

Kälberverluste dank SNP-Test (BH2) senken

Dank der genomischen Zucht existiert heute ein Routinesystem für SNP-Untersuchungen. Neben der Verwendung der SNP für den genomischen Zuchtwert können damit weitere Auswertungen gemacht werden. Auf diesem Weg wurde ein SNP-Test, der sog. BH2-Test entwickelt, um Risikopaarungen zu vermeiden. Bei einem Verzicht auf Risikopaarungen, profitiert der Züchter von einem geringeren Anteil Totgeburten und weniger Aufzuchtverluste.

Genetischer Hintergrund

Grundlage für den Test sind 22 SNP auf Chromosom 19. Hermann Schwarzenbacher (ZuchtData Wien) beobachtete, dass eine spezielle Kette (ein sog. Haplotyp) dieser 22 SNP unter den Genotypen von Deutschland / Österreich nie reinerbig (homozygot) vorkommt. Treten homozygote Tiere viel seltener auf als erwartet, oder fehlen gar ganz, liegt der Verdacht für einen rezessiven Erbfehler nahe. Reinerbige Tiere am Defekt-SNP haben bei einem rezessiven Erbfehler keine bzw. kaum Überlebenschancen. Mischerbige und homozygot gesunde Tiere dagegen sind unauffällig und leben normal.

Analyse der Abgangsdaten

Analysiert wurden der Anteil Totgeburten und die Abgangsdaten. Dabei wurde in die beiden Kategorien „Kalb aus Risikopaarung“ bzw. „Kalb aus Nicht-Risikopaarung“ unterschieden. Bei einer Risikopaarung sind sowohl der Vater des Kalbes als auch der Muttersvater Träger des BH2-Haplotypen (siehe Tabelle 1). Kälber aus Risikopaarungen haben eine erhöhte Totgeburtenrate (7,0%). Dazu kommt innerhalb der ersten 30 Tage nach Geburt eine deutlich erhöhte Abgangsrate (4,2%). Diese Schweizer Daten sind sehr gut vergleichbar mit den Resultaten von Schwarzenbacher.

Aktueller Stand

Auch unter den Schweizer Tieren war der BH2-Haplotyp extrem selten. Nur 2 Tiere aus dem gesamten Bestand aller genotypisierten Tiere waren reinerbig. Rund 10% der genotypisierten Tiere wurden als mischerbige Trägertiere identifiziert. Eines der beiden homozygoten Kälber verendete vor der Identifikation des Haplotypen. Das zweite Kalb war noch am Leben, zeigte aber eine zurückgebliebene Entwicklung im Vergleich zum Alter und musste als Kümmerer bezeichnet werden. Daraufhin wurde dieses Kalb für weitere Abklärungen an die Universität Wien gebracht, wo es nach einigen Wochen und mehreren Infektionen (Lungenentzündung, Durchfall) eingeschläfert wurde.

Dieser Verlauf entsprach den Erwartungen für ein homozygoten BH2-Kalb. Deshalb wurde das Erbgut des Kalbes im Folgenden an der Technischen Universität München sequenziert. Mit den daraus gewonnenen Sequenzdaten wurde ein neuer und vielversprechender SNP innerhalb der Region des Haplotypen als mögliche Ursache (Defekt-SNP) identifiziert.

Nach wie vor unklar sind jedoch die Hintergründe, die zum Tod der homozygoten BH2-Kälber führen. Nach dem bisherigen Stand deutet alles auf einen unspezifischen Krankheitsverlauf hin. Da homozygote Kälber nicht überleben, muss von einem rezessiven Gendefekt ausgegangen werden. In den nächsten Wochen sollen aus laufenden Risikopaarungen weitere homozygote Kälber identifiziert werden, um den verdächtigen SNP zu bestätigen. Solange der neu gefundene und verdächtige SNP nicht validiert wurde, ist der BH2-Test ein Haplotypen-Test. Dieser ist sehr genau ausgehend von einer 50K-Untersuchung. Bei einem BH2-Test ausgehend von einer LD-Untersuchung werden im Vergleich dazu 18% fälschlicherweise als frei deklariert.

Als möglicher Ursprung für BH2 ist der US-Stier Rancho Rustic My Design (US 144488.9, geb. 24.09.1963) sehr wahrscheinlich. Das Original Braunvieh ist nach bisherigem Kenntnisstand frei von BH2.

Tabelle 1: Vergleich Totgeburtenrate und Anteil Abgänge innerhalb der ersten 30 Tage nach Geburt von BH2-Risikopaarungen und Nicht-Risikopaarungen

Status Paarung	Anzahl Geburten	Anteil Abgang innerhalb 24 Std. nach Geburt	Anteil Abgänge vom 2. bis zum 30. Lebenstag	Summe
Risiko Paarung	16'839	7,0%	4,2%	11,2%
Nicht Risiko Paarung	435'521	4,3%	2,0%	6,3%