

Genomische Selektion beim Schwein - von der Utopie zur Realität

Genauigkeit der Zuchtwertschätzung bestimmt den Zuchtfortschritt

Züchter streben danach, den Zuchtfortschritt laufend zu verbessern. Dabei können sie verschiedene Faktoren beeinflussen, denn der jährliche Zuchtfortschritt einer Population (ΔG_{Jahr}) wird durch vier Größen bestimmt:

Die Formel für Zuchtfortschritt:

$$\Delta G_{\text{Jahr}} = r_{\text{Sel}} * \sigma_g * i$$

t

- ➔ durch die Genauigkeit der Selektion (r_{Sel}), also der Korrelation zwischen dem wahren Zuchtwert und dem geschätzten Zuchtwert, d. h. je genauer der geschätzte Zuchtwert den wahren Zuchtwert vorher sagt, umso größer ist der Zuchtfortschritt,
- ➔ durch die genetische Standardabweichung (σ_g), d. h. je größer die Variation zwischen den Tieren, umso größer ist der Zuchtfortschritt,
- ➔ durch die Selektionsintensität (i) und
- ➔ durch das Generationsintervall (t), also das durchschnittliche Alter der Eltern, wenn ihre Nachkommen geboren werden. D. h. je kürzer das Generationsintervall, umso höher der Zuchtfortschritt.

Umfangreiche Eigenleistungs- und Nachkommenprüfung = hoher Zuchtfortschritt?

Mehr Geschwister- und Nachkommenaten erhöhen die Genauigkeit, verlängern aber das Generationsintervall. Entscheidend ist die richtige Balance zwischen Genauigkeit und zeitlicher Verzögerung.

Auf den ersten Blick erscheint es einfach, den Zuchtfortschritt zu erhöhen, denn mit vielen Leistungsdaten von Verwandten und Nachkommen erhöht sich die Genauigkeit der Selektion. Allerdings wird dadurch gleichzeitig das Generationsintervall deutlich verlängert und somit der gewonnene Vorteil wieder aufgezehrt. Das heißt also, dass zu einem frühen Zeitpunkt genaue Informationen über den genetischen Wert eines Tieres vorliegen müssen. Genau an dieser Stelle setzt die genomische Selektion an.

Der Fortschritt in der Biotechnologie macht's möglich

Verständlich ist, warum sich derzeit gerade die Rinderzüchter intensiv mit der genomischen Selektion beschäftigen, da aufgrund des langen Generationsintervalls und dem Test- und Wartebullensystem viel Zeit vergeht, bis ein erster sicherer Zuchtwert für einen Bullen geschätzt werden kann. Aber nicht nur die Verkürzung des Generationsintervalls spielt eine entscheidende Rolle bei der Entscheidung für die Nutzung von Genom-Informationen. Auch in der Schweinezucht leistet die marker-gestützte/genomische Se-

lektion einen wichtigen Beitrag. Niedrig erbliche Merkmale wie Fruchtbarkeit, Vitalität oder Krankheitsresistenz, erst am geschlachten Tier oder nach Abschluss des Produktionsabschnitts messbare Merkmale wie Muskelfleischanteil, Rückenspeck, Fleischqualität, Tageszunahmen, Futtermittelverwertung sind nur einige hier zu nennende Merkmale.

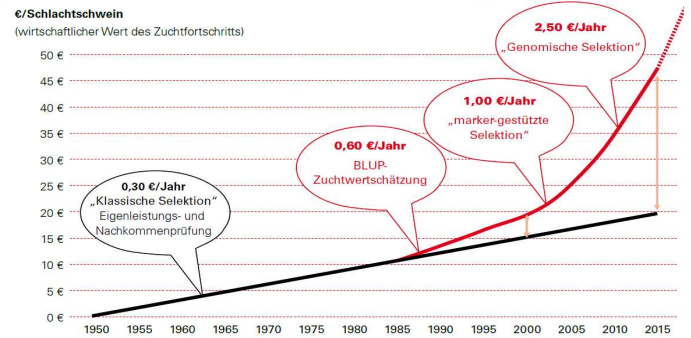
Gerade auch die Vielzahl der wirtschaftlich relevanten Merkmale in der Schweine- im Vergleich zur Rinderzucht, macht es notwendig, alle Möglichkeiten zu ihrer weiteren Verbesserung auszuschöpfen.



