



# **Validierung der Genomischen Selektion beim Schwein**



# **Projektbericht**

Projektförderung:

Finanzierung: Bayerisches Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten

Förderkennzeichen: Kap. 08 03 TG 96

Geschäftszeichen: L/a-7406-1/130

Projektlaufzeit: 01.11.2019 bis 30.06.2023

Projektleiter: Jörg Dodenhoff

Projektbearbeiter: Malena Erbe

Herausgegeben im: Januar 2024

# **Validierung der Genomischen Selektion beim Schwein (ValPigGS)**



---

## Inhaltsverzeichnis

	Seite
<b>Zusammenfassung .....</b>	<b>9</b>
<b>1 Motivation .....</b>	<b>11</b>
<b>2 Ergebnisse .....</b>	<b>12</b>
2.1 Prüfung der Eber .....	12
2.1.1 Auswahl der Eber .....	12
2.1.2 Organisation der Prüfung .....	12
Stand der Prüfung .....	13
2.1.3 Abstammungsüberprüfung .....	17
2.2 Validierung .....	17
2.2.1 Daten .....	17
2.2.2 Methode .....	18
2.2.3 Ergebnisse .....	19
2.3 Ausblick .....	24
<b>3 Wissenstransfer .....</b>	<b>25</b>
3.1 Vorträge aus dem Projekt .....	25
<b>Literaturverzeichnis .....</b>	<b>26</b>
<b>4 Literaturverzeichnis .....</b>	<b>26</b>

---

## Abbildungsverzeichnis

Seite

Abbildung 1: Einstellungen der Prüftiere nach Jahr-Quartal und Leistungsprüfungsanstalt .....	13
Abbildung 2: Vergleich der genomischen Zuchtwerte aus reduziertem und vollem Datensatz (die Punkte symbolisieren die einzelnen Eber; die rote Linie ist die Regressionsgerade aus der LR-Methode; die schwarze Linie ist eine Regressionsgerade mit Konstante = 0 und Dispersion = 1) .....	21
Abbildung 3: Vergleich der genomischen Zuchtwerte aus reduziertem und vollem Datensatz (die Punkte symbolisieren die einzelnen Eber; die rote Linie ist die Regressionsgerade aus der LR-Methode; die schwarze Linie ist eine Regressionsgerade mit Konstante = 0 und Dispersion = 1) .....	22

---

## Tabellenverzeichnis

	Seite
Tabelle 1: Status der Prüftiere nach Leistungsprüfungsanstalt .....	14
Tabelle 2: Status der Prüftiere nach Eber (Runden 1 bis 5) .....	15
Tabelle 3: Status der Prüftiere nach Eber (Runden 6 bis 8) .....	16
Tabelle 4: Verteilung der Prüftiere nach Leistungsprüfungsanstalt und Besamungsstation .....	16
Tabelle 5: Mittelwerte für Anzahl der Nachkommen in der Zuchtwertschätzung und für Sicherheiten aus den verschiedenen Schätzläufen (Eber der Runden 1 bis 7).....	18
Tabelle 6: Ergebnisse der LR-Methode (konventionelle standardisierte Zuchtwerte).....	19
Tabelle 7: Ergebnisse der LR-Methode (genomische standardisierte Zuchtwerte) .....	20
Tabelle 8: Korrelationen zwischen Zuchtwerten.....	23
Tabelle 9: Anzahl der übereinstimmend aus zwei Zuchtwertlisten (reduzierter bzw. voller Datensatz) ausgewählter Eber nach Art der Zuchtwertschätzung und Merkmal .	24



---

## Zusammenfassung

Das Projekt zur Validierung der Genomischen Selektion beim Schwein (ValPigGS) sollte dazu dienen, die im Jahr 2016 eingeführte genomische Zuchtwertschätzung mit einem Single-Step-Tiermodell im Hinblick auf die Vorhersagequalität der Zuchtwerte für junge Eber zu überprüfen. Hierzu sollte durch die Erzeugung von sehr vielen (100) Nachkommen pro Eber ein Zuchtwert erzeugt werden, der durch genomische Informationen kaum noch beeinflusst wird. Durch den Vergleich dieses Zuchtwerts mit dem, den der Kandidat als junges Tier aufwies, kann die Qualität der Zuchtwertschätzung beurteilt werden. Das Projekt startete im November 2019 und wurde aufgrund von Verzögerungen bei der Umsetzung des Prüfprogramms kostenneutral um acht Monate bis zum 30.06.2023 verlängert. Die ersten Eber wurden bereits kurz nach Projektbeginn ausgewählt. Bis zum August 2022 wurden in mehreren Auswahlrunden insgesamt 58 Eber in das Projekt aufgenommen. In enger Absprache mit den Besamungsstationen Besamungsverein Neustadt a.d. Aisch e.V. und Bayern-Genetik, den Ämtern für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten, den Ringassistenten des Landeskuratoriums der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern e.V. (LKV) sowie den Mitarbeitern der beiden Leistungsprüfungsanstalten Schwarzenau und Grub ist es gelungen, von fast allen Ebern die angestrebten 100 Nachkommen zu prüfen.

Insgesamt wurden im Rahmen des Projekts 6274 Prüftiere in den Leistungsprüfungsanstalten eingestallt. Zum jetzigen Zeitpunkt haben 5744 Tiere die Prüfstationsprüfung abgeschlossen. Lediglich die Eber der letzten Auswahlrunde haben noch Nachkommen in Prüfung. 49 Eber mit durchschnittlich 106 Nachkommen konnten für die Auswertungen berücksichtigt werden. Sehr wenige Eber haben weniger als 100 Nachkommen erreicht. Im Gegenzug gab es einige Eber mit deutlich mehr als 100 Nachkommen, da sie parallel auch im Rahmen eines anderen Projekts eingesetzt wurden. Bei der Planung des Projekts war man davon ausgegangen, mit 100 Nachkommen Sicherheiten konventioneller Zuchtwerte von etwa 95 % zu erreichen. Die Kalkulation hat sich als zutreffend erwiesen, so dass mit dieser sehr intensiven Nachkommenprüfung die Voraussetzungen für eine aussagekräftige Validierung geschaffen werden konnten.

Die Validierung der am Institut für Tierzucht mit dem Single-Step-Verfahren durchgeführten Zuchtwertschätzung erfolgte mit der LR-Methode. Dabei wurden die mit allen Daten geschätzten genomischen Zuchtwerte der 49 Eber mit ihren genomischen Zuchtwerten aus einem reduzierten Datensatz verglichen. In diesem reduzierten Datensatz waren die Nachkommenleistungen der 49 Eber nicht enthalten. Die Schätzwerte aus dieser Regressionsanalyse für die Konstanten und für die Regressionskoeffizienten wurden mit ihren Erwartungswerten verglichen (Gesamtzuchtwert, zehn Einzelmerkmale). Bei der Konstante gab es lediglich in den Merkmalen Futteraufwand und pH1-Wert signifikante Abweichungen. Bei den Regressionskoeffizienten gab es keine Auffälligkeiten. Damit konnte die Single-Step-Zuchtwertschätzung bei Piétrain erfolgreich validiert werden. Zusätzliche Vergleiche mit den Zuchtwerten aus einer konventionellen Zuchtwertschätzung, d.h. ohne Berücksichtigung genomischer Informationen, zeigten eine Überlegenheit des Single-Step-Verfahrens.

