

Genomische Selektion beim Schwein – Fährt der Zug schon und wenn ja, wohin?

Dr. Kay-Uwe Götz
Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft
Institut für Tierzucht

Wer sich neben der Schweinezucht auch für Rinder interessiert hat es bestimmt schon mitbekommen: Im letzten Jahr reden alle nur von der „genomischen Selektion“. Optimisten prophezeien einen doppelt so hohen Zuchtfortschritt, erhebliche Einsparungen im Zuchtprogramm und zusätzlich noch die Chance, die schwierigen funktionalen Merkmale besser zu bearbeiten. Was ist dran an diesen Aussagen? Gelten Sie auch für Schweine? Dieser Artikel versucht, etwas Licht in die Thematik zu bringen.

Hintergrund

Schweinezüchter wissen schon seit Längerem, dass man die genetische Veranlagung von Tieren an einzelnen Genorten untersuchen kann. Das klassische Beispiel ist der MHS-Test, mit dem wir in den neunziger Jahren die Stresssanierung unserer Schweinerassen durchgeführt haben. Beim MHS-Test wurde ein einzelner Genort untersucht und der Genotyp des Tieres war entweder NN, NP oder PP. Eine solche Untersuchung kostete rund 20,- € für einen einzelnen Genort. Bei der heutigen Abstammungsuntersuchung werden 10 Genorte zum Preis von 25,- € untersucht. Vor einigen Jahren kam es zu einem Quantensprung in der Untersuchung von Genorten. Man entdeckte eine neue Klasse von Genorten, die sich sehr preiswert bestimmen lassen und in sehr großer Anzahl in der Erbsubstanz von Menschen und Tieren vorkommen. Man bezeichnet diese Genorte als „SNP-Marker“ und man kann mehrere tausend davon auf eine einzige Glasplatte in der Größe eines Objektträgers packen. Umgangssprachlich bezeichnet man solche Glasplatten als „SNP-Chips“ in Anlehnung an die Computertechnologie, wo ein Mikrochip ja auch sehr viele Transistoren in sehr dichter Packung enthält. Derzeit kennen wir bei Schweinen SNP-Chips mit 60.000 verschiedenen SNPs, bei Rindern und Menschen gibt es aber schon Chips mit 800.000 oder sogar mehr als 1 Million SNPs.

Abb. 1 zeigt einen solchen Chip, mit dem 12 Schweine gleichzeitig untersucht werden können. Man bringt „zerkleinerte“ DNA auf den Chip auf und dort, wo sie an die SNP-Marker bindet, kann man mit einem automatischen Lesegerät ein Farbsignal erkennen. Wie die Technik genau funktioniert, kann man in der Kürze nicht beschreiben, aber mit dem Chip in Abb. 1 kann man bei einem Tier den Genotyp an 60.000 Genorten gleichzeitig, in sehr kurzer Zeit und für einen Preis von ca. 150,- € feststellen. Mit dieser Information kann man in der Folge weitere Untersuchungen und Berechnungen anstellen.

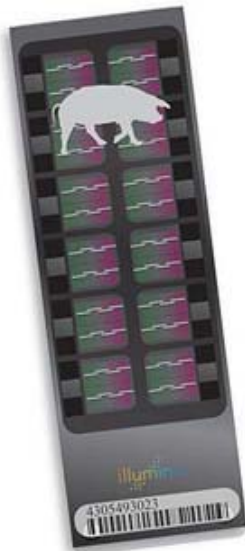


Foto: Illumina Inc.

Abb. 1: Illumina PorcineSNP60 Bead Chip zur gleichzeitigen Untersuchung von 12 Schweinen

Schätzung der Geneffekte

Bereits seit Langem sind Wissenschaftler in der Lage, die Auswirkungen einzelner Gene auf tierische Leistungen zu bestimmen. So hat man bereits in den achtziger Jahren festgestellt, dass der Unterschied zwischen stressempfindlichen und stressunempfindlichen Schweinen bei ca. 1,5% Magerfleischanteil liegt. Ebenso konnte man die Auswirkungen des MHS-Genorts auf die Fleischqualität bestimmen. Ähnliche Methoden wendet man heute gleichzeitig auf die 60.000 Genorte an, die mit dem SNP-Chip bestimmt werden.

