

13. Genomische Zuchtwertschätzung¹

Die offizielle Einführung der genomischen ZWS (gZWS) in den Jahren 2010 (Holstein) bzw. 2011 (Fleckvieh, Braunvieh) stellt sicher eine der größten Neuerungen im Zuchtgeschehen der letzten Jahrzehnte dar. Somit liegen offizielle Zuchtwerte bei Jungtieren vor, deren Sicherheiten einen breiteren Besamungseinsatz von ungeprüften Vererbern rechtfertigen. Das EU-Recht definiert eine Mindestsicherheit von 50% beim Milchwert um mehr als 2.000 Samenportionen eines Besamungstieres vermarkten zu dürfen. Diese Mindestsicherheit wird bei genomisch optimierten Zuchtwerten (goZW) deutlich überschritten, womit einem breiten Einsatz in der Besamung aus rein rechtlichen Gründen nichts im Wege steht.

Beim Braunvieh gibt es über Interbull auch ein länderübergreifendes Projekt (InterGenomics). Für kleinere Rassen dürfte es nach derzeitigem Wissensstand eher schwierig sein, diese neue Methode gewinnbringend zu nutzen.

Was ist eine genomische Zuchtwertschätzung?

Das genetische Potential bzw. der Zuchtwert eines Tieres konnte bisher nur über seine eigenen Leistungen und/oder über die Leistungen seiner Verwandten bestimmt werden. Die Schlagwörter ‚genomisch‘ oder ‚Gen- bzw. SNP-Effekte‘ lassen vermuten, dass hier ein Zuchtwert quasi am Erbgut abgelesen bzw. festgestellt werden könnte, tatsächlich kann man den Zuchtwert nur näherungsweise direkt aus dem Erbgut (Genom) schätzen. Grundlage dafür sind die sogenannten SNPs (single nucleotide polymorphism), Variationen auf der DNA, welche über das gesamte Genom eines Tieres verteilt sind.

Das derzeitige Verfahren der genomischen ZWS wird daher hier vereinfacht beschrieben:

- Grundlage jeder aussagekräftigen ZWS ist eine solide Datenqualität. Die Genotypendaten sämtlicher in die Schätzung eingehenden Tiere werden daher umfangreichen Überprüfungen unterzogen. Im Zuge dieses Verfahrens werden beispielsweise unzuverlässige Marker verworfen bzw. Tiere ausgeschlossen, deren genomisch bestimmte Verwandtschaft einen Konflikt zur abstammungsbasierten Verwandtschaft aufweist. Ein derartiger Konflikt kann auf Verwechslungen bei der Probensammlung oder im Labor zurückzuführen sein, oder auf Fehler in der Abstammungssicherung. Sowohl Züchter als auch die ZWS-Rechenstelle haben ein großes Interesse diese Konflikttiere aufzuklären.
- Die genomische ZWS wird derzeit parallel zur herkömmlichen Zuchtwertschätzung durchgeführt. Zur Kalibrierung der gZWS ist eine große Anzahl von konventionell und sicher geprüften Altstieren notwendig (Kalibrierungs- oder Lernstichprobe). Bei Fleckvieh tragen aktuell je nach Merkmal zwischen 8.000 und 11.000 Tiere zur Ableitung der Schätzformel bei. Beim Braunvieh sind es zwischen 3.000 und 5.000 Tiere, bei Holstein ca. 35.000. Daher ist klar, dass sichere Zuchtwerte aus der Nachkommenprüfung sowie eine umfangreiche und breite Leistungsprüfung auch weiterhin die Grundlage für konventionelle und genomische Zuchtwerte sind.
- SNP-Chips erlauben es, in einem Analyseschritt über 54.000 ‚Einzelbausteine‘ im Genom (SNP-Marker), bei denen sich Tiere unterscheiden können, zu bestimmen (‚Genotypisierung‘). Über diese SNP-Marker kann nun die exakte Verwandtschaft zwischen Tieren bestimmt werden. Beispielsweise weisen Enkel mit Großvätern in der

¹ Dieses Kapitel stammt größtenteils von Dr. Hermann Schwarzenbacher (ZuchtData) und Dr. Christa Egger-Danner (ZuchtData).

konventionellen ZWS immer eine Verwandtschaft von genau 0,25 auf, während über genetische Marker tatsächliche Verwandtschaften zwischen 0,15 und 0,35 beobachtet werden können. Diese Berücksichtigung der exakten Verwandtschaft zwischen Tieren führt in der genomischen ZWS daher zu wesentlich genaueren Zuchtwerten, vor allem bei Tieren ohne Nachkommeninformation. Die aktuell verwendete Methode der genomischen ZWS ist G-BLUP (genomic BLUP), international kommt auch die Methode Bayes B zum Einsatz. Beide Methoden führen (bei den Merkmalen etwas unterschiedlich) zu sehr ähnlichen Ergebnissen.