Im Rahmen des Forschungsvorhabens „Validierung der Genomischen Selektion beim Schwein“ konnte gezeigt werden, dass am Institut für Tierzucht ein sehr gut funktionierendes Routineverfahren der genomischen Zuchtwertschätzung implementiert ist. Damit wird es der bayerischen Schweinezucht ermöglicht, das Potential der Genomischen Selektion optimal zu nutzen.



## 1 Motivation

Single-Step-Verfahren zur Schätzung von Zuchtwerten unter Einbeziehung genomischer Informationen sind weit verbreitet (Edel und Götz, 2023). Auch in der bayerischen Schweinezucht werden seit 2016 sowohl bei Vater- als auch bei Mutterrassen genomisch optimierte Zuchtwertschätzungen mit Single-Step-Verfahren durchgeführt (Dodenhoff und Erbe, 2016). Die Grundlagen für die Entwicklung der Verfahren wurden im Rahmen der beiden vom StMELF geförderten Projekte ‚FroGS‘ (FroGS - Fruchtbarkeitsoptimierung durch Genomische Selektion, 2014) und ‚InGeniS‘ (InGeniS - Integrierte genomische Forschung und Anwendung in der bayerischen Schweinezucht, 2017) gelegt. Ein zur effizienten Nutzung der genomischen Selektion entwickeltes Zuchtprogramm (Haberland et al., 2016) wurde konsequent umgesetzt. Dies belegen auch die jährlichen Auswertungen zur Entwicklung der Zuchtwerte (LPA-Jahresbericht, 2022). Die Akzeptanz der Zuchtwerte bei Zucht und Besamung ist sehr hoch.

Im Zuge der Entwicklung der genomischen Zuchtwertschätzung wurden Validierungsansätze vorgestellt (Erbe et al., 2016), aber nicht für einen Einsatz in der Routine weiterentwickelt. In der Rinderzucht spielt die Validierung von Zuchtwertschätzverfahren eine große Rolle, weil eine regelmäßige Überprüfung die Voraussetzung ist, um an der INTERBULL-Zuchtwertschätzung teilnehmen zu können (INTERBULL, 2023); auch ein Test für genomische Zuchtwerte wurde entwickelt. Die Voraussetzungen beim Rind sind nahezu ideal, weil die Schätzpopulationen durch überregionale Kooperationen sehr groß sind und weil Bullen sehr viele Töchter haben, d.h. die Zuchtwerte älterer Bullen weisen hohe Sicherheiten von deutlich über 90 % auf. Dagegen werden in der Zuchtwertschätzung beim Schwein in Bayern nur die Daten der bayerischen Schweinezucht berücksichtigt. Bei der Rasse Piétrain kommen sämtliche Leistungsdaten aus den beiden Leistungsprüfanstalten Schwarzenau und Grub. Dort werden jährlich 150 bis 200 Eber mit 14 bis 16 Nachkommen je Eber geprüft. Damit werden Sicherheiten der geschätzten Zuchtwerte von 70 bis 75 % erreicht. Eine aussagekräftige Validierung der genomischen Zuchtwertschätzung ist damit nicht möglich, weil der Zuwachs an Sicherheit von der Selektion bis zum Ende der Prüfung nur gering ist. Unterschiede zwischen frühen und späteren Zuchtwerten können daher auch zufälliger Natur sein. Für eine bessere Aussagewäre eine große Anzahl von Ebern mit sehr sicher geschätzten Zuchtwerten erforderlich.

Ziel dieses Projekts war es, über einen Zeitraum von drei Jahren insgesamt 50 Besamungs- eber so intensiv zu prüfen, dass die Sicherheit ihrer konventionell geschätzten Zuchtwerte mindestens 95 % beträgt. Kalkulationen im Rahmen der Projektplanung hatten gezeigt, dass dafür je Eber etwa 100 Prüftiernachkommen anstelle der üblichen 14 bis 16 Prüftiernachkommen erforderlich sind. Auf der Grundlage dieser sicher geprüften Eber sollte das Verfahren der genomischen Zuchtwertschätzung validiert werden. Es sollte sichergestellt sein, dass die Prüftiere tatsächlich von den angegebenen Vätern stammen. Daher sollte bei 10 % der Prüftiere eine SNP-basierte Abstammungskontrolle erfolgen.

## **2 Ergebnisse**

### **2.1 Prüfung der Eber**

#### **2.1.1 Auswahl der Eber**

Die Eber wurden in enger Abstimmung mit den beiden Besamungsstationen Besamungsverein Neustadt a.d. Aisch e.V. (Besamungsverein NEA) und Bayern-Genetik GmbH (Bayern-Genetik) ausgewählt. Die Stationen haben Eber, die aus der Quarantäne gekommen waren und ihren Prüfeinsatz beginnen sollten, dem Institut für Tierzucht (ITZ) gemeldet. Mit Hilfe der Kriterien ‚Verwandtschaft mit der bayerischen Population‘ und ‚Verwandtschaft der Eber untereinander‘ hat das ITZ dann die am besten geeigneten Eber bestimmt. Von November 2019 bis August 2022 wurden acht solcher Auswahlrunden durchgeführt. Insgesamt wurden 58 Eber (jeweils 29 von beiden Besamungsstationen) in das Projekt aufgenommen. Zwei Eber wurden einige Wochen nach der Auswahl wieder gestrichen, weil kein Sperma produziert werden konnte. Ein Eber aus Runde 8, der ebenfalls Probleme hatte, wurde nach sechs Monaten durch einen anderen Eber ersetzt.

Ursprünglich sollten in diesem Projekt 50 Eber berücksichtigt werden. Die zusätzlichen acht Eber konnten ergänzt werden, weil parallel im Rahmen des Verbundprojekts ‚EffiPig‘ (EffiPig - Genetische Verbesserung von Effizienzmerkmalen bei Schweinen zur Reduktion von Nährstoffausscheidungen, 2021) acht Durchgänge mit je 120 Tieren in der LPA Schwarzenau geprüft wurden. Alle Prüftiere waren Nachkommen von Ebern des Validierungsprojekts.

#### **2.1.2 Organisation der Prüfung**

Die Organisation der Prüfung orientierte sich stark an der Routine-Prüfung. Es musste lediglich sichergestellt werden, dass alle Beteiligten immer darüber informiert waren, welche Eber ausgewählt wurden und wie viele Prüfgruppen angemeldet bzw. eingestellt waren. Zu diesem Zweck wurden den Besamungsstationen, den Ämtern für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten, den Ringassistenten des Landeskuratoriums der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern e.V. (LKV) sowie den Mitarbeitern der beiden Leistungsprüfungsanstalten Schwarzenau und Grub in regelmäßigen Abständen entsprechende Listen zugesandt. Es wurden etwa 120 angemeldete Prüftiere je Eber angestrebt. So sollte sichergestellt werden, dass 100 Tiere die Prüfung abschließen, denn erfahrungsgemäß werden nicht alle angemeldeten Tiere auch geliefert; zudem können Tiere während der Prüfung ausfallen.

Die Prüfgruppen wurden von denselben Ferkelerzeugern geliefert, mit denen die Besamungsstationen auch im Rahmen der Routineprüfung zusammenarbeiten (Besamungsverein NEA: 12 Betriebe; Bayern-Genetik: 21 Betriebe). In der Anfangsphase stellte sich jedoch heraus, dass es aus Kapazitätsgründen zu Verzögerungen bei der Prüfung kam. Daher war es enorm hilfreich, dass das Staatsgut Schwarzenau der Bayerischen Staatsgüter (BaySG) ab November 2020 seine Sauenherde zur Verfügung stellte, um bei Bedarf die für das Projekt ausgewählten Eber einzusetzen. Dabei kamen die Eber beider Besamungsstationen abwechselnd zum Einsatz.

