

Schub für die Schweinezucht

Genomische Selektion – was in der Rinderzucht längst gang und gäbe ist, hat bei Schweinen eine „gebremste“ Bedeutung. Das ist verständlich, schließlich trifft man in der Schweinezucht auf ganz andere Voraussetzungen als bei den Rindern.

Über viele Jahre haben Rinder- und Schweinezüchter dieselben Methoden angewandt, um züchterische Fortschritte zu erzielen. Man verfuhr bei Weiterentwicklungen im Bereich der Zuchtwertschätzung sehr ähnlich.

Dann ist aber die Einführung der genomischen Selektion in der Rinderzucht schneller und konsequenter als in der Schweinezucht abgelaufen. Hauptursachen waren das enorme Einsparpotenzial bei den Züchtungskosten sowie die drastische Verkürzung des Generationsintervalls. Bereits nach wenigen Jahren hat die genomische Selektion in der Rinderzucht zu erheblichen Änderungen in Zucht und Besamung geführt.

Das Potenzial der genomischen Selektion für die Schweinezucht ist bekannt, aber die Einführung und Anwendung in Zuchtprogrammen geschieht nicht so plötzlich wie in der Rinderzucht. Als Gründe dafür lassen sich unter anderem anführen:

- In der Rinderzucht gibt es eine große Kalibrierungsstichprobe. Eine Kalibrierungs- bzw. Referenzstichprobe ist eine möglichst große Gruppe von Tieren mit möglichst sicher geschätzten Zuchtwerten. Sie nutzt man, um die Auswirkungen jedes einzelnen Genorts auf ein bestimmtes Leistungsmerkmal zu schätzen, wenn das Generationsintervall lang und der Wert des Einzeltieres sehr hoch ist.



FOTO E. SCHUSTER

Durch die genomische Selektion weiß man schon vor der Prüfung eines Zuchtebers, ob man ihn in der Zuchtstufe einsetzen kann.

- Dank vieler Bullen mit sicher geschätzten Zuchtwerten können die genomisch ermittelten Zuchtwerte junger Bullen mit relativ hoher Sicherheit geschätzt werden. Dadurch kann man auf die Warteperiode verzichten. Bullen können bereits im Alter von gut einem Jahr eingesetzt werden. Dies waren ideale Voraussetzungen und Perspektiven für den Einsatz der genomischen Selektion.
- Die Typisierung (Feststellung des Genotyps eines Tieres an vielen Tausend Genorten gleichzeitig. Derzeit werden dazu sogenannte Chips mit 60 000 verschiedenen SNPs verwendet) des Genomes (Gesamtheit der Erbanlagen) junger Bullen lohnte sich trotz relativ hoher Kosten, da an anderer Stelle (Wartebullenhaltung,

Anzahl der gekauften Jungbullen) Ausgaben gekürzt werden konnten.

- Die Entwicklung der genomischen Selektion wurde auf nationaler Ebene von allen Organisationen gemeinsam gestaltet. Das System baute auf die seit Langem bestehende überregionale Zuchtwertschätzung auf.

Beim Schwein ist die Situation völlig anders. Die Spezialisierung der Betriebe (Zucht, Ferkelerzeugung, Mast) setzte früh ein. Kreuzungszuchtprogramme wurden etabliert, um Heterosiseffekte zu nutzen. Dank der hohen Vermehrungsrate beim Schwein reicht in dem System aus Nukleuszucht und Vermehrung selbst großen Zuchtunternehmen schon eine Kernherde mit wenigen Tausend Sauen für die relativ sichere

Schätzung. Dies begünstigt die Entstehung konkurrierender Zuchtunternehmen, die oft international operieren. Traditionelle Zuchtstrukturen wie die bäuerliche Herdbuchzucht sind zunehmend gefährdet.

Die Zuchtunternehmen arbeiten bei Zuchtwertschätzung und genomischer Selektion nicht zusammen. Denn Eber werden nicht einzeln über ihre Position in Zuchtwertlisten vermarktet. Väterlinien (z. B. Bavarian Piétrain, db.77, Premo) und Mütterlinien (z. B. Bayernhybriden, db.Viktoria, Primavera) werden gezielt für spezielle Märkte gezüchtet und kombiniert. Auch sind in den Schweinezuchtprogrammen die Generationsintervalle sehr kurz. Eine Wartebereinigung gibt es nicht – Eber werden von Anfang an genutzt, aber ihr Einsatz ist, verglichen mit Bullen, sehr limitiert (kürzere Nutzungsdauer, weniger Portionen je Ejakulat, kein tiefgefrorenes Sperma). Aus diesen Gründen hat ein Eber einen relativ geringen Wert.