- Die Zuchtwerte welche über diese Verfahren geschätzt werden, werden als **genomisch direkte Zuchtwerte (gdZW)** bezeichnet. Da derzeit ausschließlich Stiere in der genomischen ZWS erfasst werden, finden insbesondere Leistungen von Müttern dieser Stiere derzeit keine Berücksichtigung in der Schätzung von gdZW. Daher werden in einem nachgelagerten Verfahren über statistisch abgeleitete Gewichtungsfaktoren gdZW mit konventionellen Zuchtwerten kombiniert. Diese Zuchtwerte werden als **genomisch optimierte Zuchtwerte (goZW)** bezeichnet. Da der goZW wesentlich höhere Sicherheiten aufweist als der gdZW, werden ausschließlich goZW sowie deren Sicherheiten veröffentlicht.

- **gdZW (genomisch direkter Zuchtwert):** Der genomisch direkte Zuchtwert, ist jener Zuchtwert, der aus den Informationen aus dem Erbgut (Genom, SNP-Marker) geschätzt wird.
- **goZW (genomisch optimierter Zuchtwert):** Beim genomisch optimierten Zuchtwert wird der gdZW mit dem Ahnenindex bzw. dem konventionellen ZW über eine Gewichtung kombiniert. Der goZW ist dem gdZW von der Sicherheit und Aussagekraft überlegen.

Sicherheit genomischer Zuchtwerte

Die genomischen Zuchtwerte sind deutlich sicherer als die konventionellen Zuchtwerte, allerdings handelt es sich dabei keinesfalls bereits um die wahren Zuchtwerte. Die Sicherheiten liegen je nach Merkmal und Rasse meist zwischen 40 und 75% für Tiere ohne Eigen- oder Nachkommenleistung. Ein herkömmlicher Ahnenindex weist meist Sicherheiten zwischen 20 und 35% auf. Das bedeutet, dass bereits bei Kälbern Sicherheiten vorliegen, die ansonsten erst bei Vorliegen von Nachkommenleistungen erreicht werden.

In Tabelle 1 findet sich eine beispielhafte, vereinfachte Darstellung für den Gesamtzuchtwert (GZW) und Fitnesswert (FIT) für die ungefähr erreichbaren Sicherheiten bei verschiedenen Tiergruppen beim Fleckvieh. Bei Tieren ohne Eigen- und Nachkommenleistung (Kälber, Teststiere) werden bei der genomischen ZWS bereits Sicherheiten von ca. 60% und darüber erreicht, die weit über den bisherigen Zahlen beim Ahnenindex (ZW aus Vater und Mutter) liegen. Bei Kühen kann ebenfalls ein deutlicher Sicherheitsgewinn erzielt werden, bei Stieren mit bereits relativ genau geschätzten konventionellen Zuchtwerten ist der Gewinn nur mehr gering. Der relative Sicherheitsgewinn ist bei den Fitnessmerkmalen tendenziell etwas höher als bei den Leistungsmerkmalen, allerdings bleibt die Sicherheit trotzdem unter den Leistungsmerkmalen.

Tabelle 1: Vergleich der durchschnittlichen Sicherheiten für GZW und FIT bei konventioneller und genomischer ZWS.

Merkmal	Tiergruppe	Konv. ZW	goZW	Zugewinn
GZW	Kalb/Teststier	35%	60%	+25%
	Kuh (1 Lakt.)	50%	65%	+15%
	Altstier	85%	87%	+2%
FIT	Kalb/Teststier	30%	55%	+25%
	Kuh (1 Lakt.)	40%	60%	+20%
	Altstier	75%	80%	+5%

Das VIT Verden gibt für Holstein die in Tabelle 2 dargestellten Sicherheiten für die einzelnen Merkmale an. Die bei Holstein erreichbaren Sicherheiten sind durch die unterschiedliche Populationsstruktur und die deutlich größere Kalibrierungsstichprobe als bei Fleckvieh und Braunvieh etwas höher.

Tabelle 2: Sicherheit des goZW im Vergleich zum Ahnenindex bei Holstein.

Merkmal	Si. Ahnenindex	Si. goZW	Töchter-Äquivalent (ca.)
Milch (RZM)	33	75	50 mit 3 Probemelkergebnissen
Nutzungsdauer (RZN)	27	53	100 1. Lakt. + 70 2. Lakt.
Fruchtbarkeit (RZR)	28	48	80 1. Lakt.
Kalbeverlauf pat.	33	45	40 Kalbungen
Kalbeverlauf mat.	28	43	40 Erstkalbungen
Zellzahl (RZS)	31	75	85 mit 3 Probemelkergebnissen
Melkbarkeit (RZD)	28	70	30

Praktischer Ablauf der genomischen ZWS

Die Teilnahme an der genomischen ZWS steht grundsätzlich allen Züchtern offen. Der Zuchtverband ist für die Abwicklung der genomischen Selektion im jeweiligen Bundesland bzw. Zuchtgebiet zuständig. Daher ist bei Interesse der zuständige Zuchtverband zu kontaktieren.