In den vergangenen Jahren wurde das Schweine-Genom immer weiter erforscht und mehr und mehr Gene bzw. Marker und mit ihnen verbundene Eigenschaften wurden entdeckt.

Voraussichtlich Ende 2010 wird das Schweinegenom vollständig entschlüsselt sein. Zu Beginn der marker-gestützten Selektion (Marker Assisted Selection - MAS) wurde der jeweilige Markerstatus für das Einzeltier ausgewiesen, Bsp. Halothan-Status NN, NP oder PP, und die Effekte als so genannte fixe Effekte in die statistischen Modelle der Zuchtwertschätzung einbezogen.

Zuchtfortschritt



2000: durch fortschrittliche Technologien „nur“ 4,00 €/Schlachtschwein mehr Zuchtfortschritt als mit klassischer Selektion
2015: durch fortschrittliche Technologien 18,00 €/Schlachtschwein mehr Zuchtfortschritt als mit klassischer Selektion

Frühzeitige Nutzung sichert den Zuchtvorsprung



Chip zur gleichzeitigen Analyse von 60.000 Genorten eines Tieres
Foto: Illumina

Schon seit rund 20 Jahren ist bei PIC die Nutzung genetischer Marker in der Selektion und Zuchtwertschätzung ein integraler Bestandteil des Zuchtprogramms.

War es Anfang der 90er Jahre noch ziemlich zeit- und kostenintensiv, an einzelnen Tieren einzelne Marker zu identifizieren, so ist es heute möglich, mit so genannten SNP-Chips 60.000 Gene eines Tieres in einem Lauf auf eine Vielzahl von Markern zu untersuchen. Auch die Rechenmodelle und Rechnerkapazitäten wurden laufend verbessert, so dass heutzutage Zuchtwerte täglich aktualisiert werden können.

Heute bezieht PIC die Informationen von über 4,2 Millionen Schweinen in die tägliche Zuchtwertschätzung ein. So wurden z. B. 2009 wöchentlich mehr als 411.000 Einzeltier-Indizes aktualisiert.

Vorteile der marker-gestützten Selektion

- ➔ Verbesserung der Genauigkeit der Selektion und damit Erhöhung des Zuchtfortschritts
- ➔ Vorverlegung der Selektionsentscheidung und damit Erhöhung des Zuchtfortschritts je Zeiteinheit
- ➔ Möglichkeit zur Produktdifferenzierung (z. B. Futteraufnahme, Krankheitsresistenz, Fleischqualität, Rückverfolgbarkeit)

Ohne Leistungsdaten sind genomische Informationen nicht viel wert

Um sicher herauszufinden, welche Effekte bestimmte Gene haben, benötigt man umfassende Leistungsdaten. Diese tierindividuellen Leistungsdaten müssen mit denen aus der Genom-Untersuchung für jedes Tier verknüpft werden.

Erst dann erhalten die Genom-Informationen einen Wert, der für die Zuchtwertschätzung von Bedeutung ist.

Regelmäßige Aktualisierung sowohl der phänotypischen als auch der genotypischen Daten ist auch weiterhin unumgänglich, um auch in Zukunft weitere Verbesserungen in der Schätzungsgenauigkeit zu erzielen. Deshalb hat PIC in den vergangenen Jahren erheblich investiert und die Leistungsprü-

fungen im Nukleus um 20 % erhöht sowie u. a. 360.000 US\$ für ein Hochleistungs-Computer-Cluster ausgegeben, um die exponentiell zunehmende Datenmenge zu bewältigen. Auch das Kreuzungszucht-Programm wurde weiter ausgebaut und liefert umfangreiche Leistungsdaten aus der kommerziellen Produktionsstufe für die Verbesserung der Reinzuchtlinien. PIC hat heute, wie kein anderes Zuchtunternehmen, eine Datenbank mit rund 12,5 Millionen Datensätzen über phänotypische Leistungsdaten, darunter über eine Million Sauen mit vollständig erfasster Abstammung sowie über 1,5 Millionen eingelagerte DNA-Proben, die in den vergangenen zehn Jahren gesammelt wurden. Und täglich kommen neue Daten hinzu!

PIC

- ➔ erhöht die Selektionsgenauigkeit und damit den Zuchtfortschritt durch genomische Selektion, umfangreiche Leistungsprüfungen und modernste Schätzmodelle um über 60 % (Fruchtbarkeitsmerkmale),
- ➔ hat als einziges Schweine-zuchtunternehmen die notwendigen Voraussetzungen und Möglichkeiten, um die genomische Selektion für ihre Kunden gewinnbringend anzuwenden.

