



Genomik in der Holsteinrasse

Bestandsaufnahme

In den letzten Monaten sind von zahlreichen genomischen Bullen die ersten Töchter in die Milchproduktion eingestiegen, sodass von ihnen jetzt Zuchtwerte auf Basis ihrer Nachkommen vorliegen. Diese Veröffentlichungen werden von zahlreichen Kommentaren begleitet. Es erschien uns wichtig, noch einmal die Vorteile sowie die Grenzen der genomischen Zuchtwertschätzung zu wiederholen. Dies, damit jeder die Möglichkeit hat, den Einsatz dieser neuen Bullenliste abzuwägen.

Nicolas GENGLER,
Dozent, Universität Lüttich, Gembloux Agro-Bio Tech
Patrick MAYERES,
Direktor des Dienstleistungszentrums AWE voe

Merkmal	R ² Pedigree-Index	R ² Genomischer Index	Äquivalent
Milch	32	73	± 50 Töchter mit 3 Kontrollen
Zellen	31	75	± 85 Töchter mit 3 Kontrollen
Morphologie	30	69	± 25 klassifizierte Töchter
Langlebigkeit	27	53	± 50 Töchter in 2. Laktation
Fortpflanzung	25	50	± 80 Töchter in 1. Laktation

Genauere und raschere Zuchtwerte

Einfach ausgedrückt ermöglicht die genomische Typisierung anhand der DNA-Analyse eine genauere Schätzung des genetischen Potentials eines Tieres, mit anderen Worten seines Zuchtwertes, den man für die wichtigsten Merkmale auch Index nennt. Erreicht sie die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung eines Bullen anhand einer sehr großen Zahl von Töchtern? - Nicht ganz! Folgende Tabelle (Quelle: VIT) vermittelt eine Vorstellung der maximalen Sicherheit eines Jungbullens, dessen Zuchtwert genomisch geschätzt wurde.

So sieht man zum Beispiel dass die Milchproduktion eines genomischen Bullen im besten Fall der Sicherheit eines Bullen mit 50 Töchtern entspricht, die 3 Milchkontrollen hinter sich haben. Dies entspricht auch dem ersten Interbullergebnis eines Bullen nach dem klassischen Schema. Allerdings musste man bisher warten, bis der Bulle etwa 6 Jahre alt war, wie man an der nächsten Abbildung erkennt (Quelle: VIT). Dieser Vorteil der genomischen Zuchtwertschätzung gilt noch mehr für die funktionellen Kriterien. Für die Langlebigkeit zum Beispiel, kann man dank ihrer 7 Jahre einsparen, mit einer Sicherheit die jener eines Bullen entspricht, der bereits 50 Töchter in der zweiten Laktation hat.

Man muss die zweite Töchtergeneration abwarten, bis die Sicherheit eines genomisch getesteten Bullen jene eines nicht genomisch getesteten Bullen erreicht, der hierfür 8 Jahre benötigt.

Für die weiblichen Tiere ist der Zeitgewinn noch grösser: die Sicherheit des genomischen Index wird über die traditionelle Zuchtwertschätzung niemals erreicht (Abbildung 2, Quelle: VIT): bereits bei der Geburt eines weiblichen Tieres ist sein genetisches Potential ersichtlich und zwar mit einer größeren Sicherheit als wenn es 4 Laktationen hinter sich hätte!

Die Fehlermarge des genomischen Index

Solange der Bulle keine Töchter in Milchproduktion hat, bleibt sein Sicherheitsniveau während 5 Jahren, wie im Beispiel ersichtlich, auf der Stufe eines Bullen mit 50 Töchtern in erster Laktation mit 3 Milchkontrollen stehen. Dabei zeigt die Erfahrung aus dem traditionellen Testschema dass ein Index mit einem solch niedrigen Sicherheitsniveau sich im Laufe der Zeit noch ändern kann. Um eine Vorstellung dieser Variabilität zu vermitteln, wird bei der Veröffentlichung eines Indexes stets die Sicher-

heit (R²) hinzugefügt. Dieser Wert stellt eine Prognose der Sicherheit der Zuchtwertschätzung dar, wie in Abbildung 3 ersichtlich ist.