Aus Tabelle 3 ist gut ersichtlich, dass eine strenge Vorauswahl der Kandidaten nach konventionellem Ahnenindex für den zu erwartenden Erfolg sehr wichtig ist. Bei steigendem Ahnenindex steigt die Wahrscheinlichkeit für sehr hohe genomische Zuchtwerte erwartungsgemäß deutlich an.

Tabelle 3: Mittlere goGZW und prozentualer Anteil der Kandidaten über einem Schwellenzuchtwert für die bisher genotypisierten Kandidaten in Abhängigkeit von der Höhe des Ahnenindex beim GZW (Fleckvieh, Dez. 2016).

Ahnen- Index	Anzahl Kandidaten	Mittel AI	goGZW	proz. Anteil Kandidaten mit goGZW über				
				>120	>125	>130	>135	>140
alle	41.260	116,4	114,2	24,6	8,4	1,8	0,3	0,0
<110	5.078	105,8	104,9	0,6	0,0	0,0	0,0	0,0
110-119	23.027	115,1	113,0	13,5	2,4	0,2	0,0	0,0
120-124	10.136	121,7	119,0	46,4	15,9	2,9	0,2	0,0
125-129	2.782	126,3	123,1	75,0	40,2	11,5	2,0	0,1
130-134	224	131,0	127,8	93,8	69,2	34,4	15,2	3,1
>135	13	137,8	137,3	100,0	100,0	84,6	76,9	38,5

Für den einzelnen Züchter ist abzuwägen, ob sich eine Untersuchung auch von weiblichen Tieren rechnet. Die Zuchtorganisationen beschränken sich in erster Linie auf Stierkälber bzw. Jungstiere, Stiermütter werden hauptsächlich im Zusammenhang mit geplanten Spülungen für einen Embryotransfer typisiert.

Probennahme:

Um die DNA eines Tieres bestimmen zu können, ist eine Gewebeprobe notwendig. Dies erfolgt derzeit am einfachsten mit Hilfe einer Ohrstanzprobe. Für eine Blutprobe ist einerseits ein Tierarzt notwendig und andererseits ist Blut nicht für Zwillingskälber geeignet, weil hier ein sogenannter Blut-Chimärismus auftritt.

Vom Zuchtverband bekommt der Züchter das Antragsformular für die genomische Zuchtwertschätzung und das Röhrchen mit Barcode für die Probennahme. Das Antragsformular ist mit Tag der Probennahme, Unterschrift des Tierarztes und Unterschrift des Tiereigentümers vollständig auszufüllen. Proben mit unvollständig ausgefüllten Antragsformularen werden nicht bearbeitet. Nach der Gewebe- bzw. Blutentnahme, ist der Barcode abzuziehen und auf das zugehörige Antragsformular zu kleben (siehe Abbildung 1). Es ist sehr wichtig, dass es zu keiner Vertauschung der Proben kommt.

Da für den gesamten Ablauf mit DNA-Extraktion, Genotypisierung, Validierung, genomischer Zuchtwertschätzung und Ergebnisbereitstellung mit ca. 6 Wochen zu rechnen ist, muss die Gewebeprobe rechtzeitig im Austrian Institute of Technology (AIT) in Tulln eingelangt sein. Die Verarbeitung erfolgt nach der Reihenfolge des Eintreffens der Proben. Durch Mindestgrößen für die Verarbeitung (Einheiten von mind. 24 Proben) ist eine Verarbeitung zum jeweiligen Termin nicht zu hundert Prozent zu garantieren. Es wird versucht, möglichst alle Proben beim jeweiligen Termin zu berücksichtigen. Eventuell nicht berücksichtigte Proben werden beim nächsten Termin bevorzugt behandelt.

Untersuchungslabor	
AIT Austrian Institute of Tech Seibersdorf 2444 Seibersdorf T +43(0)50550-0	
SNP-Untersuchungsantrag für Tier	
AT 123.456.789 HUMBO	
Geboren 03.09.10	Geschlecht M
Rasse: Fleckvieh	
Vater AT 123.456.789	HUMBA
Mutter AT 123.456.789	SELFTA
Tier ISOlebensnummer	Proberöhrchen
 40000123456789	 Barcodeetikette Bitte hier einkleben!
Betrieb	Probenahmedatum:
Testbauer Mann Dorfstraße 123 1234 Testdorf T 012345678	Ich bestätige die korrekte Zuordnung der Probe zur Lebensnummer des Tieres
 Unterschrift des Tierarztes

Abbildung 1: Auszug aus dem Antragsformular.



Abbildung 2: Zange für Ohrstanzprobe (links) und Proberöhrchen für die Blutabnahme (rechts).

Genotypisierung:

Wenn DNA erfolgreich extrahiert werden konnte, werden die DNA-Proben zur GeneControl nach München zur Genotypisierung gesendet. Diese Informationen werden dann vom Genotypisierungslabor in die Genomdatenbank im Rahmen des Rinderdatenverbundes (RDV) übermittelt.

