

# Genomisch optimierte Zuchtwertschätzung beim Schwein in Bayern

Dr. Malena Erbe, Dr. Jörg Dodenhoff, Prof. Dr. Kay-Uwe Götz,  
Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Tierzucht, Grub

## Startschuss: Projekt InGeniS und Aufbau einer Kalibrierungsstichprobe

Das Forschungsprojekt InGeniS („Integrierte genomische Forschung und Anwendung in der bayerischen Schweinezucht“) mit einer Laufzeit von drei Jahren war ein wichtiger Baustein bei der Umsetzung der genomischen Selektion beim Schwein in Bayern. Finanziert wurde dieses Projekt vom Bayerischen Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten, der Tierzuchtforschung e.V. und den bayerischen Schweinezucht- und -besamungsorganisationen. Im Rahmen dieses Projektes war es möglich, praktisch alle in den letzten Jahren in Bayern eingesetzten und in den Leistungsprüfungsanstalten geprüften Eber der Rasse Piétrain zu genotypisieren. Genotypisieren bedeutet, dass mit Hilfe einer modernen Technologie im Labor relativ kostengünstig und schnell für etwa 60.000 Stellen im Erbgut eines Tieres, sogenannten SNP-Markern, jeweils die genetische Veranlagung („Genotyp“) bestimmt werden kann. Schweinezüchter kennen oft den Genotyp eines Tieres am MHS-Genort, bei dem ein Tier NN, NP oder PP sein kann. Beim Merkmal Stressanfälligkeit wis-

sen wir, dass genau dieser Genort verantwortlich ist und welcher Genotyp zu welcher Ausprägung (stressresistent oder nicht) führt. Für Leistungsmerkmale wie Zunahme und Fleischanteil, die in den allermeisten Fällen von vielen Genorten beeinflusst werden und kontinuierliche Werte annehmen, ist die Herstellung des Zusammenhanges von Ausprägung und Genotyp nicht so einfach möglich – es bedarf komplizierter statistischer Modelle, bei denen geschätzt wird, welcher Genotyp an welchem der vielen SNP-Marker welchen Anteil der Ausprägung eines Merkmals widerspiegeln kann. Hat man diese Effekte geschätzt, können sie genutzt werden, um den Zuchtwert eines genotypisierten Tieres ohne Leistungsdaten, also zumeist junger Selektionskandidaten, besser vorherzusagen als es bisher möglich war.

Für die genomische Zuchtwertschätzung bildet eine Stichprobe von Tieren, deren Genotypen und Leistungsdaten vorliegen, das Rückgrat – mit Hilfe dieser Tiere wird das Schätzsystem geeicht. Man nennt diesen Vorgang auch Kalibrierung und spricht daher auch von einer Kalibrierungsstichprobe. Je mehr Tiere diese enthält, je besser sie die Zuchtpopulati-

on repräsentiert und je mehr Eigen- oder Nachkommenleistungen für die Tiere vorliegen, desto genauer können damit in der Zuchtwertschätzung die Effekte der Marker auf ein Leistungsmerkmal geschätzt werden. In Bayern entstand für die Rasse Piétrain mit aktuell über 2500 Tieren (siehe Abb. 1) im Rahmen des Projekts InGeniS eine der weltweit größten Kalibrierungsstichproben, die nun eine hervorragende Grundlage für die genomisch optimierte Zuchtwertschätzung bildet.

## All in one: Genomisch optimierte Zuchtwerte in einem Schritt

Ein Verfahren in mehreren Schritten (zuerst eine konventionelle Zuchtwertschätzung wie bisher, dann eine genomische Zuchtwertschätzung und schließlich die Kombination der Ergebnisse der beiden Schritte) ist in der Rinderzucht meist das Verfahren der Wahl, um im Routinebetrieb genomisch optimierte Zuchtwerte zu schätzen. Die Datenstruktur im Rinderbereich ist mit vielen Bullen mit sehr sicheren Zuchtwerten dafür gut geeignet. In der Schweinezucht hingegen treten auf Grund der vorliegenden Datenverfügbarkeit bei den einzelnen Verarbeitungsschritten Unge-