### Stand der Prüfung

Die ersten Prüftiere wurden bereits im letzten Quartal des Jahres 2019 eingestellt, also bereits kurz nach Projektbeginn (Abbildung 1). Das war möglich, weil einige der für Runde 1 ausgewählten Eber ihren Prüfeinsatz bereits begonnen hatten, d.h. zum Zeitpunkt der Auswahl lagen Anmeldungen von Prüfgruppen vor. Im ersten Quartal 2021 gab es einen Rückgang bei den Einstellungen, aber ab dem zweiten Quartal des Jahres machte sich positiv bemerkbar, dass auch die BaySG-Sauenherde Prüftiere lieferte. Die LPA Schwarzenau hat zusätzlich auch die Prüftiere aus dem Projekt ‚EffiPig‘ eingestellt. Diese wurden alle von einem einzigen Betrieb in acht Durchgängen geliefert (jeweils zwei Durchgänge innerhalb von zwei Wochen).

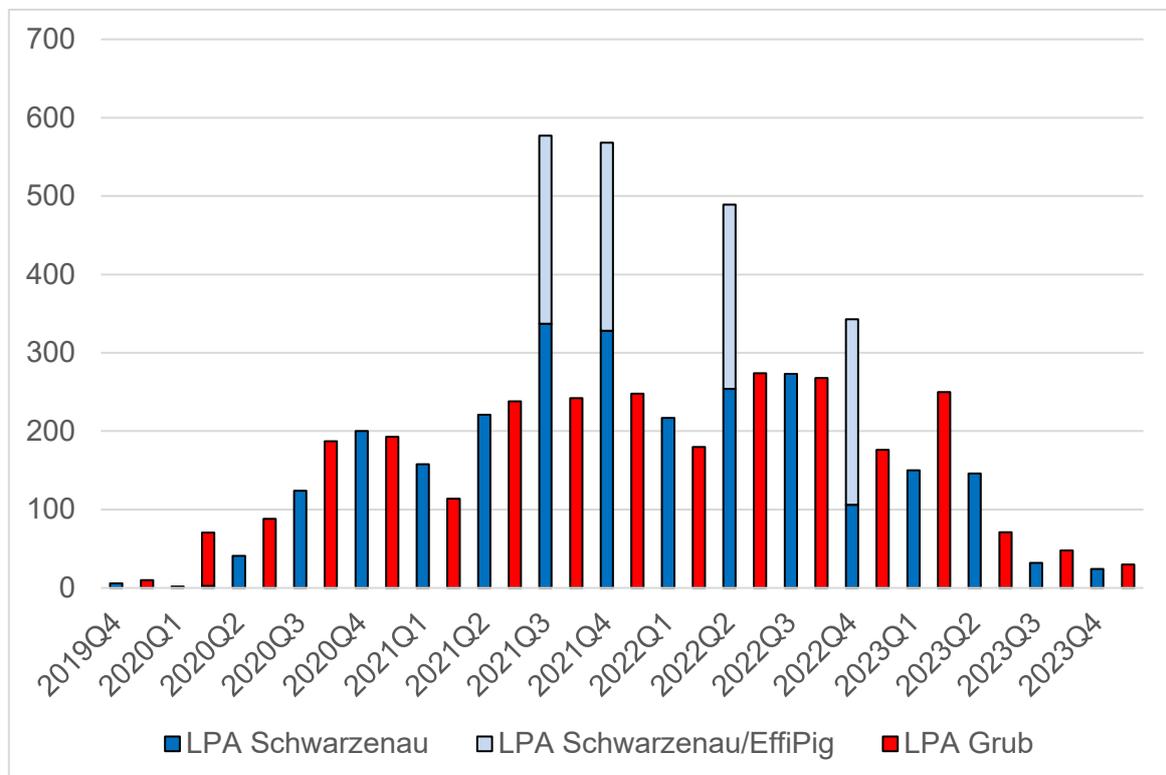


Abbildung 1: Einstellungen der Prüftiere nach Jahr-Quartal und Leistungsprüfungsanstalt

Zum 31.12.2023 haben 5744 der insgesamt 6274 Prüftiere die Prüfung abgeschlossen (Tabelle 1). Lediglich 20 Tiere sind noch nicht eingestallt, sondern angemeldet bzw. zur Abholung vorgesehen. 32 Tiere sind noch in den Quarantänestationen und 94 Tiere sind noch in Prüfung. Es gab insgesamt 384 Ausfälle. In der LPA Schwarzenau wurden deutlich mehr Tiere geprüft als in der LPA Grub, aber der Unterschied wurde durch die insgesamt 952 ‚EffiPig‘-Tiere verursacht.

*Tabelle 1: Status der Prüftiere nach Leistungsprüfungsanstalt*

Status der Prüftiere	Leistungsprüfungsanstalt		
	LPA Schwarzenau	LPA Grub	Gesamt
Zur Stationsprüfung angemeldet	.	6	6
Zur Abholung vorgesehen	.	14	14
In Ferkelaufzucht eingestallt	14	18	32
In Prüfstation eingestallt	35	59	94
Prüfstationsprüfung abgeschlossen	3319	2425	5744
In Ferkelaufzucht ausgefallen	84	33	117
In Prüfstation ausgefallen	117	150	267
<b>Gesamt</b>	<b>3569</b>	<b>2705</b>	<b>6274</b>

Tabelle 2 und Tabelle 3 zeigen, dass die Prüfung der Eber der Runden 1 bis 7 mit einer Ausnahme (Pamasso/Runde 6) abgeschlossen ist. In der Regel wurde die angestrebte Anzahl von 100 geprüften Nachkommen erreicht oder nur knapp verfehlt. Ein Eber (Marvel/Runde 2) ging vorzeitig ab, so dass lediglich 82 Prüftiere die Prüfung abschließen konnten. Vom Eber Epamato hatte es ausreichend Anmeldungen gegeben, aber leider konnten mehrere Prüfgruppen aus der Sauenherde der BaySG nicht eingestallt werden, weil sie kurzfristig für andere Versuche benötigt wurden. Gleichzeitig gab es aber mehrere Eber, die deutlich mehr als 100 Prüftiernachkommen haben. Dabei handelte es sich um Eber, die auch im Projekt ‚EffiPig‘ eingesetzt wurden. Durch den gleichzeitigen Einsatz der Eber in zwei Projekten war es für das LPA-Personal schwierig, die Abberufungen zu koordinieren und die Anzahl der eingestellten Prüftiere zu begrenzen.

Bei den Ebern, deren Nachkommen fertig geprüft sind, lagen im Durchschnitt etwa neun Monate zwischen der Schlachtung des ersten Prüftieres und der Schlachtung des letzten Prüftieres. Allerdings war die Streuung groß: beim Eber Veca hat es nur drei Monate gedauert, beim Eber Pamki dagegen 22 Monate. Auch in der Routine-Prüfung, wo lediglich 16 Nachkommen geprüft werden und die im Durchschnitt fünf Monate dauert, gibt es Eber, bei denen es sehr lange dauert, bis die Prüfung abgeschlossen ist, z.B. weil sie über längere Zeit wegen gesundheitlicher Probleme kein Sperma produzieren konnten.

