

## Deutschlandweites Zuchtprojekt „KuhVision“

# Mehr Zuchtfortschritt durch genomische Typisierung weiblicher Tiere

■ Die Rinderzuchtunternehmen weltweit bedienen sich mittlerweile modernster Biotechnologien, um ihren Kunden Möglichkeiten an die Hand zu geben, ihre Tiere neben den von Managementfaktoren abhängigen Erfolgsparametern auch genetisch immer weiter zu verbessern. Hierzu hat sich in Deutschland seit dem Jahr 2009 die genomische Zuchtwertschätzung etabliert, und ist heute aus der Rinderzucht nicht mehr wegzudenken. Im Jahre 2016 lag der Anteil der Erstbesamungen durch Bullen mit rein genomisch basierendem Zuchtwert bei rund 70% der gesamten Erstbesamungen. Die genomische Zuchtwertschätzung für Deutsche Holsteins ist aber ein dynamischer Prozess, der immer wieder weiterentwickelt werden muss, um für die Züchter maximale Aussagekraft zu erzielen.

### Wie funktionieren „Genomics“?

Vor der Etablierung der genomischen Selektion beruhte die Zuchtwertschätzung

auf tatsächlich erfassten Daten wie z.B. der Milchmenge oder der Exterieur-Einstufung der Nachkommen. Diese phänotypischen Daten waren zwar mit sehr hoher Sicherheit belegt, aber die Datenerhebung verschlang immens viel Zeit. So waren die durch den Zuchtwert bewerteten Vätertiere oft schon „in die Jahre gekommen“, bevor sie einen töchterbasierten Zuchtwert mit ausreichender statistischer Sicherheit vorweisen konnten. Das Verfahren bewertete die Phänotypen der Nachkommen zur Analyse des Genotyps des entsprechenden Zuchttieres. Abhilfe sollte die Erfindung der genomischen Selektion schaffen, indem sie das bis dato bewährte Verfahren umkehrt.

Die Basenpaare der DNA, etwa drei Billionen, sind bei allen Rindern zu 99,8% identisch. Es interessieren also nur die 0,2%, die die zum Teil doch erheblichen Unterschiede in der Veranlagung der Tiere ausmachen. Diese immerhin noch sechs Mio. Basenpaare nennen sich Single Nucleoti-

de Polymorphisms (SNPs) und können bei Vorliegen einer Gewebeprobe (Ohrstanzprobe) mit einem Chip ausgelesen werden. Anhand der SNP's, und einer sehr großen Referenzgruppe, der sog. Lernstichprobe, kann nun der züchterische Wert eines Rindes ohne Nachkommeninformationen für die bekannten Merkmale berechnet werden. Damit dies funktioniert arbeitet die deutsche Holstein-Rinderzucht momentan mit einer Lernstichprobe bestehend aus ca. 30.000 typisierten Bullen mit Töchterinformationen. Anhand dieser wird festgelegt, wie hoch der Einfluss jedes einzelnen SNP's auf den jeweiligen Zuchtwert ist. Weitergehend nimmt man an, dass die ermittelten Zusammenhänge innerhalb der Lernstichprobe allgemeingültig für die Rinderpopulation sind. So kann man bereits für Kälber genomische Relativzuchtwerte errechnen- ein gewaltiger Zeitvorteil für den Zuchtfortschritt. Dass diese genomischen Zuchtwerte tatsächlich eine hohe Aussagekraft über die spätere phänoty-

pische Leistung des Tieres haben, zeigt die Tabelle rechts bezüglich der Milchleistung.

Durch die genomische Selektion der Vartiere konnte nicht nur das Bullentestprogramm abgeschafft, sondern auch das Generationsintervall halbiert werden. In den letzten Jahren wurde für die Besamungsbullen in allen Merkmalen hoher Zuchtfortschritt realisiert. Dies demonstriert auch die Tabelle der Durchschnitt-Zuchtwerte der angekauften Bullen der Nord-Ost Genetik (NOG) zwischen 2010-2016. Es wurden signifikant weniger Bullen über die Jahre getestet, die dagegen in allen Merkmalen im Durchschnitt höhere Zuchtwerte ausweisen konnten.