Überprüfung der Genotypen:

Die ZWS-Rechenstelle in Grub vergleicht die Genotypen der Tiere mit bereits vorhandenen Genotypen von verwandten Tieren. Dadurch können Abstammungsfehler oder Vertauschungen von Proben entdeckt und von der genomischen Zuchtwertschätzung ausgeschlossen werden. Tiere ohne kontrollierte Abstammung können nicht berücksichtigt werden.

Genomische Zuchtwertschätzung:

Für die validierten Genotypen werden von den Rechenstellen genomische Zuchtwerte geschätzt.

Veröffentlichung und Abrechnung:

Die genomischen Zuchtwerte werden monatlich (mit Ausnahme Jänner) geschätzt und ersetzen die rein konventionellen ZW und sind die offiziellen Zuchtwerte.

Zusätzlich zu den Zuchtwerten wird bei männlichen Tieren auch die Reihenfolge nach GZW in der Gruppe der männlichen Halbgeschwister ausgewiesen. Dadurch ist sehr schnell ersichtlich, wie gut ein Jungstier im Vergleich zu den anderen liegt. Der Tierbesitzer erhält die Informationen vom Zuchtverband.

Die Kosten belaufen sich aktuell für DNA-Extraktion, Genotypisierung und ZWS (ohne Probennahme) auf € 83,-- (netto). Die Abrechnung erfolgt über den Zuchtverband. Hinsichtlich der Kostenaufteilung gibt es unterschiedliche Regelungen in den einzelnen Zuchtgebieten bis hin zu Anpaarungsverträgen.

Risikomanagement beim Einsatz von genomischen Jungstieren

Höheres Zuchtwertniveau

Genomische Zuchtwerte mit einer Sicherheit von beispielsweise 60% lassen wesentlich größere Zuchtwertschwankungen erwarten als ZW von geprüften Stieren mit 90% Sicherheit. Andererseits weisen genomische Jungstiere im Durchschnitt ein deutlich höheres ZW Niveau als geprüfte Stiere auf, da sie die neueste Genetik repräsentieren und sehr scharf selektiert wurden.

Als Beispiel seien hier ein genomischer Jungstier und ein geprüfter Stier mit geschätzten Zuchtwerten von jeweils 130 angenommen. Die Wahrscheinlichkeiten, dass der wahre ZW ≤ 120 beträgt, belaufen sich auf rund 9% beim genomischen und 0,5% beim geprüften Stier. Liegt jedoch

der genomische Zuchtwert bei 140, dann beträgt auch beim genomischen Jungstier die Wahrscheinlichkeit, für einen wahren Zuchtwert ≤ 120 nur mehr 0,5% (siehe Abbildung 3). Es ist also möglich, durch ein entsprechend höheres Zuchtwertniveau einen vollständigen Risikoausgleich zu erreichen. Eine solche Strategie ist auch deshalb eindeutig überlegen, da ein genomischer ZW (goZW) mit 140 auch ungleich höhere Chancen für Zuchtwertabweichungen nach oben aufweist.

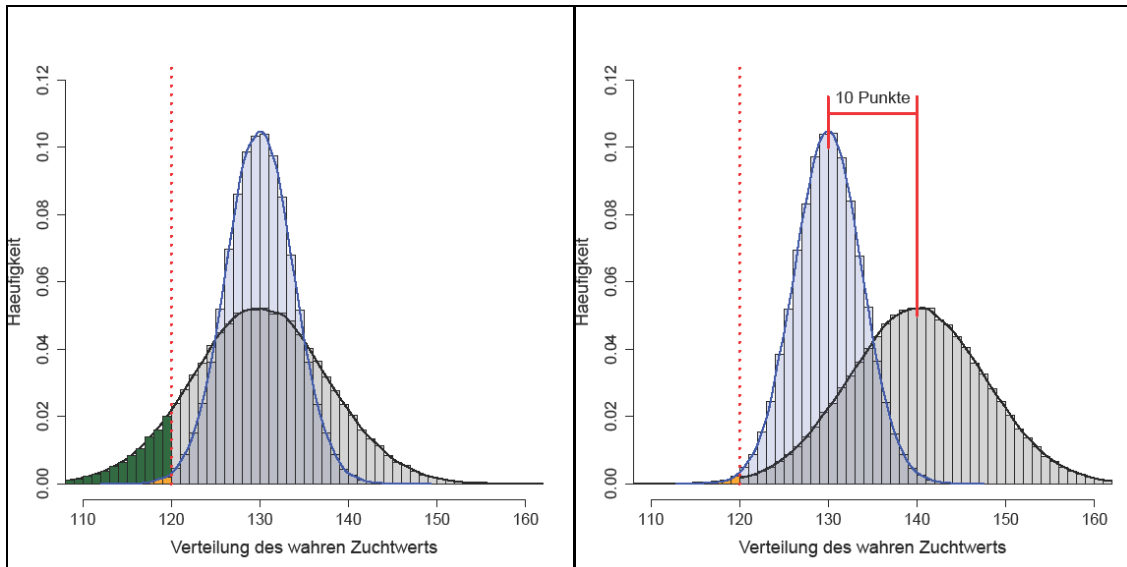


Abbildung 3: Verteilung des wahren Zuchtwerts bei geschätzten genomischen (grau) und geprüften (hellblau) Zuchtwerten von je 130.

