie Marker*

## **SNP (Single Nucleotide Polymorphisms)**



➤ DNA-Chips mit 50'000 SNPs vorhanden



# ***SNP - Marker***

- sehr zahlreich und gleichmässig über das Genom verteilt
- einige SNPs liegen nahe an den QTL (enge Kopplung zwischen Marker und QTL)
- Holland Genetics Vorselektion sämtlicher Prüfstiere mit einem Set von 3'000 SNP's seit Herbst 2006
- USDA Berechnung genomweiter ZW seit April 2008 mit einem Set von 50'000 SNP's



# *was macht die Schweiz?*

## Sommer 2007

Simulationsstudie zeigte, dass genombasierte Selektion theoretisch funktioniert

→ Jungtiere ohne ELP/NZP Bestimmtheitsmass  
ZW im Bereich von bis zu 80 %

## 1. Hälfte 2008

Evaluation Typisierungslabor

## ab Herbst 2008

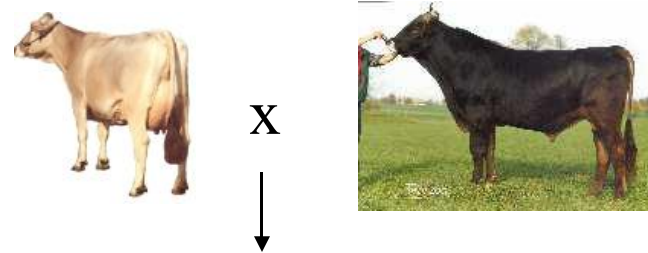
Typisierung von wenigen tausend Tieren für die Schätzung der Markereffekte



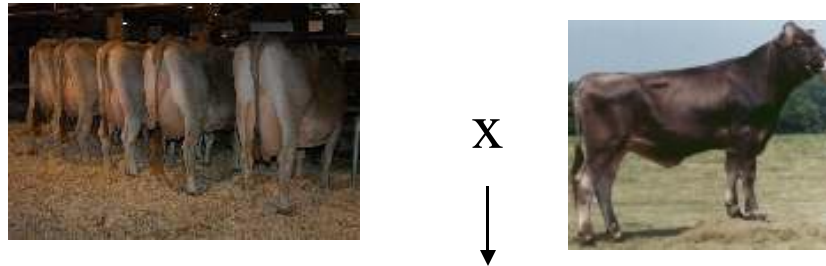


# heutige Stierenselektion

gezielte Paarung



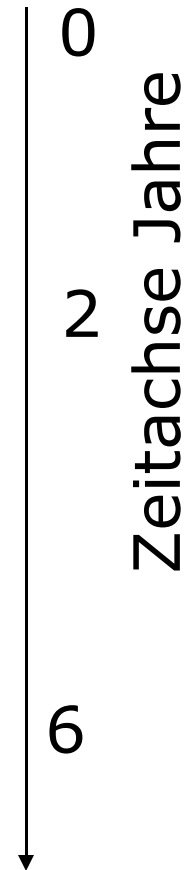
Testeinsatz



Nachzuchtprüfung



Zweiteinsatz





# Genombasierte Selektion

gezielte Paarung  
Kuh genombasierter ZW



x



0



genombasierte ZWS



1



breiter Einsatz



x



2

Zeitachse Jahre



## Herkömmliche Stierenselektion mit Nachkommenprüfung

| Pfad            | Sel. % | $i$  | $r_{TI}$ | $i \times r_{TI}$ | $\Delta G$ |
|-----------------|--------|------|----------|-------------------|------------|
| Stierenväter    | 5      | 2.06 | 0.99     | 2.04              | 6.50       |
| Kuhväter        | 20     | 1.40 | 0.75     | 1.05              | 6.00       |
| Stierenmütter 2 | 2.42   | 0.60 | 1.45     | 5.00              |            |
| Kuhmütter       | 85     | 0.27 | 0.50     | 0.14              | 4.25       |

Zuchtfortschritt/Jahr  $4.68 / 21.75 = 0.215\sigma_A$

## Genombasierte Selektion von Stieren und Stierenmüttern

| Pfad            | Sel. % | $i$  | $r_{TI}$ | $i \times r_{TI}$ | $\Delta G$ |
|-----------------|--------|------|----------|-------------------|------------|
| Stierenväter    | 5      | 2.06 | 0.75     | 1.54              | 1.75       |
| Kuhväter        | 20     | 1.40 | 0.75     | 1.05              | 1.75       |
| Stierenmütter 2 | 2.42   | 0.75 | 1.82     | 2.00              |            |
| Kuhmütter       | 85     | 0.27 | 0.50     | 0.14              | 4.25       |

Zuchtfortschritt/Jahr  $4.55 / 9.75 = 0.467\sigma_A$

1 : 2.17



# ***Genombasierte Selektion bedeutet***

- Verzicht auf Nachkommenprüfung von Stieren
- Umstellung der Zuchtwertschätzung auf ein genombasiertes Verfahren
- Genombasierte Selektion von Stierenvätern/ Stierenmüttern als Embryonen/Kälber
- Einsatz junger Tiere mit weniger sicherem Zuchtwert als Stierenväter/Kuhväter

# heutige+genombasierte Selektion

gezielte Paarung  
Kuh genombasierter ZW



X



genombasierte ZWS



Testeinsatz



X



Nachzuchtprüfung



Zweiteinsatz

0

1

2

6

Zeitachse Jahre



# *Schlussfolgerungen*

- Genombasierten Selektion bislang nur ein **theoretisches Konzept** (allerdings ein viel versprechendes)
  - Viele Aspekte sind noch unklar und müssen **noch untersucht** werden
  - Genombasierte Selektion hat **enormes Potential** für die Zuchtprogramme
- ⇒ Zuchtorganisationen müssen sich damit auseinandersetzen!**

***Vielen Dank für Ihre Aufmerksamkeit!***