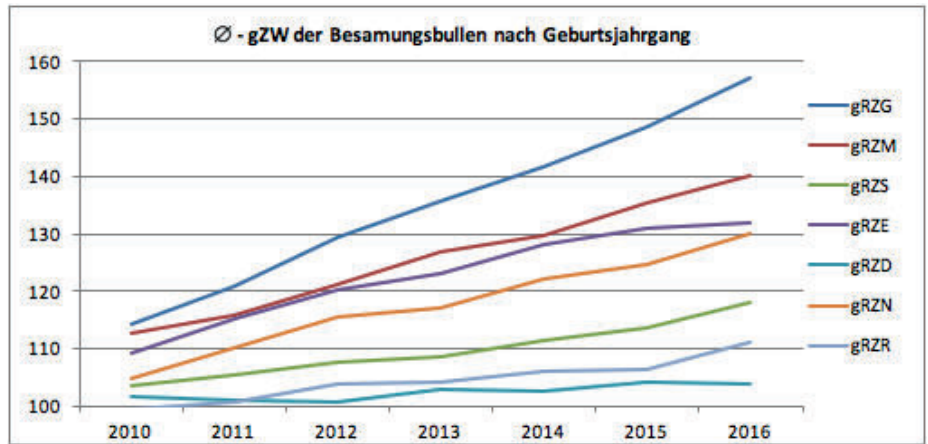
**Die Idee hinter KuhVision**

Durch die Etablierung der genomischen Selektion in der Holsteinzucht hat der Zuchtfortschritt auf Seite der Bullen gewaltig Fahrt aufgenommen. Durch das frühe Vorliegen sicherer genomischer Zuchtwerte steigt die Schärfe der Selektion immer weiter, es wird nur noch die absolute Spitze der männlichen Population als Zuchttiere selektiert. Daraus entwickelte sich zunehmend ein Problem für die bestehende Lernstichprobe, denn durch die neu einfließenden Bullen wird nur noch die Populationsspitze, nicht mehr die gesamte Holstein-Population in abgebildet. Dadurch kann es auf Dauer zu Fehleinschätzungen kommen. Ein neuer Lösungsansatz musste her, um wieder die gesamte Bandbreite der Holsteins in Deutschland und die multiplen Umweltbedingungen zu repräsentieren, in denen sie gehalten werden.

Das Projekt „KuhVision“ zur Schaffung einer neuen Lernstichprobe war geboren. Interessierte Landwirte können sich über ihre Zuchtorganisation dafür anmelden. Voraussetzung für die Teilnahme ist künstliche Besamung bei min. 75% Tiere und zusätzliche Typisierung der eventuell eingesetzten Deckbullen. Mindestens 85% benötigen eine vollständige Abstammung, Besamungs-, Kalbe- und Geburtsverlaufsdaten, sowie eine vollständige Dokumentation der Abgangsgründe. Zusammen mit den ebenfalls durch den Betrieb zu erfassenden Gesundheits- und Klauenpflagedaten entsteht die nötige Datenkonsistenz, um eine neue Lernstichprobe auf Kuhbasis daraus zu formieren. In den teilnehmenden Betrieben werden alle Erstkalbskühe bis zum 200.

**DURCHSCHNITTLICHE 305-TAGE MILCHLEISTUNG (1. LAKT.) GRUPPIERT NACH GZW DES TIERES**

GRUPPE	Mittlerer gZW	Mittlere 305 Tage-Milchleistung Mkg	Differenz
Beste 25%	+ 883	10154	1725 Mkg
Beste 25 - 50%	+ 444	9552	
Untere 50 - 25%	+ 138	9064	
Untere 25%	-306	8429	



Quelle: RSH eG



KuhVision- wir machen mit! Gut zu erkennen sind die beprobten Tiere an der zusätzlich eingezogenen weißen Ohrmarke. Foto: Alex Arkink

Tag der Laktation und jünger mit Hilfe einer Ohrstanzprobe genomisch typisiert.

**Stand der Umsetzung**

In Schleswig-Holstein wurden im ersten, jetzt abgeschlossenen Jahr des Projektes 6.865 Erstbeprobungen durchgeführt, in einer großen Bandbreite unterschiedlicher

Betriebsformen mit Milchleistungen zwischen 8.000- 12.000 Mkg. Erstbeprobung bedeutet in diesem Fall die Probenentnahme bei allen für das Projekt in Frage kommenden Tieren eines Betriebes. Sie wird durch die Mitarbeiter der RSH eG als betreuender Verband gemeinsam mit dem Landwirt durchgeführt. Nach Abschluss der

Erstbeprobung werden neugeborene Kälber dann routinemäßig durch den Landwirt typisiert, der dazu nach Geburtmeldung des Kalbes automatisch im zweiwöchigen Turnus die entsprechenden Ohrmarken zur Probenentnahme zugesandt bekommt. Ziel ist es, ca. drei Jahre nach der Erstbeprobung für die gesamte Herde des Betriebes die genomischen und phänotypischen Informationen vorliegen zu haben.