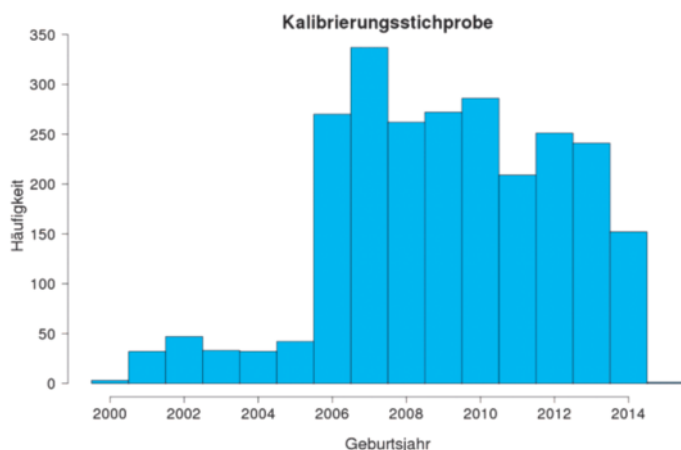


Abbildung 1: Anzahl Tiere nach Geburtsjahr in der Kalibrierungsstichprobe.

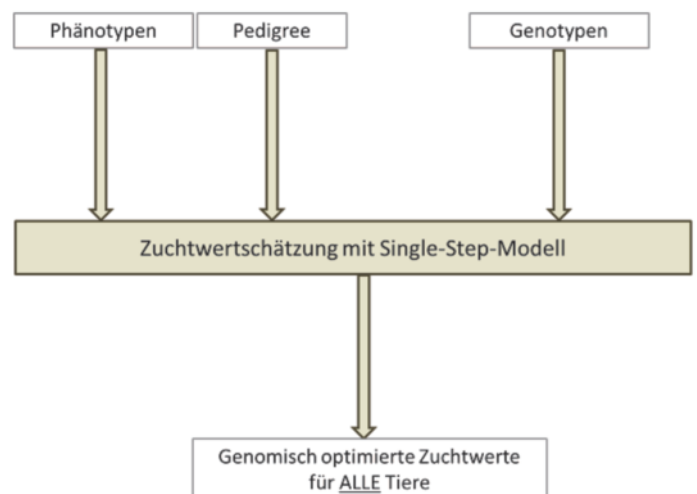


Abbildung 2: Schematische Darstellung des Single-Step-Verfahrens.

naugigkeiten auf, so dass die Verwendung eines Ein-Schritt-Verfahrens (im internationalen Kontext als „Single-Step“ bezeichnet, siehe Abb. 2) die bessere Wahl ist.

Dieses Verfahren ist zwar etwas rechenintensiver, bietet aber den Vorteil, dass alle zur Verfügung stehenden Informationen (Leistungsdaten („Phänotypen“), Pedigreeinformationen und Genotypinformation für die genotypisierten Tiere) für die Zuchtwertschätzung in einem Schritt verarbeitet und genutzt werden können und dass das Ergebnis nach der Lösung dieses Single-Step-Modells genomisch optimierte Zuchtwerte für alle Tiere sind.

### Was bringt das nun? Vorteile für die Selektion von jungen Tieren

Mit den bisherigen Verfahren der konventionellen Zuchtwertschätzung konnte für Selektionskandidaten, die

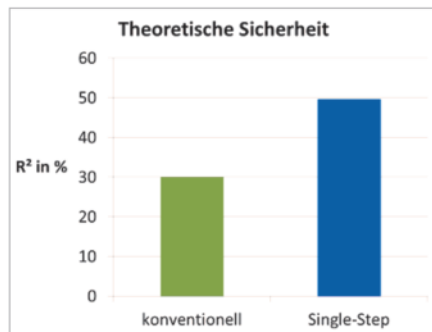


Abbildung 3: Durchschnittliche theoretische Sicherheit für einen konventionellen Gesamtzuchtwert und eines genomisch optimierten Gesamtzuchtwertes („Single-Step“) für einen genotypisierten Selektionskandidaten (ohne Eigen- oder Nachkommensleistung).

noch keine Eigen- oder Nachkommensleistungen vorwiesen, das Mittel der Zuchtwerte der Eltern als erwarteter Zuchtwert herangezogen werden. Dies bot zwar mit einer durchschnittlichen Sicherheit von etwa 30 % (siehe Abb. 3) eine Selektionsgrundlage für die Selektion zwischen Vollgeschwistergruppen, half aber nicht weiter, um Geschwister innerhalb einer Vollgeschwistergruppe zu rangieren – denn alle Mitglieder einer Vollgeschwistergruppe hatten den gleichen Zuchtwert.

Wenn ein junges genotypisiertes Tier nun nur mit seiner Genotypinformation in das Single-Step-Modell eingeht, erhält es einen genomisch optimier-

ten Zuchtwert. Durch die Genotypisierung kann man die unterschiedliche genetische Veranlagung erkennen. Jedes Tier hat also etwas andere Genotypen, und daher ist dieser genomisch optimierte Zuchtwert immer tierindividuell.