Genetischer Fortschritt

Es ist eine logische Konsequenz, wenn die Entwicklung der genomischen Selektion bei Rindern und Schweinen so unterschiedlich verläuft. Dennoch gibt es in der Schweinezucht Argumente, die für dieses Verfahren sprechen. Trotz der begrenzten Größe der Referenzstichprobe können genomisch geschätzte Zuchtwerte deutlich sicherer sein als herkömmliche. Zusammen mit höheren Selektionsintensitäten wird der genetische Fortschritt gesteigert.

Die genomische Selektion ist besonders für solche Merkmale interessant, bei denen die Selektionsgenauigkeit niedrig ist, weil sie eine geringe

Was versteht man unter genomischer Selektion?

Das entscheidende Kriterium für die Tierzüchtung ist seit vielen Jahren der Zuchtwert eines Tieres. Welchen Zuchtwert ein Tier hat, wird im Wesentlichen von zwei Faktoren bestimmt:

- Der durchschnittliche Zuchtwert seiner beiden Eltern.
- Der Zufall, der dem einen Nachkommen in einer Familie bessere und dem anderen Nachkommen schlechtere Erbeigenschaften beschert.

Dieser Zufallseffekt entsteht durch die zufällige Stichprobenziehung von 50 % der elterlichen Gene bei der Fortpflanzung. Bislang konnte man diesen Zufallsanteil nur sicher bestimmen, indem man von einem Tier wieder Nachkommen erzeugte und diese einer Leistungsprüfung unterzog. Dieses Verfahren war teuer und vor allem langwierig.

Mit der neuen Technologie der Chip-Genotypisierung kann man auf kostengünstige Weise rund 60 000

Gene eines Schweins bestimmen. Diese Gene bezeichnet man auch als genetische Marker oder SNPs (siehe Kasten rechts oben).

Durch ein kompliziertes statistisches Verfahren kann man jedem der 60 000 Marker eine Wirkung auf ein bestimmtes Merkmal zuweisen. Hierzu werden eine große Zahl von Zuchtieren benötigt, die bereits leistungsgeprüft sind. Mithilfe ihrer normalen Zuchtwerte kann man die 60 000 Genwirkungen schätzen.

Wenn junge Tiere zur Selektion anstehen, kann man anhand ihres Markermusters mit hoher Genauigkeit abschätzen, ob das Tier bessere oder schlechtere Gene von seinen Eltern geerbt hat. Dies ist so ähnlich wie bei vielen anderen Messmethoden, wo man zunächst an einem Material mit bekannten Werten ein Schätzverfahren eicht. Diese Eichkurve wird dann auf andere Proben angewendet.

Die genomische Zuchtwertschätzung ist möglich, ohne vorher Nachkommen des Tieres zu erzeugen. Da die Gen-Ausstattung eines Tieres bereits bei der Zeugung festgelegt wird, kann man die Untersuchung jederzeit durchführen – sogar am Embryo.

Der wesentliche Vorteil der genomischen Selektion ist, dass man den Zuchtwert eines Tieres sehr viel früher mit großer Genauigkeit schätzen kann. Dadurch verkürzt sich das Generationsintervall und der Zuchtfortschritt wird beschleunigt. Beispielsweise weiß man in Zukunft schon bevor ein Besamungseber geprüft ist, ob man ihn in der Zuchtstufe einsetzen soll. Besonders wichtig ist dies bei Fruchtbarkeitsmerkmalen, wo der Züchter bisher abwarten musste, bis die Töchter des Ebers ihre ersten Würfe hatten.

Die genomische Selektion steigert den Zuchtfortschritt und verbessert damit die Einkommensmöglichkei-

ten für bayerische Schweinehalter. Trotzdem ist die Leistungsprüfung nötig, und deren Kosten lassen sich durch die genomische Selektion nicht einsparen! Wie bereits erwähnt, muss die Eichung des Verfahrens laufend an den aktuellen Eltern der nächsten Generation wiederholt werden, damit die geschätzten genomischen Zuchtwerte zuverlässig bleiben. Deshalb wird man weiterhin prüfen, auch wenn die Prüfergebnisse nicht mehr zur Selektion, sondern nur der Eichung dienen.

Neben den Zuchtwerten lassen sich noch andere Eigenschaften von Zuchtschweinen aus den genetischen Markern ablesen. Derzeit läuft in Bayern ein Projekt, bei dem z. B. die Anomalienvererbung näher untersucht wird. Auch die Anfälligkeit für bestimmte Erkrankungen kann man zukünftig mithilfe von Markern besser bestimmen, um rechtzeitig für jedes Tier gezielte prophylaktische Maßnahmen zu ergreifen.