Von der Beprobung bis hin zum genomischen Zuchtwert, den der Landwirt dann mit persönlichem Login im VIT-Internetportal „NetrindGenom“ einsehen kann, vergehen ca. sechs bis acht Wochen. Die Kosten für die genomische Typisierung eines Tieres sind seit 2009 durch die steigende Anzahl der Beprobungen und die wachsende Routine von 200€ auf 49€ gesunken. Zusätzlich unterstützen die Zuchtverbände die Landwirte finanziell, je nach Umfang der für die beprobten Tiere gelieferten Daten. Im Idealfall fließen neben der genetischen Information die Pedigree-Informationen, MLP-Daten, Kalbeverlaufsdaten, eine lineare Beschreibung (der laktierenden Kühe) sowie die Gesundheitsdiagnosen und Klauenpflegedaten zusammen. Sie bilden so ein umfassendes, gesamtheitliches Bild über das Tier. So kann es gewährleistet werden, dass ca. zehn Kühe die Datendichte eines töchtergeprüften Bullen aus der Bullen-Lernstichprobe erreichen. Für den Aufbau der Kuh-Lernstichprobe werden also bereits nach drei Jahren über 100.000 typisierte weibliche Tiere inkl. der phänotypischen Informationen mit ihren Daten einfließen.

### Herdenanalyse online

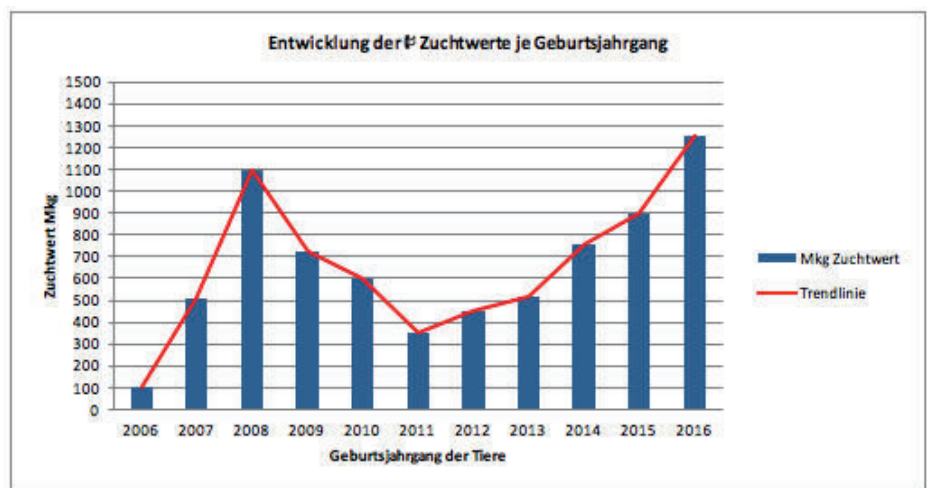
Das Onlineportal „NetrindGenom“ gibt dem Rinderzüchter im Zuge der genetischen Untersuchung seines Bestandes einfache Werkzeuge an die Hand seine Herde genetisch zu managen. Auch Betriebe, die außerhalb des Projektes „KuhVision“ ihre Tiere haben typisieren lassen, können dieses Onlineportal selbstverständlich nutzen. Hier sind nun alle Tiere mit Typisierungsergebnissen aufgeführt, und können verschiedensten Parametern gefiltert und sortiert werden. Auf den Einzeltierseiten erhält der Landwirt zu jedem Tier neben den Zuchtwerten weitergehende Informationen: Zwei Generationen Abstammung mit Relativzuchtwerten, Einstufungen und Leistungen, sowie Kalbungen, Belegungen,



Tiere mit hohem genomischen Zuchtwert sind natürlich nicht nur für den eigenen Bestand interessant, sondern lassen sich auch auf Auktionen sehr gut vermarkten. Foto: Gockel



Gute Kälberaufzucht kostet Geld- genomische Typisierung gibt hierbei eine frühe Hilfe zur Selektionsentscheidung in der Herde. Foto: Gockel



Quelle: Dr. Dierck Segelke, VIT

genetische Besonderheiten und Anpaarungsvorschläge aus dem BAP-Programm. Neben den Informationen zum Einzeltier wird die Möglichkeit zu einem betriebsübergreifenden Vergleich der Herde geboten. In einer graphischen Darstellung kann die Entwicklung der verschiedenen Relativzuchtwerte der Jahrgänge im Vergleich zur Gesamtpopulation in D abgebildet werden. Hat man selber einen über- oder unterdurchschnittlichen Zuchterfolg erreicht? Dies zeigt die Darstellung auf Seite 79

unten, bei der die rote Linie den deutschlandweiten Mittelwert aller teilnehmenden Betriebe abbildet.