Tabelle 2: Status der Prüftiere nach Eber (Runden 1 bis 5)

Runde	Eber	Status der Prüftiere <sup>1</sup>						
		1	2	3	4	203	204	5
1	052617798 Fellmu	.	.	.	.	.	2	113
1	052617812 Cawur	.	.	.	.	1	3	104
1	052865149 Zevink	.	.	.	.	4	4	100
1	052865167 Pamki	.	.	.	.	2	1	96
1	052865179 Bomal	.	.	.	.	2	2	107
2	052617837 Momac	.	.	.	.	3	5	110
2	052617843 Mamopo	.	.	.	.	.	2	96
2	052617846 Mavel	.	.	.	.	4	2	82
2	052865200 Massmack	.	.	.	.	3	3	100
2	052865210 Mascara	.	.	.	.	1	4	105
2	052865212 Massaron	.	.	.	.	1	9	96
3	052617663 Mamevo	.	.	.	.	5	3	98
3	052617683 Wamagu	.	.	.	.	2	3	97
3	052617705 Vemalli	.	.	.	.	1	7	101
3	052617709 Wamoppi	.	.	.	.	1	4	104
3	052865226 Imwart	.	.	.	.	.	6	103
3	052865242 Panwad	.	.	.	.	1	7	119
3	052865280 Wadtopia	.	.	.	.	.	2	110
4	052617715 Bewege	.	.	.	.	6	3	93
4	052617720 Veca	.	.	.	.	2	7	130
4	052617723 Cawico	.	.	.	.	5	7	92
4	052617725 Mencoma	.	.	.	.	.	4	92
4	052865307 Ulkern	.	.	.	.	1	3	94
4	052865324 Mamato	.	.	.	.	1	10	142
4	052865331 Maskita	.	.	.	.	1	2	97
4	052865332 Igamba	.	.	.	.	2	6	103
5	052617550 Zewa	.	.	.	.	2	5	96
5	052617551 Mai	.	.	.	.	2	4	115
5	052617731 Bomucha	.	.	.	.	3	1	100
5	052617741 Vewad	.	.	.	.	1	6	117
5	052865340 Masstera	.	.	.	.	.	7	112
5	052865342 Wamesto	.	.	.	.	1	7	99
5	052865344 Mareva	.	.	.	.	1	12	121

<sup>1</sup>Status der Prüftiere: 1: angemeldet; 2: zur Abholung vorgesehen; 3: in Ferkelaufzucht eingestallt; 4: in Prüfstation eingestallt; 203: in Ferkelaufzucht ausgefallen; 204: in Prüfstation ausgefallen; 5: Prüfstationsprüfung abgeschlossen

Tabelle 3: Status der Prüftiere nach Eber (Runden 6 bis 8)

Runde	Eber	Status der Prüftiere <sup>1</sup>						
		1	2	3	4	203	204	5
6	052617564 Jumass	.	.	.	.	9	7	125
6	052617571 Pamasso	.	.	.	7	1	8	97
6	052617578 Elpam	.	.	.	.	3	9	142
6	052617582 Pawatz	.	.	.	.	5	3	97
6	052865362 Pamigo	.	.	.	.	.	7	106
6	052865374 Markato	.	.	.	.	.	4	120
6	052865375 Wagal	.	.	.	.	.	6	104
6	052865378 Wabind	.	.	.	.	6	5	107
7	052617608 Mawaro	.	.	.	.	4	4	101
7	052617611 Epamato	.	.	.	.	9	3	82
7	052617620 Pawam	.	.	.	.	3	6	107
7	052617622 Bapasu	.	.	.	.	3	1	140
7	052865395 Jumito	.	.	.	.	4	8	137
7	052865397 Imsee	.	.	.	.	.	10	98
7	052865410 Wadek	.	.	.	.	.	8	107
7	052865412 Pamlos	.	.	.	.	.	4	109
8	052614001 Barmugo	.	.	.	19	2	6	83
8	052614004 Wamara	.	.	.	8	3	3	86
8	052617644 Camado	.	.	14	37	1	1	41
8	052865385 Wachsum	.	.	.	.	.	3	87
8	052865396 Wadpik	.	.	10	14	2	3	84
8	052865421 Pamabil	.	.	.	.	3	3	94
8	052865436 Cadema	6	14	8	8	.	2	46

<sup>1</sup>Status der Prüftiere: 1: angemeldet; 2: zur Abholung vorgesehen; 3: in Ferkelaufzucht eingestellt; 4: in Prüfstation eingestellt; 203: in Ferkelaufzucht ausgefallen; 204: in Prüfstation ausgefallen; 5: Prüfstationsprüfung abgeschlossen

Aus Tabelle 4 geht hervor, dass von den beiden Besamungsstationen fast gleich viele Prüftiere eingestellt wurden. Sowohl durch den routinemäßigen Austausch von Prüfgruppen zwischen den LPAs als auch durch den Einsatz von Ebern beider Stationen im Projekt ‚Effi-Pig‘ wurde sichergestellt, dass die Verteilung LPA – Besamungsstation ausreichend balanciert war.

Tabelle 4: Verteilung der Prüftiere nach Leistungsprüfungsanstalt und Besamungsstation

Besamungsstation	Leistungsprüfungsanstalt		Gesamt
	LPA Schwarzenau	LPA Grub	
Besamungsverein NEA	2805	322	3127
Bayern-Genetik	764	2383	3147
Gesamt	3569	2705	6274

### 2.1.3 Abstammungsüberprüfung

Für eine Zuchtwertschätzung ist es von großer Bedeutung, dass die Abstammung der Prüftiere korrekt ist. Dazu wird in der Routine-Prüfung bei etwa 5 % der Prüftiere eine SNP-basierte Abstammungskontrolle durchgeführt. Für dieses Projekt wurde ein doppelt so hoher Anteil angestrebt. Letztendlich wurden sogar fast 25% der Prüftiere überprüft. Der hohe Anteil ist darauf zurückzuführen, dass fast alle ‚EffiPig‘-Prüftiere überprüft wurden. Bei den anderen Prüftieren des Projekts lag der Anteil bei 12 %. Der Anteil der Fehl Abstammungen lag bei etwa 5 % und zeigt damit, dass die Beschicker der Leistungsprüfung sorgfältig arbeiten. In den meisten Fällen konnten die Abstammungen korrigiert werden, so dass die Leistungen der Prüftiere in der Zuchtwertschätzung berücksichtigt werden konnten. Lediglich zwölf Prüftiere mussten wegen fehlerhafter Abstammung von den Auswertungen ausgeschlossen werden.

## 2.2 Validierung

### 2.2.1 Daten

Bei der Validierung von Zuchtwertschätzverfahren werden aktuelle Zuchtwerte einer definierten Gruppe von Tieren mit den Zuchtwerten, die diese Tiere zum Zeitpunkt ihrer Selektion hatten, verglichen. Zum Beispiel ist es in der Rinderzucht üblich, für die Erstellung eines sogenannten reduzierten Datensatzes die Leistungsinformationen der letzten vier Jahre nicht zu berücksichtigen. Ein vergleichbarer Ansatz war für dieses Projekt nicht möglich. Das erste Prüftier eines Projektebers ist Anfang März 2020 geschlachtet worden. Bei einem Datenschnitt zu dem Zeitpunkt hätten die Vorfahren der in den späten Runden ausgewählten Eber erst sehr wenige oder gar keine Leistungsinformationen gehabt; entsprechend unsicher wären dann auch die geschätzten Zuchtwerte der Projekteber.