Dr. Kay-Uwe Götz
LfL Tierzucht, Grub



Was sind genetische Marker?

Genetische Marker sind bestimmte Positionen auf der Erbsubstanz eines Tieres, an denen man Unterschiede zwischen verschiedenen Tieren feststellen kann.

Wenn man sich die DNA eines Tieres als eine lange Autobahn vorstellt, dann sind Marker so etwas wie die Raststätten: Sie tauchen in regelmäßigen Abständen auf und ihre Position ist durch den Autobahnkilometer bekannt. Die Tankstellen auf beiden Seiten können entweder von derselben Firma oder von verschiedenen Firmen sein: Also entweder zweimal OMV (erster Zustand) oder zweimal Agip (zweiter Zustand) oder aber einmal OMV und einmal Agip (dritter Zustand). Damit findet man an einer bestimmten Position auf der Autobahn drei ver-

schiedene Zustände, genauso wie bei genetischen Markern.

Der Marker heißt Marker, weil er eine gewünschte, aber „unsichtbare“ Eigenschaft markiert. Zum Beispiel fährt ein Autofahrer auf der Autobahn und hat Lust auf einen Lavazza-Espresso. Weiter vorne sieht er eine Raststätte, von der er nur erkennen kann, dass die Tankstelle von Aral ist. Aus Erfahrung weiß er aber, dass bei Aral-Tankstellen die Raststätte häufig eine Lavazza-Espresso hat. Das Aral-Logo ist somit ein Marker für eine Lavazza-Espresso ansteuer. Mit hoher Wahrscheinlichkeit findet er dort die gewünschte Eigenschaft (Lavazza-Espresso). Aber in manchen Fällen kann es anders sein.

Mit genetischen Markern verhält es sich wie in dem Beispiel: Häufig sind die Marker mit einer bestimmten Eigenschaft (z. B. höherer Fleischanteil oder bessere Fruchtbarkeit) verbunden, wobei es Ausnahmen gibt. Und genauso, wie an einer langen Autobahn viele Tankstellen mit Espresso sind, gibt es auch für ein züchterisches Merkmal (z. B. tägliche Zunahme) mehrere Marker, die mit einer besseren oder schlechteren Zunahme verbunden sind.

Genetiker schätzen die Effekte der vielen tausend Marker auf ein Merkmal und zählen sie zusammen. Die Summe ergibt den Zuchtwert des Tieres. Durch die oben erwähnten Ausnahmen ist dieser Zuchtwert allerdings nicht zu 100 % sicher – es bleibt eine gewisse Unsicherheit.

Dr. Kay-Uwe Götz

LfL Tierzucht, Grub

der Kalibrierungsstichprobe darstellen. Ziel ist es, in diesem Jahr ein Routineverfahren zur genomischen Zuchtwertschätzung bei Mutterassen einzuführen.

FrOGS wird vom bayerischen Landwirtschaftsministerium, von der Tierzuchtforschung, dem LKV Bayern, der Universität Kiel und vom Institut für Tierzucht der LfL gefördert. Auch die Erzeugergemeinschaft und Züchtervereinigung für Zucht- und Hybridzuchtschweine (EGZH) sowie die bayerischen Besamungsstationen tragen zur Finanzierung bei.

Ein weiteres Projekt (InGenis) zur genomischen Selektion bereiten diese Partner vor. Schwerpunkte werden der Aufbau einer Kalibrierungsstichprobe und die Einführung einer routinemäßigen genomischen Selektion für Piétrain sein, damit das Verfahren für das komplette bayerische Zuchtprogramm genutzt werden kann.

Mit Hilfe innovativer Ansätze sollen Forschungsarbeiten zu schwierigen Merkmalen, wie Erbfehlern oder Verhalten, durchgeführt werden. Besonders bei Erbfehlern würde es sich lohnen, effektivere Verfahren zu entwickeln, mit denen man den Anteil betroffener Ferkel senken könnte. Gegenwärtig haben etwa 3 % der Ferkel Anomalien.

Die genomische Zuchtwertschätzung ist nichts völlig Neues, sondern die Weiterentwicklung etablierter Verfahren. Das Ergebnis einer Typisierung ist eine zusätzliche Information zu einem konventionellen Zuchtwert.