Die Sicherheit des genomischen ZW beträgt 60% und die des geprüften ZW 90%. Die eingefärbten Flächen stellen die Wahrscheinlichkeiten für einen wahren Zuchtwert unter 120 bei einem geschätzten genomischen (grün) bzw. geprüften Zuchtwert (orange) von 130 dar.

Gleichzeitiger Einsatz mehrerer Jungtiere

Der zweite wichtige Ansatz einen Risikoausgleich zu erreichen, ist der Einsatz mehrerer Stiere. Da Zuchtwertschwankungen nach oben und unten gleich wahrscheinlich sind, sind in Bezug auf alle Besamungen in einer Herde weniger Ausreißer zu erwarten, wenn mehr Stiere eingesetzt werden.

Auch hier soll der Zusammenhang mit einem Beispiel veranschaulicht werden: In drei Modellbetrieben mit jeweils 40 Kühen, werden entweder 2 (Strategie A), 4 (Strategie B) oder 8 (Strategie C) genomische Jungtiere pro Jahr mit Zuchtwerten von genau 130 eingesetzt. Da jeder Stier gleich häufig eingesetzt wird, kommen je nach Strategie 20 (A), 10 (B) bzw. 5 (C) Erstbesamungen auf einen Jungstier. Untersucht wird die Anzahl der Besamungen in der Herde bei denen der wahre Zuchtwert des Besamungsstiers ≤ 120 liegt.

Wie aus Abbildung 4 hervorgeht, beträgt bei der risikoreichsten Strategie A die Wahrscheinlichkeit, dass die Hälfte der Besamungen unter 120 abfällt, 17%. Der Fall, dass alle 40 Besamungen \leq ZW 120 abfallen, ist mit 1% bereits sehr unwahrscheinlich. Im günstigsten Fall mit einer Wahrscheinlichkeit von 82% liegt der wahre Zuchtwert für beide Jungtiere und somit alle 40 Besamungen über 120. Im Vergleich dazu fällt bei Strategie B und C auf, dass der günstigste Fall mit 40 Besamungen >120 ZW zwar weniger wahrscheinlich ist, aber auch ungünstige Zuchtwertveränderungen wesentlich unwahrscheinlicher sind. Wenn 4 statt 2 Jungtiere eingesetzt werden, reduziert sich die Wahrscheinlichkeit für einen Abfall auf ≤ 120 bei der Hälfte der durchgeführten Besamungen von 17 auf 4 Prozent. Bei 8 Stieren liegt die Wahrscheinlichkeit sogar nahe bei 0. Diese Modellbetrachtung zeigt, dass bei den moderaten Sicherheiten genomischer Zuchtwerte Risikostrategien eine wichtige Bedeutung zukommt. Der gleichzeitige und ausgewogene Einsatz von ca. 5 genomischen Jungtieren am Betrieb in Verbindung mit einem jährlichen Wechsel führt im Vergleich zum ausschließlichen Einsatz von geprüften Stieren zu deutlich höheren Zuchtfortschritten bei moderatem Risiko. Die Strategie jährlich nur 1 bis 2

Jungstiere einzusetzen ist hingegen mit deutlich höheren Risiken verbunden und erscheint daher als nicht ratsam.

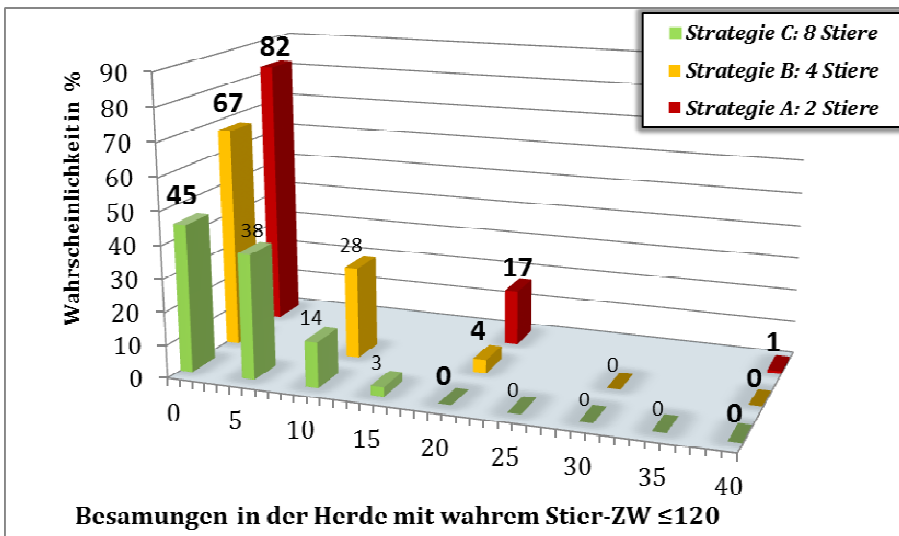


Abbildung 4: Vergleich dreier Strategien in Bezug auf den Einsatz genomischer Jungstiere in einer Herde mit 40 Kühen: Angegeben ist die Wahrscheinlichkeit dass bei einer definierten Anzahl der durchgeführten Erstbesamungen der wahre Zuchtwert des Stieres ≤ 120 liegt. Die Sicherheit des goZW wurde mit 60% angenommen.