Für die Erstellung des reduzierten Datensatzes wurde daher der Ansatz gewählt, ausgehend vom aktuellen Datenstand lediglich die Leistungen der Nachkommen der Projekteber nicht zu berücksichtigen. Das bedeutet allerdings, dass die Zuchtwerte der Eber nur eingeschränkt mit den Zuchtwerten, auf deren denen sie ursprünglich selektiert worden waren, vergleichbar waren. Zum Beispiel hatten Eberväter, die bei der Auswahl ihrer Söhne selbst noch ungeprüft waren, in diesem reduzierten Datensatz Prüftiernachkommen. Zur Verdeutlichung hier noch einmal eine kurze Beschreibung der beiden Datensätze:

- Voller Datensatz
  - Datenbestand der Routine-Zuchtwertschätzungen vom 07.12.2023
  - Zusätzlich reduziert um Leistungen mit Bezug zu den Projektebern
    - Leistungen direkter Reinzucht-Prüftiernachkommen
    - Leistungen der Reinzucht-Nachkommen von Töchtern oder Söhnen
    - Leistungen der Kreuzungs-Nachkommen von Söhnen
  - Alle genomischen Informationen enthalten
- Reduzierter Datensatz
  - Wie voller Datensatz
  - Zusätzlich reduziert um die Leistungen direkter Kreuzungsnachkommen der Projekteber
  - Alle genomischen Informationen enthalten

Sowohl für den vollen Datensatz als auch für den reduzierten Datensatz wurden jeweils eine konventionelle und eine genomische Zuchtwertschätzung durchgeführt. Die Zuchtwerte sowie die konventionellen Sicherheiten wurden mit den Software-Paketen MiX99 bzw.

ApaX99 (MiX99 Development Team, 2022) geschätzt, für die Schätzung der genomischen Sicherheiten kam zusätzlich die Software SNP\_BLUP\_REL (Strandén und Mäntysaari, 2019) zum Einsatz. Für die Validierung wurden die Eber der Runden 1 bis 7 berücksichtigt; die Eber der Runde 8 haben, mit einer Ausnahme, die angestrebte Anzahl an Nachkommen noch nicht erreicht. Für die Auswertungen standen damit 49 Eber mit jeweils vier Zuchtwerten zur Verfügung. Bei der Planung des Projekts war man davon ausgegangen, mit 100 Nachkommen Sicherheiten konventioneller Zuchtwerte von etwa 95 % zu erreichen. Tabelle 5 zeigt, dass dieser kalkulierte Wert für die Sicherheiten des vollen Datensatzes fast erreicht worden ist. Für die Zuchtwerte aus dem reduzierten Datensatz wurde durch die Berücksichtigung der SNP-Daten ein enormer Sicherheitsgewinn ausgewiesen: die durchschnittliche Sicherheit stieg von 31,2 % (konventionell) auf 65,8 % (genomisch). Im vollen Datensatz waren die genomischen Sicherheiten nur geringfügig größer als die konventionellen Sicherheiten. Zum Vergleich: im Rahmen der Routineprüfung mit 14 bis 16 Prüftieren geprüfte Eber erreichen Sicherheiten von etwa 65 % (konventionelle Zuchtwerte) bzw. 75 % (genomische Zuchtwerte).

*Tabelle 5: Mittelwerte für Anzahl der Nachkommen in der Zuchtwertschätzung und für Sicherheiten aus den verschiedenen Schätzläufen (Eber der Runden 1 bis 7)*

Parameter	Mittelwert	Minimum	Maximum
Anzahl Nachkommen	106,1	82	142
<i>Sicherheiten</i>			
Reduzierter Datensatz; konventionell	31,2	22	40
Reduzierter Datensatz; genomisch	65,8	58	72
Voller Datensatz; konventionell	92,8	91	95
Voller Datensatz; genomisch	93,7	92	95

### 2.2.2 Methode

In der Schweinezucht etablierte Methoden zur Validierung genomischer Schätzverfahren sind nicht bekannt. Eine Studie (Putz et al., 2018) kam zu keinen eindeutigen Ergebnissen. In einer Studie mit einer simulierten Rinderpopulation erwiesen sich lineare Regressionsmodelle als gut geeignet, um Single-Step-Verfahren zu validieren (Himmelbauer et al., 2023). Die sogenannte LR-Methode geht auf Arbeiten von Legarra und Reverter (2018) und Macedo et al. (2020) zurück.

Daher wurde die LR-Methode gewählt, um in diesem Projekt das am ITZ für die genomische Zuchtwertschätzung beim Schwein implementierte Single-Step-Verfahren zu validieren. Dazu wurde eine lineare Regression der Zuchtwerte aus dem vollen Datensatz auf die Zuchtwerte aus dem reduzierten Datensatz modelliert. Auf diese Weise wurden für den Gesamtzuchtwert und für die zehn Einzelmerkmale sowohl die Konstante (Differenz zwischen den mittleren Zuchtwerten aus vollem und reduziertem Datensatz) als auch die Dispersion (Regressionskoeffizient) ermittelt. Der Erwartungswert für die Konstante beträgt 0, d.h. zwischen den mittleren Zuchtwerten aus den beiden Datensätzen sollte es keinen Unterschied geben. Wenn die Konstante negativ ist, bedeutet es, dass die Zuchtwerte aus dem reduzierten Lauf unterschätzt sind; bei einer positiven Konstante wären sie überschätzt. Der Erwartungswert für die Dispersion beträgt 1. Ein Koeffizient kleiner als 1 (Überdispersion) weist darauf hin, dass in der Schätzung mit dem reduzierten Datensatz hohe Zuchtwerte überschätzt und niedrige Zuchtwerte unterschätzt sind. Bei einer Dispersion größer als 1 ist

es umgekehrt. Nach Legarra und Reverter (2017) ist in einer Zuchtwertschätzung, für die ein solcher Test eine Konstante von 0 und eine Dispersion von 1 ergibt, ein fairer Vergleich über alte und junge Tiere hinweg gewährleistet. Übertragen auf die Schweinezucht heißt es, dass ein Vergleich geprüfter und ungeprüfter Eber möglich ist. Damit wird auch deutlich, warum eine Validierung konventioneller Schätzverfahren keine hohe Relevanz hatte, denn vor der Einführung der genomischen Selektion wurde nur innerhalb der geprüften Eber selektiert.

### 2.2.3 Ergebnisse

Es wurden sowohl die konventionellen als auch die genomischen Zuchtwerte aus den beiden Datensätzen mit der LR-Methode verglichen. Damit die Konstante für alle Merkmale eine einheitliche Skala hatte, wurden die Zuchtwerte auf ihre jeweilige genetische Standardabweichung standardisiert. In Tabelle 6 sind die Ergebnisse der Validierung der konventionellen Zuchtwertschätzung dargestellt. Bei fast allen Merkmalen wichen Konstante und Dispersion nicht signifikant von den Erwartungswerten ab. Lediglich in den Merkmalen pH1 (Konstante hochsignifikant größer als 0) und Futteraufwand (Dispersion signifikant kleiner als 1) gab es Auffälligkeiten.