Im ersten Schritt schätzt man die Auswirkungen jedes einzelnen Genorts auf ein bestimmtes Leistungsmerkmal mit komplizierten statistischen Methoden. Das könnte man theoretisch an Prüftieren aus der Leistungsprüfungsanstalt machen. Allerdings bräuchte man dazu sehr, sehr viele Tiere, was bei 150,- € Chipkosten pro Tier sehr teuer würde. Deshalb untersucht man nur nachkommegeprüfte Eber mit dem Chip und verdichtet somit die Information von 15 Nachkommen in der Leistungsprüfungsanstalt in den Zuchtwert eines Ebers. Das ist eine viel genauere Information über die genetische Veranlagung als ein einzelnes Prüftier.

Die Schätzung der 60.000 Geneffekte bezeichnet man als Kalibrierung. Das Ergebnis der Kalibrierung ist eine Schätzformel, mit der man den Zuchtwert eines Tieres schätzen kann, wenn man nichts weiter als seinen Genotyp kennt. Diese Tatsache ist vor allem deshalb interessant, weil jetzt nicht mehr ein bestimmter Selektionskandidat leistungsgeprüft sein muss, sondern es genügt, wenn die Tiere der Kalibrierungsstichprobe eine Leistungsprüfung haben. Damit wird die Zuchtwertschätzung eines einzelnen Tieres von seiner Leistungsprüfung zeitlich entkoppelt.

In Bayern werden im Jahr ca. 3.000 Jungeber für die Zucht produziert. Von diesen werden aber nur ca. 350 bis 400 für die künstliche Besamung angekauft. Bisher ist die Selektion

dieser Jungeber relativ ungenau, da man zum Zeitpunkt der Selektion nur deren tägliche Zunahme, ihre Speckdicke und die Leistungen von Geschwistern in der Prüfanstalt kennt. Mit der genomischen Schätzformel kann man aber den Zuchtwert eines drei Wochen alten Eberferkels bereit so genau schätzen, als hätte dieses Ferkel schon 6-8 Nachkommen in der Leistungsprüfung gehabt. Man kann demnach schon bei sehr jungen Tieren Selektionsentscheidungen genauso genau treffen wie bisher, wenn der Eber eineinhalb Jahre alt war.

Das Interessante an der genomischen Selektion ist, dass die Schätzung auch für solche Merkmale funktioniert, die bisher erst sehr viel später anfielen. Das ist beim Schwein besonders die Fruchtbarkeit. Bislang musste man für Eber immer warten, bis deren Töchter zwei bis drei Würfe hatten.

Anwendungsmöglichkeiten

Die wichtigste Verbesserung durch die genomische Selektion ist, dass man den Zuchtwert von **sehr jungen Tieren** mit relativ **hoher Sicherheit ohne Leistungsprüfung** ermitteln kann. Man kann somit sehr früh vorselektieren und spart dann die Kosten, die bei der Entsorgung abgekörter Eber anfallen.

Theoretisch kann man weiterhin die Zuchtwerte aller Eberferkel so genau schätzen, als hätten sie eine Nachkommenprüfung auf Station absolviert. Das wäre in der konventionellen Zucht niemals möglich, weil man gar nicht so viele Stationsplätze zur Verfügung hat, von den Kosten einmal ganz abgesehen.

Beim Rind liegt der größte Vorteil der genomischen Selektion darin, dass man die Bullen nicht mehr drei Jahre lang als Wartebullen halten muss, was zum einen Kosten spart und zum anderen das Generationsintervall verkürzt. Damit kann der Zuchtfortschritt beim Rind erheblich beschleunigt werden. Beim Schwein sieht das leider anders aus. Die Generationsintervalle sind hier schon so kurz, wie das biologisch sinnvoll möglich ist. Lediglich in der Fruchtbarkeit kann man sich hier etwas ausrechnen. Auch eine Warteeberhaltung gibt es in diesem Sinne nicht, und ein Besamungseber verdient von Anfang an sein Futtergeld.

