

## Kennzeichnung von Erbfehlern und genetischen Besonderheiten

April 2018, Dr. R. Emmerling LfL-ITZ

Zum Veröffentlichungstermin der Zuchtwertschätzung im April startet eine sukzessive Überführung der Erbfehlerkennzeichnung an den international abgestimmten dreistelligen Buchstaben-code (ICAR).

Dreistelliger Buchstabencode:

Stelle 1-2: Kürzel für den Erbfehler

Stelle 3: Trägerstatus, wobei C=Träger (carrier), F=frei (free), S=homozygoter Träger (sure).

Aktuelle Kategorisierung der Erbfehler und genetischen Besonderheiten:

Fleckvieh Erbfehler		Fleckvieh Erbfehler (Monitoring)		Braunvieh Erbfehler	
Arachnomelie	AR	FV-Haplotyp 4	F4	Arachnomelie	AR
Zinkdefizienz-like Syndr.	ZL	Männl. Subfertilität	MS	Spinale Muskelatrophie	SM
Thrombopathie	TP			Spinale Dysmyelogenese	SD
Minderwuchs	F2			Weaver	WE
Zwergwuchs (Dwarf)	DW			BV-Haplotyp 2	B2
BV-Haplotyp 2	B2				
FV-Haplotyp 5	F5				
<b>Weitere genetische Besonderheiten FV und BV</b>					
Nat. Hornlosigkeit		Kappa-Kasein		Beta-Kasein	

Die beschriebenen Kurzformen erfolgen außerhalb des Tiernamens und die bisherigen Kürzel werden aus den Namen entfernt. Tiere, die bisher als Träger (Gentest, Feldtest) im Namen gekennzeichnet wurden, werden jetzt einheitlich mit dem Trägerstatus „C“ gekennzeichnet (Bsp. Arachnomelie Träger: bisher A oder \*A => neu ARC oder Weaver Träger: bisher W oder \*W => neu WEC).

Weitere genetische Besonderheiten beim Fleckvieh und Braunvieh, wie die natürliche Hornlosigkeit, Kappa-Kasein und Beta-Kasein, werden weiterhin in der gewohnten Form dargestellt.

## **Umsetzung**

Mit der Zuchtwertschätzung April wird die neue Kennzeichnung in der Webanwendung BaZI-Rind und den zugehörigen PDF-Reports umgesetzt. Neben der Kurzkennzeichnung wurde bei der Einzeltierdarstellung ein zusätzlicher Tabellen-Reiter „gen. Besonderheiten“ eingeführt, in dem die Langform der Erbfehler und gen. Besonderheiten und der jeweilige Trägerstatus eingetragen sind.

Ebenfalls findet man die neue Kennzeichnung in der Gemeinsamen Zuchtwertliste (GZL DE-AT-CZ) und in den vom ITZ erstellten Veröffentlichungslisten (Bunte Liste, Öko Zuchtwert). Bei der Darstellung in BaZI Rind werden alle Kurzformen (Träger und freie) dargestellt, während in der Listenform ausschließlich die Träger dargestellt werden.

In nächsten Schritten nach der ZWS-Veröffentlichung April 2018 werden die Erbfehlerkennzeichnungen in der Genom-Datenbank und den Einzeltier PDF-Dokumente mit den Ergebnissen der genomischen ZWS angepasst. Eine Anpassung von Katalogdarstellungen und Kennzeichnungen auf Stammzertifikaten erfolgt dann im Laufe des Jahres.