Tabelle 6: Ergebnisse der LR-Methode (konventionelle standardisierte Zuchtwerte)

Merkmal	Konstante	Irrtumswahrscheinlichkeit <sup>1</sup>	Dispersion	Irrtumswahrscheinlichkeit <sup>1</sup>
Gesamtzuchtwert	1,07056	0,0744	0,6810	0,1044
Futteraufwand je kg Zuwachs	0,1828	0,0763	0,4940	0,0304*
Tägl. Zunahme	0,1236	0,2709	0,9127	0,7010
Fleischanteil nach Formel	-0,0904	0,3668	0,9871	0,9506
Fleischanteil im Bauch	-0,0622	0,5492	0,9354	0,7628
Rückenmuskelfläche	-0,1174	0,3481	0,6107	0,1136
Fleisch:Fett-Verhältnis	-0,0107	0,9166	0,9506	0,8116
Schlachtkörperlänge	0,0895	0,4644	0,7551	0,3374
Intramuskulärer Fettgehalt	-0,0165	0,8696	1,0667	0,7734
pH1 (Kotelett)	0,2908	0,0014**	0,7662	0,2581
Tropfsaftverlust	0,1315	0,1683	0,9241	0,6889

<sup>1</sup>Irrtumswahrscheinlichkeit < 0,01: \*\*; Irrtumswahrscheinlichkeit < 0,05: \*

Der Vergleich der genomischen Zuchtwerte mit der LR-Methode ergab, dass sowohl die Werte für Konstante als auch die Werte für die Dispersion näher an den Erwartungswerten lagen (Tabelle 7). Allerdings waren auch hier die Merkmale Futteraufwand und pH1 auffällig. Bei beiden wick die Konstante signifikant bzw. hochsignifikant von 0 ab.

*Tabelle 7: Ergebnisse der LR-Methode (genomische standardisierte Zuchtwerte)*

Merkmal	Konstante	Irrtumswahrscheinlichkeit <sup>1</sup>	Dispersion	Irrtumswahrscheinlichkeit <sup>1</sup>
Gesamtzuchtwert	0,0519	0,9079	1,0221	0,8737
Futteraufwand je kg Zuwachs	0,1712	0,0295*	0,9251	0,5732
Tägl. Zunahme	0,1575	0,0837	0,8865	0,3912
Fleischanteil nach Formel	-0,0973	0,2615	1,1356	0,3966
Fleischanteil im Bauch	-0,0229	0,7957	1,1170	0,5015
Rückenmuskelfläche	-0,0565	0,4767	1,0464	0,6845
Fleisch:Fett-Verhältnis	0,0078	0,9256	1,1213	0,4377
Schlachtkörperlänge	0,1234	0,1232	0,8973	0,3871
Intramuskulärer Fettgehalt	-0,1116	0,1996	1,0147	0,9205
pH1 (Kotelett)	0,1987	0,0003**	0,9078	0,2509
Tropfsaftverlust	0,0832	0,2178	0,8771	0,1734

<sup>1</sup>Irrtumswahrscheinlichkeit < 0,01: \*\*; Irrtumswahrscheinlichkeit < 0,05: \*

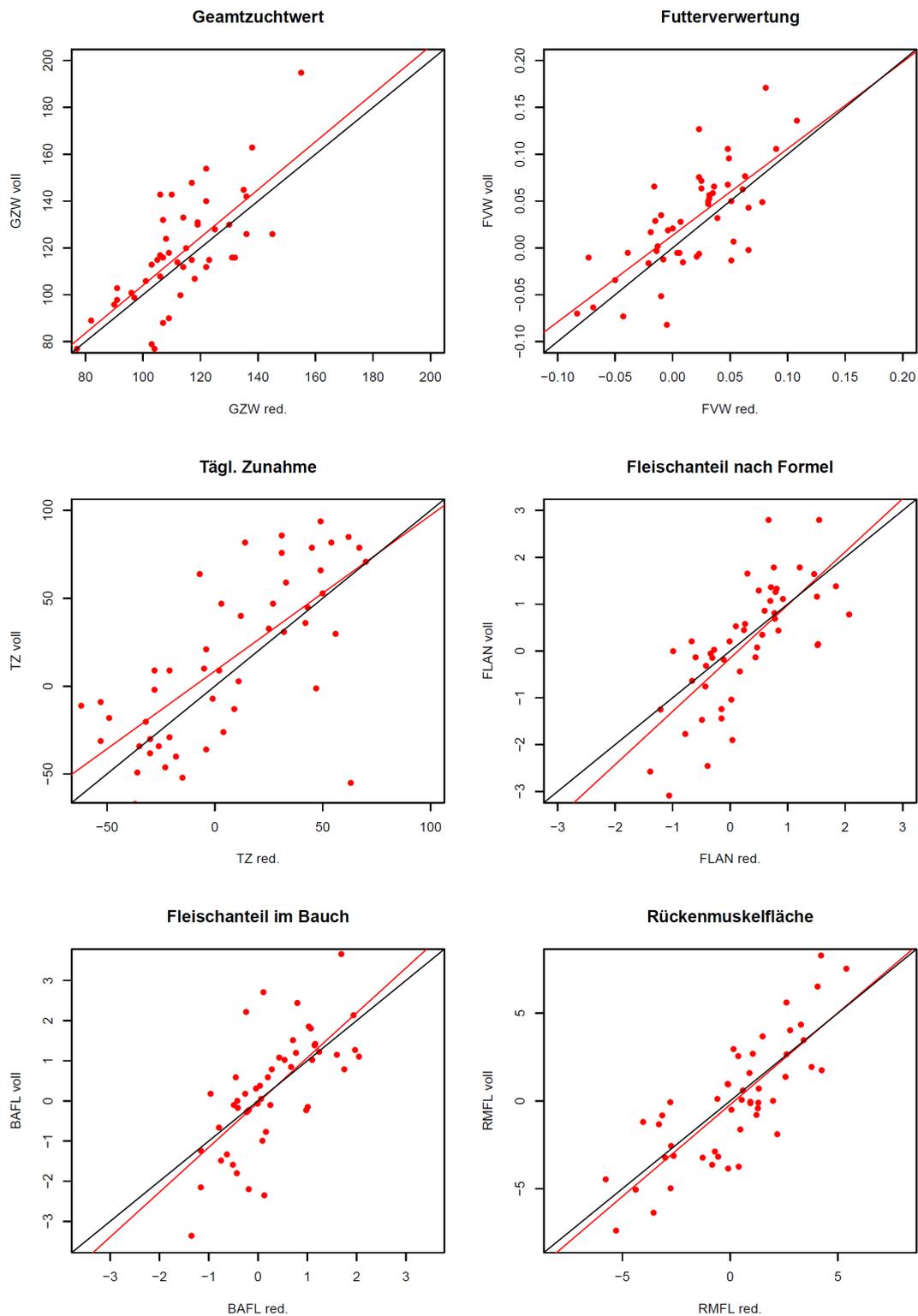


Abbildung 2: Vergleich der genomischen Zuchtwerte aus reduziertem und vollem Datensatz (Die Punkte symbolisieren die einzelnen Eber; die rote Linie ist die Regressionsgerade aus der LR-Methode; die schwarze Linie ist eine Regressionsgerade mit Konstante = 0 und Dispersion = 1)