Dr. Jörg Dodenhoff

LfL Tierzucht, Grub

Heritabilität (Erblichkeit) haben. Zudem lassen sich manche Merkmale nur bei den Sauen (z. B. Wurfgröße) erfassen, andere können erst nach dem Schlachten gemessen werden (z. B. Fleischqualität). Eine Verkürzung des Generationsintervalls könnte bei den Fruchtbarkeitsmerkmalen eine zusätzliche Rolle spielen.

Eine Untersuchung zum Einsatz der genomischen Selektion in einer Vaterlinie kommt zu dem Ergebnis, dass der genetische Fortschritt maßgeblich gesteigert werden kann. Aber: es entstehen hohe zusätzliche Kosten, die nur zum Teil durch eine Vorselek-

tion der Prüfeber aufgefangen werden können. In der Schweinezucht lohnt sich die Investition in dieses moderne Selektionsverfahren nur dann, wenn der erzielbare höhere genetische Fortschritt über höhere Preise für das Produkt (Sperma, Jungsau) vermarktet oder wenn der Marktanteil gesteigert werden kann. Deshalb spielt die Größe der Zuchtunternehmen in der Schweinezucht eine größere Rolle als in der Rinderzucht. Hohe Investitionskosten können von großen Unternehmen leichter geschultert werden.

Fast alle international tätigen Zuchtunternehmen nutzen die genomische Selektion. Innerhalb der letzten beiden Jahre haben unter anderem PIC, TOPIGS, Hypor und DanAvl mitgeteilt, das Verfahren in ihre Zuchtprogramme integriert zu haben, um höhere Zuchtfortschritte zu erzielen. Begünstigt wurde diese Entwicklung auch durch gesunkene Kosten für die Typisierung.

Projekte in Bayern

Seit etwa zwei Jahren läuft in Bayern ein Projekt zur Fruchtbarkeitsoptimierung durch Genomische Selektion (FrOGS) bei der Deutschen Landrasse. Um den Nachteil der geringen Anzahl an geprüften Ebern wettzumachen, enthält die Kalibrierungsstichprobe in großem Umfang auch Sauen. Es wurden insgesamt etwa 2400 Eber und Sauen typisiert.

Erste Ergebnisse lagen Anfang dieses Jahres vor und bestätigten die Erwartungen hinsichtlich der Fruchtbarkeit. Die realisierten Sicherheiten der genomischen Zuchtwerte lagen insbesondere im Merkmal „lebend geborene Ferkel“ mit 0,58 deutlich über der Sicherheit des reinen Pedigreezuchtwerts (0,38). Für Tiere,

die selbst weder eine geprüfte Eigenleistung noch Nachkommen haben, kann aus den Zuchtwerten der Vorfahren der sogenannte Pedigreezuchtwert errechnet werden. Im zusätzlich untersuchten Merkmal Fleischanteil war beim genomisch optimierten Zuchtwert der Zugewinn an realisierter Sicherheit mit 0,44 gegenüber 0,41 weniger deutlich ausgeprägt. Weitere Ergebnisse von FrOGS waren, dass Sauen eine sinnvolle Erweiterung



FOTO: PRIVAT

Dr. Jörg Dodenhoff: „Wenig erbliche Merkmale bearbeiten.“



FOTO: PRIVAT

Dr. Kay-Uwe Götz: „Zuchtwerte früher und genauer schätzen.“

ANZEIGE



Ihr Reisepaket zur Nacht der Landwirtschaft

vom 15. – 17. Oktober 2014 in Berlin

Erleben Sie die festliche Verleihung des CERES AWARD zum Landwirt des Jahres. Freuen Sie sich auf einen einzigartigen Branchenabend mit Hauptstadtflair, exklusivem Abendessen und Top-Unterhaltung.

Ihr Reisepaket enthält:



- Eintrittskarte für die CERESAWARD Verleihung inkl. Essen, Getränke und Showprogramm
- 2 Std. Stadtrundfahrt mit Berliner Currywurst am 16.10. um 10 Uhr*
- 2x Hotelübernachtung mit Frühstück

Hotel Ellington

(Veranstaltungsort)

DZ € 275,00 p. P.

EZ € 395,00

Marc Hotel

(10 Min. fußläufig)

DZ € 225,00 p. P.

EZ € 295,00

Gerne unterbreiten wir Ihnen ein individuelles Angebot, auch in Verbindung mit Flug, Mietwagen oder einer weiteren Abendveranstaltung. Wir freuen uns auf Ihren Anruf!

* Mindestteilnehmerzahl: 45



**BBV
Touristik**

Beratung und Buchung bei: BBV Touristik GmbH
Max-Joseph-Str. 7a | 80333 München | info@bbv-touristik.de
Tel. 089/55873-653 | Fax 089/55873-660