HLO/BB

Mehr Geschwister- und Nachkommenaten erhöhen die Genauigkeit, verlängern aber das Generationsintervall



Entscheidend ist die richtige Balance zwischen Genauigkeit und zeitlicher Verzögerung

Fragen und Antworten zur „Genomischen Selektion“

Was ist ein Marker?

Als Marker bezeichnet man in der Molekularbiologie eindeutig identifizierbare, kurze DNA-Abschnitte, deren Ort im Genom bekannt ist. Solche Markergene sind im Genom vorhanden.

Was ist ein SNP?

Es gibt verschiedene Arten von Markern, u. a. so genannte SNPs (sprich snips). Diese werden bei der Markeranalyse untersucht. SNP steht für den englischen

Begriff Single Nucleotide Polymorphism, Einzelnucleotid-Polymorphismus. Dies sind Variationen von einzelnen Basenpaaren in einem DNA-Strang. Einige dieser Veränderungen sind mit der unterschiedlichen Ausprägung von Merkmalen verknüpft. Polymorphismen treten relativ häufig auf und haben eine hohe Variabilität. Diesen Umstand macht man sich bei der Genmarker-Analyse zunutze.

In welchem Umfang werden Marker bzw. Genom-Informationen in der Schweinezucht genutzt?

Als Startpunkt der Nutzung von Marker- oder Genom-Informationen in der Schweinezucht kann die Entdeckung des „Halothan-Gens“ gesehen werden, denn wissenschaftlich gesehen ist diese Gen-Mutation, die die Stressanfälligkeit beim Schwein beeinflusst, nichts anderes als ein „Gen-Marker“. Somit ist die Selektion gegen Stressanfälligkeit

die erste praktische Anwendung eines Gen-Markers. Schon seit rund 20 Jahren ist bei PIC die Nutzung genetischer Marker in der Selektion und Zuchtwertschätzung ein integraler Bestandteil des Zuchtprogramms.

Die Technologie bietet die Möglichkeit zur umfassenden Genomanalyse. Jede Zuchtorganisation und jedes Zuchtunternehmen kann diese Technologie nutzen. Welchen Vorteil bringt dann die genomische Selektion noch?

Die Technologie in Form z. B. des Untersuchungschips, mit dem 60.000 SNPs eines Tieres gleichzeitig untersucht werden können, kann jeder nutzen. So ein Chip kostet ca. 150 US\$ pro Schwein. Das Entscheidende jedoch ist, dass nicht jede Zuchtorganisation oder jedes Zuchtunternehmen die notwendigen Mittel und Möglichkeiten hat, die aus dem Genomscan gewonnenen Informationen in das

Zuchtprogramm einzubinden. Denn die gefundenen Unterschiede an bestimmten Genorten müssen zur Validierung mit sicheren phänotypischen Daten verknüpft werden, um den Genunterschieden als Merkmals- bzw. Leistungsunterschiede zuzuordnen zu können. Dafür reicht nicht nur eine Handvoll Tiere. PIC überprüft jeden Marker an 3.000 bis 4.000 Schweinen, bevor sie den Markereffekt in die Zuchtwertschätzung einbindet. Auch im weiteren Verlauf müssen die Markeregebnisse immer wieder an Leistungsdaten überprüft werden. Dies erfordert sowohl finanzielle als auch personelle Mittel, die den wenigsten Zuchtunternehmen oder gar Zuchtorganisationen zur Verfügung stehen.

PIC sagt, sie sei weltweit führend in der Anwendung von Biotechnologie in der Tierzucht.



Was machen denn die anderen?

Erst kürzlich hat die Redaktion der Fachzeitschrift SUS die in Deutschland vertretenen Zuchtorganisationen und -unternehmen zum Thema „Genomische Selektion“ befragt (SUS 2/2010). Unabhängig voneinander bestätigten alle die Vorteile der Genom-Analyse gera-

de bei komplexen Merkmalen wie Vitalität oder Gesundheit. Die Vertreter von BHZP, Topigs und DanZucht zeigten sich allerdings skeptisch bezüglich der zukünftigen Bedeutung insbesondere aufgrund der hohen Typisierungs- und notwendigen laufenden Kalibrierungskosten.