Er hat zwei Vorteile: Erstens ist die theoretische Sicherheit dieses genomisch optimierten Zuchtwertes per se höher als die des Elternmittels. Bei Piétrain in Bayern beträgt die theoretische Sicherheit eines genomisch optimierten Gesamtzuchtwertes für einen genotypisierten Selektionskandidaten im Durchschnitt etwa 50%. Die Aussagekraft eines solchen Zuchtwertes entspricht also etwa der eines konventionellen Zuchtwertes eines Tieres, das mit sechs Nachkommen stationsgeprüft ist. Zweitens erlaubt dieser genomisch optimierte Zuchtwert eine Unterscheidung von Vollgeschwistern, da jedes genotypisierte Mitglied der Gruppe einen individuellen Zuchtwert vorweisen kann. Wie stark sich die Gesamtzuchtwerte von Vollgeschwistern unterscheiden können, ist in der Abbildung 4 zu erkennen.

### Mit Konzept: Umsetzung in die Praxis

Nach dem Aufbau der Kalibrierungsstichprobe und Entwicklungsarbeit für ein optimales Single-Step-Modell für die vorliegenden Daten konnte in Bayern im Mai 2016 für die Rasse Piétrain offiziell die genomisch optimierte Zuchtwertschätzung eingeführt werden. Seitdem liefert die wöchentliche Routine-Zuchtwertschätzung also genomisch optimierte Zuchtwerte für alle Tiere der Zuchtpopulation.

Das Konzept der genomischen Selektion für Piétrain in Bayern sieht vor, bei allen männlichen Ferkeln mit Hilfe von speziellen Ohrmarken Gewebeproben zu ziehen, die das Aus-

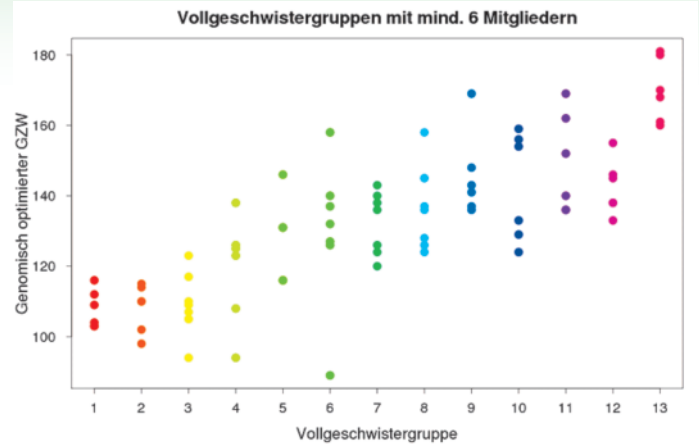


Abbildung 4: Genomisch optimierte Gesamtzuchtwerte (GZW) für Mitglieder von 13 verschiedenen Vollgeschwisterfamilien. Jeder Punkt innerhalb einer Vollgeschwisterfamilie stellt den Zuchtwert von einem Mitglied der Familie dar.

gangsmaterial für eine mögliche Genotypisierung bilden und bei der Firma GeneControl GmbH eingelagert werden. Erweist sich der Jungeber nach der Aufzucht als zuchttauglich, löst der Züchter den Auftrag zur Genotypisierung bei der GeneControl GmbH aus. Dabei können auch die Zuchtleiter und die Besamungsorganisationen mitbestimmen, welche Tiere genotypisiert werden sollen, denn Zucht und Besamung finanzieren gemeinsam die erheblichen Zusatzkosten, die für die Genotypisierung anfallen.

Der Ankauf vielversprechender Jungeber wird für die Besamung erheblich einfacher als bisher. Konnte man bislang zwei Vollbrüder nur anhand der Lebensstagszunahme und der Speckdicke unterscheiden, erhält man jetzt aufgrund der tierindividuellen Genotypisierungsergebnisse der einzelnen Geschwister eine relativ sichere Zuchtwertschätzung für alle Merkmale und für den Gesamtzuchtwert

Auch für die Mutterrassen soll die genomisch optimierte Zuchtwertschätzung bald verfügbar sein. Dort soll insbesondere bei den Fruchtbarkeitsmerkmalen die Chance wahrgenommen werden, den Zuchtfortschritt zu beschleunigen. Das Institut für Tierzucht arbeitet momentan an der Entwicklung eines optimalen Modells.