Zuchtprogramme ändern sich

Aufbauend auf den Ergebnissen von verschiedenen Analysen von Einzelmaßnahmen im genomischen Zuchtprogramm wurde mit den Verantwortlichen der Zuchtorganisationen die neuen Zuchtprogramme Fleckvieh AUSTRIA 2012 und Braunvieh AUSTRIA 2012 ausgearbeitet (Abb. 5 und 6).

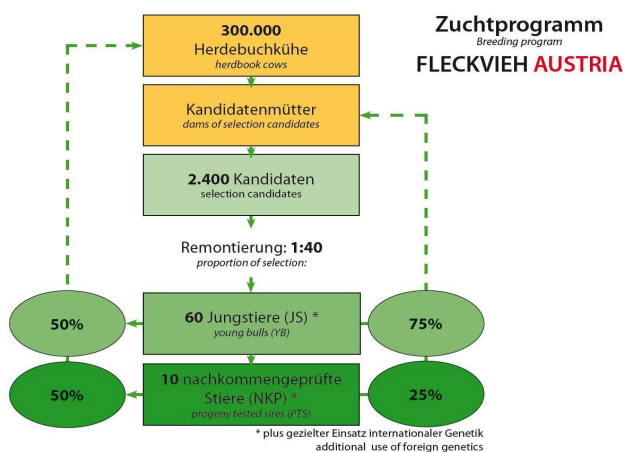


Abb. 5: Genomisches Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA.

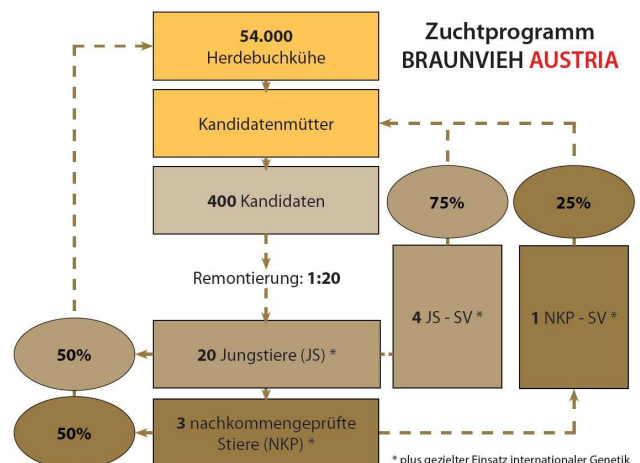


Abb. 6: Genomisches Zuchtprogramm Braunvieh AUSTRIA.

In den genomischen Zuchtprogrammen sollen jährlich 60 bzw. 20 Jungstiere aus 1.200 bzw. 400 Kandidaten selektiert werden (Remontierung 1:40 bzw. 1:20). Aus den 60 bzw. 20 Jungstieren werden jährlich die besten 10 bzw. 3 Stiere aufgrund der Nachkommenleistung als NKP-Stiere selektiert. Die besten daraus werden als Stierväter für die Anpaarung mit den genetisch interessantesten Kühen herangezogen. Bezogen auf den Besamungsanteil wurde als Ziel formuliert,

das die Herdebuchkühe österreichweit zu 50% mit Jungstieren besamt werden. Bei den Kandidatenmüttern (gezielte Paarung) ist ein Anteil von 75% das Ziel. Aktuelle Auswertungen (Abb. 7 und 8) zeigen, dass der Anteil an Jungstier-Besamungen bei Fleckvieh und Braunvieh Österreich-weit fast bei den angestrebten 50% liegt bzw. in einzelnen Verbänden sogar übertroffen wird.

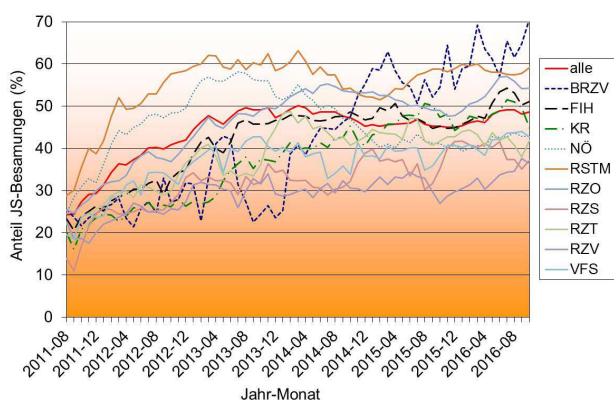


Abb. 7: Anteil der Jungstier-Besamungen beim Fleckvieh.