Forschungsarbeiten von Fr. Dr. Ytournal an der Universität Göttingen haben sich mit dem Nutzen einer Genotypisierung bei Vaterrassen beschäftigt. Verglichen wurden dabei ein konventionelles Zuchtprogramm, bei dem Eber anhand von Eigen- und Geschwisterleistungen selektiert werden und ein genomisches Programm, bei dem zusätzlich noch die Genotypinformation vorliegt. Im Zuchtfortschritt konnte zwischen 10 und 40% mehr Erfolg erzielt werden, je nachdem ob die Kalibrierungsstichprobe 500 oder 1.000 Tiere umfasste. Der Gewinn im Zuchtprogramm war jedoch etwas geringer als beim konventionellen System, weil die Züchtungskosten den Mehrgewinn nicht vollständig abdecken konnten. Die Schlussfolgerung der Autorin lautete, dass genomische Selektion als Zusatzmaßnahme zum herkömmlichen Zuchtprogramm sinnvoll sein kann, besonders wenn zukünftig die Untersuchungskosten noch sinken sollten.

Grenzen

Im Prinzip stellt die Möglichkeit, jedes Tier mit der gleichen Sicherheit zu schätzen, unabhängig davon, ob Verwandte auf Station geprüft wurden, die Mutter jung oder alt ist oder der Vater schon nachkommegeprüft, eine reizvolle Perspektive für Schweinezüchter dar. Man darf aber bei allem Optimismus nicht vergessen, dass die Entwicklung eines solchen Verfahrens hohe Kosten verursacht und dass in der Anwendung ebenfalls hohe Kosten entstehen. Beim Rind werden diese durch Einsparungen in der Wartebullenhaltung leicht gedeckt, beim Schwein ist das wesentlich schwieriger. Eigene Berechnungen haben ergeben, dass die Kosten (inkl. Refinanzierung der Forschungsinvestition und Rücklagen für zukünftige Projekte) bei der Rasse Pietrain für Bayern ca. 400.000 € pro Jahr und für die Mutterrassen jeweils ca. 100.000 bis 150.000 € pro Jahr betragen würden. Es ist derzeit nicht offensichtlich, dass sich diese Kosten durch erhöhte Samenpreise wieder einspielen lassen würden, auch wenn dies der erhöhte Zuchtfortschritt eigentlich rechtfertigen würde.

Ein viel schwerwiegenderes Problem ist jedoch die Verfügbarkeit von genügend Probematerial für die Kalibrierung des Verfahrens. Die Berechnungen von Fr. Ytournal zeigten, dass mindestens 1.000 gut geprüfte Eber für die Kalibrierung verwendet werden müssen. Die im Rahmen einer Fachtagung am 7. und 8. Dezember 2010 in Köllitsch vorgestellten Ergebnisse aus Hohenheim und Berlin bestätigen, dass mit 500 Ebern in der Kalibrierung keine zufriedenstellenden Sicherheiten erreicht werden. Erfahrungen der LfL aus dem Rinderbereich zeigen, dass erst ab 2.000 Tieren in der Kalibrierung wirklich belastbare Ergebnisse erzielt werden. Bei Pietrain ist ein solches Material in relativ kurzer Zeit zu beschaffen, weil in Bayern intensiv geprüft wird. Bei den Mutterrassen ist dies jedoch viel schwieriger, weil im Jahr nur ca. 60 DL-Eber und 25 DE-Eber geprüft werden. Hier geht es also nur mit nationaler oder sogar mit internationaler Zusammenarbeit, was auch den Vorteil hätte, dass die Anfangsinvestitionen auf mehr Schultern verteilt werden.

Ein weiterer Aspekt, der bisher noch nicht behandelt wurde ist die Tatsache, dass mit den heutigen SNP-Chips die Kalibrierung relativ schnell veraltet. Es müssen also ständig neue Tiere der Kalibrierungsstichprobe hinzugefügt werden, weil ansonsten die Sicherheit der Zuchtwertschätzung innerhalb weniger Jahre deutlich abnimmt. Infolgedessen müssen die Leistungsprüfungen unbedingt mit dem bisherigen Umfang fortgeführt werden, sonst würde der aktuelle Teil der Kalibrierung schnell veralten. Auch hier wären durch nationale bzw. internationale Zusammenarbeit die Anforderungen nicht so hoch und geringfügige Kosteneinsparungen möglich.