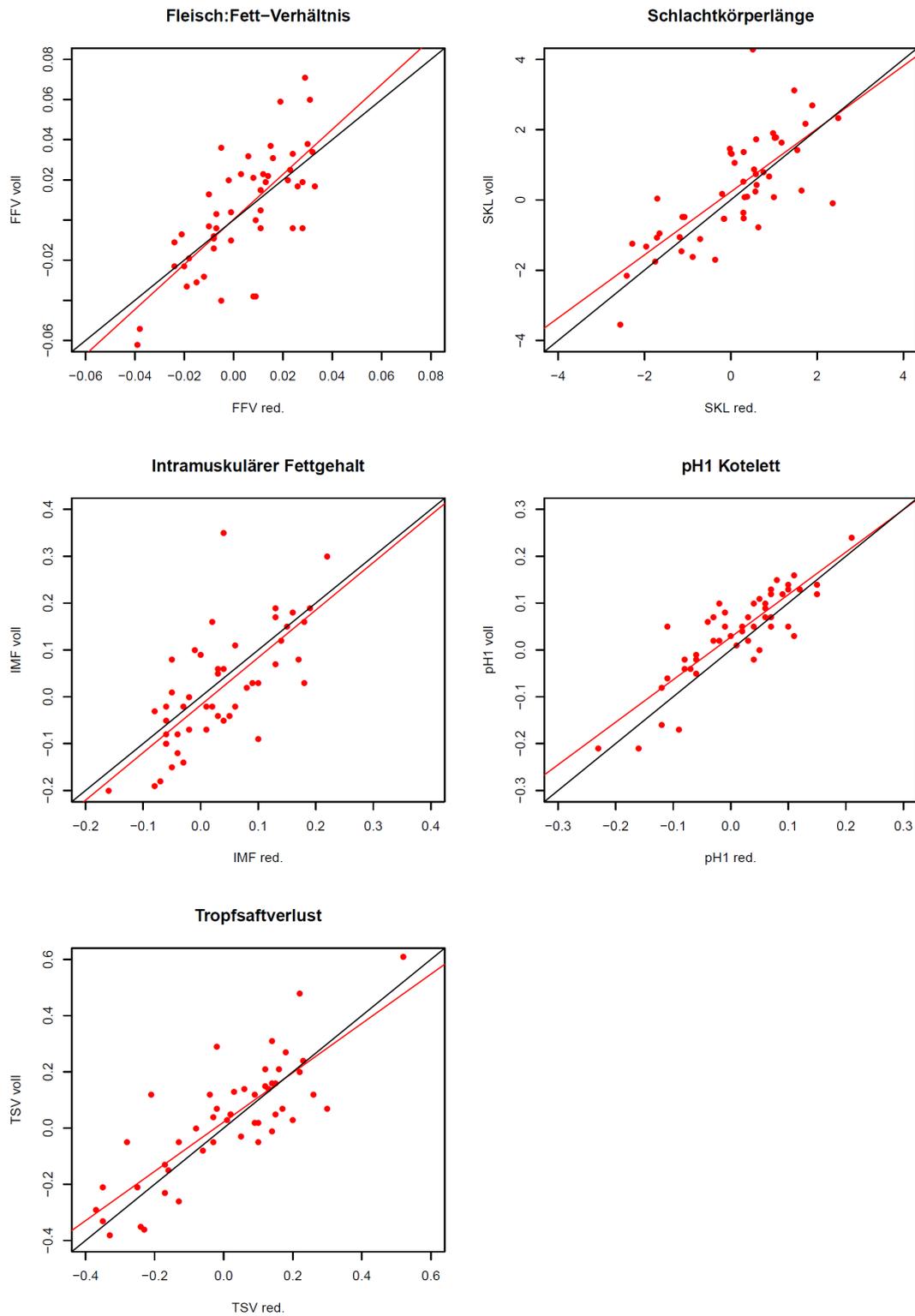


Abbildung 3: Vergleich der genomischen Zuchtwerte aus reduziertem und vollem Datensatz (Die Punkte symbolisieren die einzelnen Eber; die rote Linie ist die Regressionsgerade aus der LR-Methode; die schwarze Linie ist eine Regressionsgerade mit Konstante = 0 und Dispersion = 1)

Die Korrelationen zwischen den genomischen Zuchtwerten aus dem reduzierten und aus dem vollem Datensatz waren deutlich höher als die Korrelationen zwischen den konventionellen Zuchtwerten (Tabelle 8). Die Korrelationen zwischen konventionellen und genomischen Zuchtwerten aus dem vollen Datensatz ( $r_{KvGv}$ ) waren sehr hoch, gleichzeitig bedeutet eine Korrelation von 0,97 zwischen den Gesamtzuchtwerten aber auch, dass selbst bei etwa 100 Prüftiernachkommen die genomische Information noch einen Einfluss auf die Zuchtwerte hatte. Die gute Vorhersagekraft der genomischen Zuchtwerte aus dem reduzierten Datensatz wurde durch die hohen Korrelationen mit den konventionellen Zuchtwerten aus dem vollen Datensatz ( $r_{GrKv}$ ) unterstrichen.

Tabelle 8: Korrelationen zwischen Zuchtwerten

Merkmal	$r_K^1$	$r_G^2$	$r_{KvGv}^3$	$r_{GrKv}^4$
Gesamtzuchtwert	0,46	0,73	0,97	0,60
Futtermittel je kg Zuwachs	0,30	0,71	0,98	0,61
Tägl. Zunahme	0,51	0,70	0,98	0,59
Fleischanteil nach Formel	0,57	0,72	0,99	0,66
Fleischanteil im Bauch	0,54	0,69	0,99	0,63
Rückenmuskelfläche	0,35	0,80	0,99	0,71
Fleisch:Fett-Verhältnis	0,56	0,73	0,99	0,67
Schlachtkörperlänge	0,40	0,74	0,99	0,65
Intramuskulärer Fettgehalt	0,56	0,71	0,99	0,64
pH1 (Kotelett)	0,48	0,86	0,99	0,79
Tropfsaftverlust	0,58	0,82	0,99	0,76

<sup>1</sup>Korrelation zwischen konventionellen Zuchtwerten aus reduziertem und vollem Datensatz

<sup>2</sup>Korrelation zwischen genomischen Zuchtwerten aus reduziertem und vollem Datensatz

<sup>3</sup>Korrelation zwischen konventionellen und genomischen Zuchtwerten aus vollem Datensatz

<sup>4</sup>Korrelation zwischen genomischen Zuchtwerten aus reduziertem Datensatz und konventionellen Zuchtwerten aus vollem Datensatz

Ein weiterer Ansatz, die Übereinstimmung der Zuchtwerte aus den Schätzläufen mit reduzierten und vollen Daten zu vergleichen, ist es, die Anzahl der aus den jeweiligen Listen ausgewählten Eber zu ermitteln (Tabelle 9). Bei einer Sortierung der konventionellen Zuchtwerte der 49 Eber aus dem reduzierten Datensatz nach dem Gesamtzuchtwert waren fünf der besten zehn Eber auch unter den nach dem Gesamtzuchtwert aus dem vollen Datensatz besten zehn Ebern. Bei den genomischen Zuchtwerten waren es vier Eber, die übereinstimmend aus den beiden nach Gesamtzuchtwert sortierten Listen ausgewählt wurden. Wenn nur die besten fünf Eber ausgewählt wurden, gab es einen übereinstimmend ausgewählten Eber (konventionelle Zuchtwerte) bzw. zwei (genomische Zuchtwerte). Bei den Einzelmerkmalen war die Übereinstimmung bei den genomischen Zuchtwerten insgesamt höher. Allerdings ist diese Art des Vergleichs wegen der geringen Anzahl der Eber nur bedingt aussagekräftig, weil die Abstände zwischen den Zuchtwerten unterschiedlich groß waren.