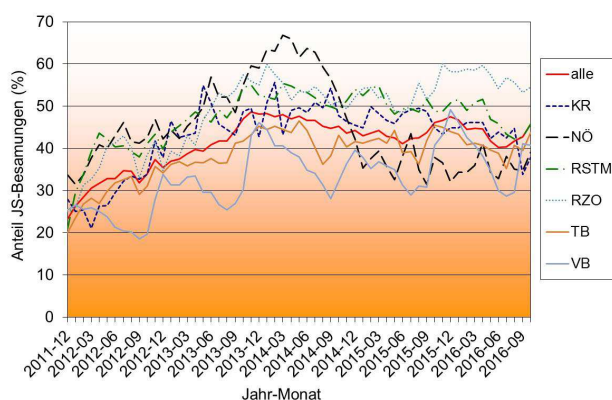


Abb. 8: Anteil der Jungstier-Besamungen beim Braunvieh.

Die Ergebnisse der Zuchtplanungsrechnungen zeigen, dass das neue genomische Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2012 im Vergleich zum Nachkommen-Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2000 bei konsequenter Umsetzung ca. 40% mehr Zuchtfortschritt pro Jahr erwarten lässt.

Das Potential des neuen genomischen Zuchtprogrammes Fleckvieh AUSTRIA 2012 im Vergleich zum Nachkommen-Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2000 ist in den Tabellen 4 und 5, sowie der Abbildung 9 zusammengefasst.

Der monetäre Zuchtfortschritt pro Jahr kann durch das neue genomische Zuchtprogramm, wie es hier konzipiert ist, um ca. 40 % gesteigert werden. Das Generationsintervall reduziert sich von 5,5 auf 4,3 Jahre. Die Züchtungskosten des neuen genomischen Zuchtprogrammes liegen ca. 10% über den Kosten des Nachkommen-Zuchtprogrammes. Durch den höheren monetären Zuchtfortschritt pro Jahr ist jedoch ein höherer Züchtungsgewinn möglich. Die Zuchtprogramme sind als Zielformulierung anzusehen. Die hier dargestellten Zuchtfortschritte sind möglich, wenn das Zuchtprogramm konsequent umgesetzt wird.

Tabelle 4: Monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr und Generationsintervall für das neue genomische Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2012 im Vergleich zum Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2000

	Fleckvieh AUSTRIA 2000	Fleckvieh AUSTRIA 2012	Differenz
Mon. Zuchtfortschritt pro Jahr (%)	100,0	139,4	+39,4%
Generationsintervall (Jahr)	5,5	4,3	-1,2 Jahre

Die natürlichen Zuchtfortschritte pro Jahr für ausgewählte Merkmale des GZW sind in Tabelle 5 aufgelistet. Mit dem neuen genomischen Zuchtprogramm kann der Zuchtfortschritt für die Eiweißmenge von 3,60 kg pro Jahr auf 4,84 kg pro Jahr gesteigert werden. Bei einem Eiweißgehalt von 3,4% entsprechen 3,60 kg Eiweiß in etwa 106 kg Milch Zuchtfortschritt pro Jahr, die 4,84 kg Eiweiß kg stehen für 142 kg Milch. Durch die genomische Selektion kann der Zuchtfortschritt pro Jahr für die Nutzungsdauer und den maternalen Kalbeverlauf verbessert werden. Merkmale, die bereits beim Nachkommen-Zuchtprogramm negative Entwicklungen erwarten ließen, können nicht nennenswert verbessert werden (maternale Fruchtbarkeit, Zellzahl). Die Fleischleistung kann in etwa gehalten werden.

Tabelle 5: Natürlicher Zuchtfortschritt pro Jahr für die ausgewählten Merkmale Eiweißmenge, Nutzungsdauer, Fruchtbarkeit, maternaler Kalbeverlauf und Zellzahl im Vergleich für Fleckvieh AUSTRIA 2012 und Fleckvieh AUSTRIA 2000

	Fleckvieh AUSTRIA 2000	Fleckvieh AUSTRIA 2012	Differenz
Eiweiß (kg)	3,60	4,84	+1,24
Nutzungsdauer (Tage)	4,37	7,58	+3,21
Fruchtbarkeit (ZW-Pkte)	-0,10	-0,07	+0,03
Maternaler Kalbeverlauf (ZW-Pkte)	0,49	0,74	+0,25
Zellzahl (ZW-Pkte)	-0,06	-0,07	-0,01

