

Routinebetrieb genomische Zuchtwertschätzung

Dr. Peter Grün, LSZ Boxberg

Die genomische Zuchtwertschätzung beruht auf dem Vergleich der Genotypisierungsergebnisse nachkommengeprüfter Eber mit ihren konventionellen Zuchtwerten. Die auf Basis dieser Lernstichprobe abgeleiteten Markereffekte lassen sich dann zur Schätzung von jungen Tieren verwenden, bei denen noch keine Nachkommenleistungen vorliegen.

In einem Gemeinschaftsprojekt der Universität Hohenheim, dem Schweinezuchtverband Baden-Württemberg e.V., dem Bildungs- und Wissenszentrum Boxberg und weiterer Partner wurde das für die Rinderzucht bereits etablierte Verfahren der Genomischen Selektion auf die Schweinezucht übertragen. Nach zwei Jahren Projektarbeit steht das Projekt nun davor in eine Testphase überzugehen, an die sich der Routinebetrieb anschließt.

Die Routine - so wird's gemacht

Für die Typisierung der Tiere wird eine Probe des Tieres benötigt. Hierzu eignen sich Gewebe, Blut oder Sperma des Tieres. Bei sehr jungen Tieren bietet sich eine Ohrstanzprobe in Verbindung mit der Kennzeichnung über Gewebeprobeohrmarken an. Dafür ist eine spezielle Zange erforderlich, wie sie auch in der Rinderkennzeichnung zum Einsatz kommt.

Der Zeitpunkt, die Proben zu gewinnen, scheint aus arbeitswirtschaftlicher Sicht und im Hinblick auf die Dauer der Typisierung beim Tätowieren bzw. Markieren der Ferkel sinnvoll.

Zusammen mit der Gewebeprobe müssen die Daten des Tieres an das Untersuchungslabor und an die LSZ Boxberg übermittelt werden. Dazu wird der Probe ein Begleitschreiben beigelegt, das die benötigten Daten des Tieres und dessen Besitzer enthält.

Die Probe bleibt Eigentum des Tierbesitzers und wird nur für die von ihm in Auftrag gegebenen Untersuchungen benutzt. Das Labor beginnt mit der Untersuchung, sobald die benötigte Zahl an Proben für einen Untersuchungsdurchgang bereitgestellt ist. Dort wird die DNA aus den eingesendeten Gewebeproben extrahiert und die Genotypisierung durchgeführt.

Die im Labor gewonnenen Daten werden an die LSZ übermittelt und durch ein EDV-Programm geprüft, ausgewertet und die direkten genomischen Zuchtwerte (DGV) für die verschiedenen Merkmale des Tieres ermittelt.

Diese direkten genomischen Werte werden mit den konventionell geschätzten Zuchtwerten zu genomisch verbesserten Zuchtwerten zusammen geführt. Da der genomisch verbesserte Zuchtwert auch auf den Informationen des klassischen Pedigreezuchtwertes beruht, bildet dieser die gleichen Merkmale ab. Nur ist durch die zusätzlichen Informationen aus der Genotypisierung die Sicherheit des Zuchtwertes deutlich höher. Diese als „blending“ beschriebene Methode der Zusammenführung beider Zuchtwerte wird für die Zuchtwertschätzung beim Rind bereits angewendet und auf die Bedingungen beim Schwein angepasst.

Alle drei Zuchtwerte, der Pedigreezuchtwert, der direkte genomische Wert und der genomisch verbesserte Zuchtwerte werden für die verschiedenen Merkmale mittels eines Prüfberichtes übermittelt. Durch die Ausweisung aller drei Werte können die Tiere sicher einrangiert werden.

Die Zukunft - so geht es weiter

Gegenüber den bisher gängigen Verfahren wird mit der Einführung der genomischen Zuchtwertschätzung eine deutliche Verbesserung der Sicherheit der Ergebnisse, eine Verbesserung der Produktqualität bei gleichzeitiger Verminderung der Streuung der Qualität, sowie eine Erhöhung des Zuchtfortschritts erwartet. Denn schon für Ferkel stehen aussagefähige Werte zur genetischen Veranlagung zur Verfügung. Dadurch ist es möglich, früher zu selektieren und Kosten zu sparen.

Die Sicherheit der genomisch verbesserten Zuchtwerte liegt im Vergleich zu konventionellen Zuchtwerten höher, da zusätzliche Informationen über die Genotypisierung einfließen.

Mit diesem Instrument hat die Schweinezucht ein neues Werkzeug an die Hand bekommen, welches das Potential hat, zukünftig zusätzliche Merkmale in die genomische Zuchtwertschätzung einzubeziehen, die bisher nur sehr schwer züchterisch zu bearbeiten sind. Durch die rasche Einführung dieser neuen Innovation in die baden-württembergische Schweinezucht wird den Betrieben die Spitzenstellung in der Schweinezucht gesichert.

Derzeit werden weitere Projekte für Fleischqualität, Fruchtbarkeit und Ebermast durchgeführt. Bei der Fleischqualität liegen bereits umfangreiche Daten vor, die zur Auswahl besonders guter Vererber genutzt werden können. Fruchtbarkeitsleistungen sind ein zentrales Thema. Ziel ist, durch genomische Selektion den Zuchtfortschritt deutlich zu erhöhen. Im Hinblick auf die Ebermast und die damit verbundenen Geruchsabweichungen mancher Tiere kann durch genomische Selektion gezielt auf unauffällige Tiere selektiert werden. Auch für weitere Anwendungen ist die genomische Selektion ein gutes Instrument, da aufwändige und teure Leistungserfassung nur über einen begrenzten Zeitraum erfolgen muss.