

Aktuelles aus der Zuchtwertschätzung

Dr. Jörg Heinkel, LSZ Boxberg

Für die züchterisch wichtigsten Merkmale werden Leistungsdaten auf Station und im Feld erhoben, mit dem Ziel, daraus Zuchtwerte zu schätzen.

Seit Juli 1994 wird das BLUP-Zuchtwert-Schätzverfahren angewandt. Seit 2012 werden auch Verfahren der genomischen Selektion etabliert.

Die Zuchtwertschätzung wird von der LSZ Boxberg für das Zuchtbuch des Schweinezuchtverbands Baden-Württemberg e.V. (SZV) durchgeführt.

1.1 BLUP-Zuchtwertschätzung

BLUP = Best Linear Unbiased Prediction

Vorteile des BLUP-Verfahrens:

- Einbeziehung aller Eigen- und Verwandtenleistungen
- Verbesserte Ausschaltung verzerrender Umwelteinflüsse
- Berücksichtigung des genetischen Niveaus des Anpaarungspartners
- Zuchtwerte aller Tiere einer Population sind direkt vergleichbar, unabhängig vom Zeitpunkt der Prüfung
- Genauer geschätzte Zuchtwerte für die einzelnen Merkmale
- Schärfere Selektion ist möglich
- Stabilere Zuchtwerte durch die Informationsvielfalt
- Höherer Zuchtfortschritt

BLUP-Verfahren

Daten aus der Leistungsprüfung:

- tägliche Zunahme (g), Nachkommenprüf. Station (NKS)
- Futtermittelverwertung (kg), NKS
- Muskelfleischanteil (MF%), NKS
- Fleischbeschaffenheit, NKS
 - pH₁-Kotelett, Tropfsaftverlust,
 - intramuskulärer Fettgehalt (IMF)
- Lebenstagszunahme (g), Eigenleistungsprüf. Feld (EF)
- Rückenspeckdicke (cm), EF
- lebend geborene Ferkel (St.), EF

Nettoliebenstagszunahme Nachkommenprüf. Feld (NKF)

Magerfleischanteil FOM (NKF)

oder

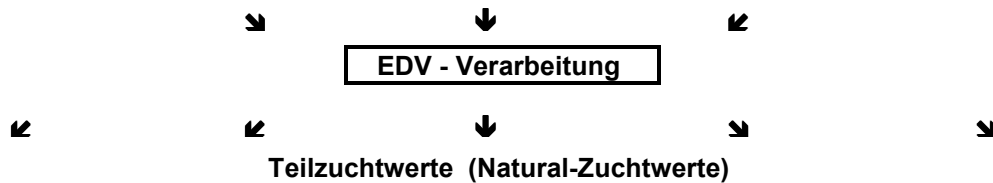
AutoFOM Schinkengewicht (NKF)

AutoFOM Schultergewicht (NKF)

AutoFOM Lachsgewicht (NKF)

AutoFOM Bauchgewicht (NKF)

AutoFOM Fleischanteil im Bauch (NKF)



(jeweils Abweichung zum Populationsdurchschnitt)

Mastleistungsmerkmale		Schlachtleistungsmerkmale		Fruchtbarkeit
Tägl. Zun.	Futtermittelverw.	u.a. Muskelfleischanteil u.	Fleischbeschaffenheit	leb. geb. Ferkel



Wichtung der Merkmale mit Wirtschaftlichkeitskoeffizienten
und Standardisierung (Mittelwert 100, Standardabweichung 20).



Gesamtzuchtwert

Die Auswahl und Wichtung der im Gesamtzuchtwert berücksichtigten Merkmale ist rassespezifisch und richtet sich nach den aktuellen Zuchtzielen.

1.2 Genomische Zuchtwertschätzung

In einem Gemeinschaftsprojekt von LSZ, dem Schweinezuchtverband Baden-Württemberg und der Universität Hohenheim wurde von 2010 bis 2012 ein Verfahren der genomischen Zuchtwertschätzung für die Rasse Piétrain entwickelt.

Im ersten Schritt wurde das Genom von ca. 1.000 Ebern mit sicher geschätztem Zuchtwert (Lernstichprobe) mittels dem 60k Chip (high density, HD) typisiert. Die Bezeichnung 60k Chip sagt aus, dass etwa 60.000 SNP (single nucleotide polymorphism, Basenpaare mit variabler Ausprägung) untersucht werden.

Durch die Verknüpfung der SNP mit den Zuchtwerten der Tiere in der Lernstichprobe wird die Wirkung der einzelnen SNP auf die Zuchtwertmerkmale abgeleitet. Diese abgeleiteten Größen werden auf das Genotypisierungsergebnis zu selektierender Jungeber angewandt. Die Genotypisierung der Jungeber (Selektionskandidaten) erfolgte bis 2014 mit einem reduzierten 384 SNP Chip. Die fehlenden SNP wurden aus dem HD-Ergebnis des Vaters und den innerhalb der Rasse bekannten Varianten abgeleitet. Seit 2015 werden auch die Kandidaten mit dem HD-Chip typisiert.

Die Summe der SNP-Effekte wird als „direkter genomischer Zuchtwert“ (DGV) bezeichnet, die Kombination aus DGV und konventionellem Zuchtwert als „genomisch optimierter Zuchtwert“.

Seit 01.01.2012 ist die genomische Zuchtwertschätzung das Routineverfahren für die Rasse Piétrain.

Seit Anfang 2017 ist die genomische Zuchtwertschätzung auch das Standardverfahren für die Mutterrassen und die Merkmale des Ebergeruchs bei der Rasse Piétrain.