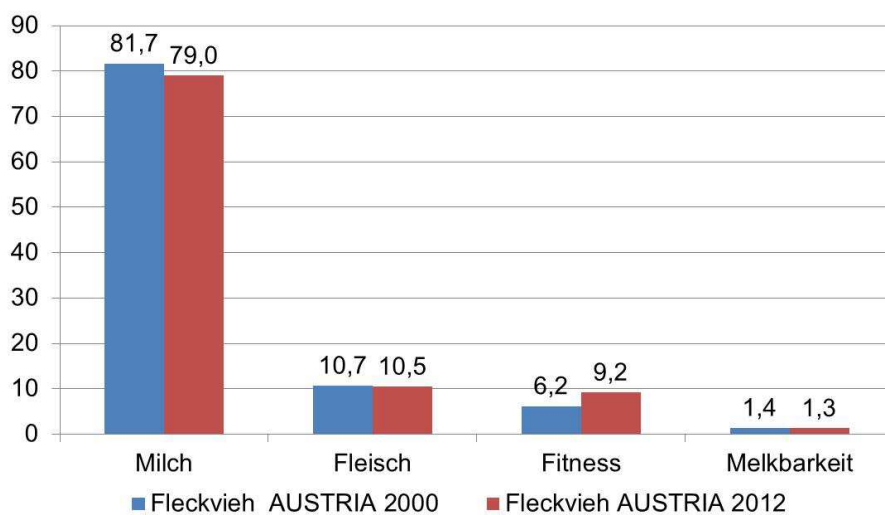


Abbildung 9: Relativer monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr zusammengefasst für Milchleistungs-, Fleischleistungs-, Fitnessmerkmale und Melkbarkeit für Fleckvieh AUSTRIA 2012 und Fleckvieh AUSTRIA 2000 in %

In Abbildung 9 ist der relative monetäre Zuchtfortschritt pro Jahr für die verschiedenen Merkmalsblöcke dargestellt. Die Untersuchungen zu Auswirkungen auf Fitness und Gesundheit zeigen, dass die genomische Selektion generell eine leichte Stärkung der Fitness erwarten lässt, wenn weiterhin von allen Kühen Daten aus der Leistungsprüfung vorliegen. Durch die geringere Stieranzahl ist mit einer höheren Anzahl Nachkommen pro Jungtier und daher mit zuverlässigeren Zuchtwerten für Fitness- und Gesundheitsmerkmale zu rechnen.

Die Auswertungen zeigen jedoch, dass, auch wenn der Fitnessblock generell anteilig mehr Zuchtfortschritt pro Jahr erwarten lässt, beim aktuellen Gesamtzuchtwert ohne Berücksichtigung der direkten Gesundheitsmerkmale wie Mastitis, frühe Fruchtbarkeitsstörungen oder Zysten die zu erwartenden Zuchtfortschritte für die Einzelmerkmale maternaler Fruchtbarkeits-Index und Zellzahl leicht negativ sind. Wenn diese Merkmale auch im Gesamtzuchtwert berücksichtigt werden, so ist auch für die maternale Fruchtbarkeit und die Eutergesundheit eine positive Entwicklung zu erzielen. Untersuchungen zeigen, dass die genomische Selektion das Potential hat, den Zuchtfortschritt pro Jahr deutlich zu steigern, die Richtung muss jedoch im Gesamtzuchtwert vorgegeben werden. Die Voraussetzung für Zucht auf Fitness und Gesundheit sind zuverlässige Daten aus der Leistungsprüfung für diese Merkmale.

Resümee

Wie bei jeder neuen Technologie gilt es auch hier für Anwender, d.h. Züchter und Verantwortliche der Besamungsstationen und Zuchtverbände, eine ausgewogene Mischung zwischen dem Nutzen von Chancen und der Vermeidung von unwägbareren Risiken zu finden. Die genomische ZWS hat die Rinderzucht nachhaltig verändert, wobei in den nächsten Jahren noch größere Weiterentwicklungen zu erwarten sind. Die genomischen Zuchtwerte erhöhen die Sicherheit deutlich, allerdings kennen wir dadurch noch bei weitem nicht den wahren Zuchtwert oder gar die einzelnen Gene und somit wird es auch weiterhin entsprechende ZW-Schwankungen und die eine oder andere positive oder negative Überraschung geben.

Züchter sollten daher bei der Auswahl der Besamungsstiere die Risiken auf mehrere Jungtiere mit höchsten genomischen Zuchtwerten verteilen. Sinnvoll ist es aber auch weiterhin geprüfte Altstiere aus dem absoluten Top-Segment der Zuchtwertlisten einzusetzen.

Festzuhalten ist, dass die genomische ZWS weder die bisherige ZWS noch die Leistungsprüfung ersetzt, sondern nur ergänzt. Die konventionelle ZWS ist die Basis für die genomische ZWS und eine umfassende, objektive Leistungsprüfung wird weiterhin das entscheidende Fundament für züchterische Entscheidungen sein. Das wird insbesondere auch für den Bereich der Fitnessmerkmale (insbesondere Gesundheitsdaten) gelten. Durch die Berücksichtigung genomischer Zuchtwerte in den Zuchtprogrammen wird es vor allem durch die Verkürzung des Generationsintervalls zu einem noch höheren Zuchtfortschritt vor allem bei der Milch kommen. Allerdings bietet die genomische ZWS auch für die Fitnessmerkmale große Möglichkeiten, die züchterisch genutzt werden müssen. Es wäre fatal, die genomische ZWS nur in Richtung Steigerung der Milchleistung zu nutzen - speziell im Fitnessbereich besteht großer Handlungsbedarf. Die genomischen Zuchtwerte haben ein sehr großes Potential, sie müssen aber auch entsprechend verantwortungsvoll eingesetzt werden!