Projekte

Inzwischen laufen bereits einige Projekte national und international, in denen die Möglichkeiten der genomischen Selektion beim Schwein untersucht werden. Zum einen sind hier die Arbeiten im Rahmen des FUGATO-Forschungsprogramms zu erwähnen, in denen die Gestaltung von Zuchtprogrammen unter den Bedingungen der genomischen Selektion untersucht werden. Die oben erwähnte Arbeit von Fr. Ytournal aus Göttingen gehört hierzu.

Die Landesanstalt für Schweinezucht in Boxberg hat ein Forschungsprojekt zur genomischen Selektion in der Rasse Pietrain aufgelegt. Dieses ist mit 800 untersuchten Ebern in der Kalibrierung relativ klein, das Ziel ist aber auch in erster Linie, zukünftig die Eber für die Nachkommenprüfung gezielter auswählen zu können. Der mitteldeutsche Schweinezuchtverband arbeitet mit den Universitäten in Berlin und Hannover zusammen, um eine genomische Zuchtwertschätzung für Mutterrassen zu entwickeln, allerdings ist die Kalibrierungsstichprobe mit 288 Tieren extrem klein. Ein drittes Projekt wird von den Universitäten Bonn und Göttingen derzeit gestartet. Hierbei sollen bis zu 1.500 Eber der Rassen DE und DL gesammelt und analysiert werden.

Bayern ist derzeit in der Planungsphase für ein eigenes Projekt. Da die theoretischen Überlegungen zeigen, dass der größte Nutzen im Bereich der Fruchtbarkeitsmerkmale zu erwarten ist, will man sich auf die Mutterrassen konzentrieren. Angedacht ist eine Kooperation von Tierzuchtforschung e.V., Grub und der LfL, Grub mit Förderung des Bayerischen Staatsministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten.

Ausblick

Derzeit bleibt festzustellen, dass die genomische Selektion beim Schwein zunächst noch intensiv beforscht werden muss, bevor an einen Einsatz in der Praxis zu denken ist. Man kann aber mit Sicherheit annehmen, dass die Chips in naher Zukunft erheblich preiswerter werden. Dann relativieren sich die zusätzlichen Kosten und der Praxiseinsatz rückt näher.

Forschungsprojekte sollten aber unbedingt bereits jetzt in die Wege geleitet werden. Die Erfahrungen beim Rind zeigen, dass alleine der Aufbau einer geeigneten Logistik vom Züchterstall bis in die Datenbank der Genotypen einen erheblichen Arbeitsaufwand mit sich bringt. Diese Investitionen sind auf keinen Fall verloren, auch wenn die praktische Einführung noch zwei bis drei Jahre auf sich warten lässt.

Die Forschungsansätze sind beim Schwein auch immer noch zu stark vom Rind geprägt. Auch deshalb braucht es neue Forschungsprojekte, die die spezifischen Eigenschaften von Schweinezuchtprogrammen wie die gleichzeitige Bearbeitung mehrerer Rassen, die Trennung von Zucht und Produktion und die Nutzung von Kreuzungseffekten intensiv untersuchen.

Die Finanzierung von Forschung allein genügt jedoch nicht! Gleichzeitig müssen auch die Zucht- und Besamungsorganisationen zumindest bundesweit Vereinbarungen darüber treffen, wie die hohen Kosten und die (zu) geringe Eberzahl durch Zusammenarbeit besser bewältigt werden können. Dabei sind nicht nur temporäre, sondern langfristige Kooperationen im Bereich konventioneller Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung, aber auch der genomischen Zuchtwertschätzung erforderlich. Es muss allen Beteiligten klar sein, dass die Genomik in der Tierzucht ganz am Anfang ihrer Entwicklung steht. Daher ist es nicht mit einer einmaligen Investition getan, sondern die Zukunft wird in immer kürzeren Zeitabständen neue Technologiesprünge bringen. Keine einzige deutsche Zucht- oder Besamungsorganisation ist alleine in der Lage, diese Investitionen auf lange Sicht alleine aufzubringen.