Eine weitere tabellarische Darstellung demonstriert dem Züchter, wie sich die Zuchtwerte seiner Herde im Vergleich mit den Top 25- oder Top 10-Betrieben des Projektes KuhVision gestalten. So kann er abschätzen, wie groß die Differenz zu den Top-Züchtern des Projektes ist, oder ob er vielleicht sogar zu diesen gehört: An-

hand der Tabelle ist gut ersichtlich, dass der betreffende Betrieb in etlichen Merkmalen unter den besten 25% der Betriebe des Projektes in D liegt, in einigen Merkmalen sogar unter den „Top Ten“. Es ist anzunehmen, dass dieser Betrieb in den letzten Jahren gezielt auf diese Merkmale hin gezüchtet hat, wie in diesem Beispiel Exterieur oder Milchleistung. Auch ist beim Jungvieh eine deutliche Steigerung fast aller Relativzuchtwerte zu erkennen, es wurde also Zuchtfortschritt in diesem Betrieb

## FÜR AKTIVE KÜHE RASSE 1 SBT

	Betrieb	Projekt alle	TOP 25	TOP 10
RZG	125	116	124	128
RZM	121	112	119	121
RZS	106	104	107	108
RZE	119	110	114	116
RZN	108	107	111	113
RZKM	101	102	102	103
RZR	102	102	104	105
MKG	934	445	729	799
Fett-%	-0,05	0,01	-0,02	-0,01
FKG	32	18	27	31
Eiweiß-%	-0,02	0,02	0,02	0,03
EKG	30	16	26	30
Milchtyp	112	105	106	106
Körper	112	105	107	109
Fundament	108	105	107	109
Euter	116	109	112	114
Melkbarkeit	99	100	100	99

\*Eigener Betrieb: 117 Tiere / KuhVisionsbetriebe (327): 11466 Tiere/Top 25 % der besten KuhVisionbetriebe im Merkmal RZG (82): 1218 Tiere/ Top 10 % der besten KuhVisionbetriebe im Merkmal RZG (33): 331 Tiere

## FÜR JUNGVEIH RASSE 1 SBT

	Betrieb	Projekt alle	TOP 25	TOP 10
RZG	136	122	131	135
RZM	126	116	123	126
RZS	110	106	109	110
RZE	124	114	119	123
RZN	118	112	116	118
RZKM	102	103	103	104
RZR	104	103	104	105
MKG	1002	594	883	999
Fett-%	-0,01	0,01	0,01	0,00
FKG	38	24	35	39
Eiweiß-%	0,03	0,02	0,02	0,02
EKG	36	22	32	36
Milchtyp	112	107	108	111
Körper	112	107	109	111
Fundament	113	108	111	113
Euter	120	113	117	121
Melkbarkeit	100	101	101	102

\*Eigener Betrieb: 92 Tiere / KuhVisionsbetriebe (324): 20255 Tiere/Top 25 % der besten KuhVisionbetriebe im Merkmal RZG (81): 2783 Tiere/Top 10 % der besten KuhVisionbetriebe im Merkmal RZG (33): 632 Tiere

Quelle: Dr. Dierck Segelke, VIT Verden

realisiert. Für sicherlich jeden Rinderhalter eine wichtige Erkenntnis und Belohnung für die züchterische Arbeit.

### Fazit

Die flächendeckende genomische Typisierung weiblicher Tiere schafft eine valide Selektionsgrundlage zur Verfolgung der durch den Betriebsleiter definierten Zuchtziele. Sie bietet Entscheidungshilfen für eventuelle Verkäufe, Anpaarungen oder die intensive Vermehrung geeigneter

Tiere durch Biotechnologien wie ET oder OPU. Sie bringt dabei, anders als bei der Anpaarung rein nach phänotypischer Beurteilung, hohe Sicherheiten und eine große Menge nicht offensichtlich erkennbare Hintergrundinformationen über das betreffende Rind. Erreicht werden kann damit höchster Zuchtfortschritt insbesondere in den funktionellen Gesundheitsmerkmalen, die durch rein phänotypische Beobachtung erst deutlich später, ab ca. der dritten Laktation, erkennbar sind. Sollten Sie

Interesse an weiteren Informationen zur genomischen Selektion Ihrer Herde oder der Teilnahme am Projekt Kuhvision bekommen haben, kontaktieren Sie die Rinderzucht Schleswig Holstein eG gerne.

Ihre Ansprechpartnerin ist Frau Pia Thies unter 04321- 905 302 oder p.thies@rsheg.de

Text: Melanie Gockel