*Tabelle 9: Anzahl der übereinstimmend aus zwei Zuchtwertlisten (Reduzierter bzw. voller Datensatz) ausgewählter Eber nach Art der Zuchtwertschätzung und Merkmal*

Merkmal	Konventionelle Zuchtwerte		Genomische Zuchtwerte	
	Anzahl ausgewählter Eber			
	10	5	10	5
Gesamtzuchtwert	5	1	4	2
Futtermaterial je kg Zuwachs	3	1	4	3
Tägl. Zunahme	4	2	6	1
Fleischanteil nach Formel	6	1	4	1
Fleischanteil im Bauch	4	2	4	2
Rückenmuskelfläche	2	0	7	3
Fleisch:Fett-Verhältnis	4	2	5	3
Schlachtkörperlänge	2	0	7	3
Intramuskulärer Fettgehalt	5	1	8	2
pH1 (Kotelett)	5	2	8	3
Tropfsaftverlust	6	2	6	2

### 2.3 Ausblick

Das vorliegende Projekt hat gezeigt, dass die mit der von ITZ aufgebauten genomischen Zuchtwertschätzung ermittelten Zuchtwerte für sehr junge Kandidaten eine hinreichend genaue Vorhersage des späteren Zuchtwerts, nach Vorliegen der Leistungen von Nachkommen, liefern. Allerdings kann eine solch aufwändige Validierung nicht regelmäßig wiederholt werden. Aufbauend auf den Erkenntnissen aus diesem Forschungsprojekt sollen daher Methoden entwickelt werden, wie eine Validierung des Single-Step-Verfahrens auf der Basis von ausschließlich im Rahmen der Routineprüfung erzeugten Prüftiernachkommen erfolgen könnte, um eine regelmäßige Validierung in kurzen Zeitabständen zu ermöglichen. Zusätzlich soll untersucht werden, ob diese Methoden auch geeignet sind, um die genomische Zuchtwertschätzung bei den Mutterrassen zu validieren. Auch dort wird ein Single-Step-Verfahren verwendet, aber das Modell ist aufgrund des größeren Merkmalspektrums (Fruchtbarkeitsmerkmale) wesentlich komplexer.

### 3 Wissenstransfer

#### 3.1 Vorträge aus dem Projekt

Referenten	Titel	Veranstalter, Zielgruppe	Ort, Datum
Dodenhoff, J.	Validierung der genomisch-optimierten Zuchtwertschätzung beim Schwein - Aktueller Stand	LfL; Vertreter Zucht und Besamung Schweinezucht Bayern	Grub, 2.8.2023
Dodenhoff, J.	Validierung der genomisch-optimierten Zuchtwertschätzung beim Schwein - Aktueller Stand	LfL; Vertreter Zucht und Besamung Schweinezucht Bayern	Grub, 11.8.2022
Dodenhoff, J., Erbe, M.; Eisenreich, R.; Götze, K.U.	Validierung der genomisch-optimierten Zuchtwertschätzung beim Schwein - Aktueller Stand	LfL; Vertreter Zucht und Besamung Schweinezucht Bayern	Grub, 7.7.2021
Dodenhoff, J.	Projekt 'Validierung der genomisch-optimierten Zuchtwertschätzung beim Schwein'	LfL/EGZH; Züchter, Fachberater	Paulushofen, 12.3.2020
Dodenhoff, J.	Validierung der genomisch-optimierten Zuchtwertschätzung beim Schwein - Aktueller Stand	LfL; Vertreter Zucht und Besamung Schweinezucht Bayern	Grub, 28.9.2020

## Literaturverzeichnis

### 4 Literaturverzeichnis

- Dodenhoff, J., und M. Erbe. „Ein Meilenstein für die Schweinezucht - Genomisch optimierte Zuchtwerte für Piétrain- und für Deutsche-Landrasse-Eber.“ *Bayerisches Landwirtschaftliches Wochenblatt*, Nr. 19:46 (2016).
- Edel, C., und K.-U. Götz. „Das Single-Step Verfahren der genomischen Zuchtwertschätzung: Eine Einführung.“ *Züchtungskunde* 95:73-77 (2023).
- EffiPig - Genetische Verbesserung von Effizienzmerkmalen bei Schweinen zur Reduktion von Nährstoffausscheidungen.* 2021. <https://www.fbf-forschung.de/genomanalyse/projekte-genom-schwein.html> (Zugriff am 02. 01 2024).
- Erbe, M., J. Dodenhoff, und K.-U. Götz. „Genomische Selektion beim Schwein in Bayern.“ *DGfZ-Schriftenreihe*, Nr. 69:94-104 (2016).
- FroGS - Fruchtbarkeitsoptimierung durch Genomische Selektion.* 2014. [https://www.lfl.bayern.de/mam/cms07/itz/dateien/schwein\\_genomische\\_selektion\\_endbericht\\_frogs.pdf](https://www.lfl.bayern.de/mam/cms07/itz/dateien/schwein_genomische_selektion_endbericht_frogs.pdf) (Zugriff am 02. 01 2024).
- Haberland, A., J. Dodenhoff, und K.-U. Götz. „Untersuchungen zur Wirtschaftlichkeit der genomischen Selektion beim bayerischen Piétrainschwein.“ *DGfZ-Schriftenreihe*, Nr. 69:133-142 (2016).
- Himmelbauer, J., Schwarzenbacher, H., Fuerst, C., Fuerst-Waltl, C. „Comparison of different validation methods for single-step genomic evaluations based on a simulated cattle population.“ *J. Dairy Sci.* 106:9026-9043 (2023).
- InGeniS - Integrierte genomische Forschung und Anwendung in der bayerischen Schweinezucht.* 2017. [https://www.lfl.bayern.de/mam/cms07/itz/dateien/schwein\\_ingenis\\_abschlussbericht.pdf](https://www.lfl.bayern.de/mam/cms07/itz/dateien/schwein_ingenis_abschlussbericht.pdf) (Zugriff am 02. 01 2024).
- INTERBULL.* 2023. <https://interbull.org/ib/validation> (Zugriff am 02. 01 2024).
- Legarra, A., Reverter, A. „Can we frame and understand cross-validation results in animal breeding?“ *Proc. Assoc. Advmt. Anim. Breed. Genet.* 22:73-80 (2017).
- Legarra, A., Reverter, A. „Semi-parametric estimates of population accuracy and bias of predictions of breeding values and future phenotypes using the LR method.“ *Genet. Sel. Evol.* 50:53 (2018).
- LPA-Jahresbericht.* 2022. <https://www.lfl.bayern.de/mam/cms07/publikationen/daten/informationen/jahresbericht-2022-leistungspruefungen-zuchtwertschaetzung-schwein-lfl-information.bf.pdf> (Zugriff am 02. 01 2024).
- Macedo, F. L., Reverter, A., Legarra, A. „Behaviour of the Linear Regression method to estimate bias and accuracies with correct and incorrect genetic evaluation models.“ *J. Dairy Sci.* 103:529–544. (2020).

- MiX99 Development Team. „MiX99: A software package for solving large mixed model equations.“ Natural Resources Institute Finland (Luke), Jokioinen, Finland, 2022.
- Putz, A.M., Tiezzi, F., Maltecca, C., Gray, K.A., Knauer, M.T. „A comparison of accuracy validation methods for genomic and pedigree-based predictions of swine litter size traits.“ *J Anim Breed Genet* 135:5-13 (2018).
- Strandén, I., Mäntysaari, E. A. „SNP\_BLUP\_REL program.“ Natural Resources Institute Finland (Luke). Jokioinen, Finland, 2019.