Der veröffentlichte Index ist die beste Schätzung des genetischen Potentials auf Basis der verfügbaren Informationen. Doch jede Schätzung beinhaltet eine Fehlermarge: je höher die Sicherheit ist, desto schwächer wird diese Fehlermarge. Bei einem Sicherheitsniveau von 35 %, welches einem Stammbaumindex entspricht, und einem auf 250 € geschätzten V€G, bestehen 5 % Chancen, dass der Wert außerhalb des Intervalls 54 € - 445 € liegt, was eine sehr große Spanne möglicher Werte bedeutet. Dank der genomischen Zuchtwertschätzung reduziert sich dieses Intervall auf 117 € - 383 €, und zwar ab der Geburt des Tieres. Halten wir fest, wie aus Abb. 2 ersichtlich, dass die Wahrscheinlichkeit viel grösser ist, dass der wahre Wert sich näher bei der Schätzung situiert als um das untere oder obere Limit. Dieser Graph ist zwar theoretisch, stimmt jedoch überein mit den ersten veröffentlichten Nachkommenprüfungen genomischer Bullen. Man sollte also Abstand davon nehmen, den genomischen Wert als unveränderlich zu betrachten und anzunehmen, dass das Genom eines Tieres sich nicht ändern könne. Ein genomischer Wert bleibt also eine sicherlich zuverlässige Schätzung, aber eben nur eine Schätzung.

Zusätzlich zur Ungenauigkeit der Schätzung, ausgedrückt in der Sicherheit, gilt es, im Kontext der genomischen Schätzung eine andere Variationsursache nicht aus den Augen zu verlieren: die genomischen Schätzungen basieren auf den Daten sich verändernder Populationen und v.a. auf sich laufend entwickelnden Analysemethoden und -modellen! Zwar wendet Interbull zurzeit schon genomische Schätzmodelle der verschiedenen Länder an, jedoch berechnet das Zentrum noch keine internationalen Indices von Bullen ausgehend von ihren genomischen Werten, auch wenn diese in verschiedenen Ländern mittlerweile vorliegen. Dies stellt einen weiteren Unsicherheitsfaktor für die Veröffentlichung auf wallonischer Basis dar.

Den genetischen Fortschritt beschleunigen

Die genomische Selektion ermöglicht eine Beschleunigung des genetischen Fortschritts dank der Kombination zweier Phänomene:

1. der Selektion weiblicher Tiere, v.a. Färsen, mit hohem genetischem Potential;

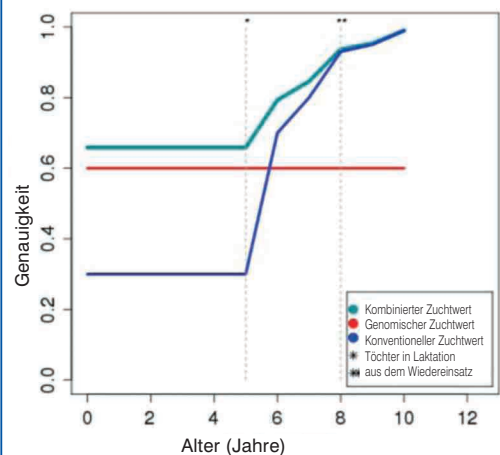
2. der Selektion der vielversprechendsten Bullen aus Kälbergruppen aus gezielten Anpaarungen.

Durch Anwendung dieser beiden Verfahren gelingt es den Besamungszentren, genomische Bullen mit einem höheren genetischen Potential zu produzieren als mit dem herkömmlichen Verfahren.

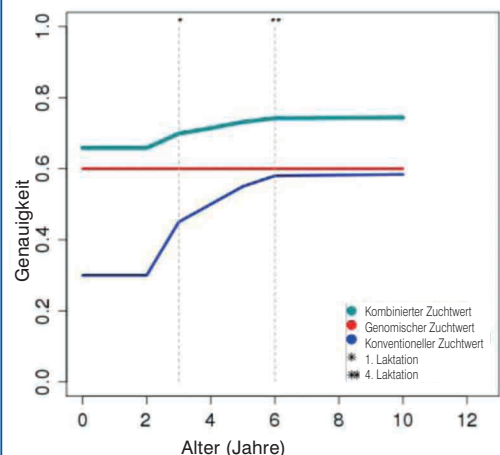
Die Verwendung genomischer Bullen in der Herde

Obschon sie sich dank des Beitrags der genomischen Selektion reduziert, bleibt eine nicht zu vernachlässigende Fehlermarge, was dazu führt, dass man Bullen erhält, deren Zuchtwert nach herkömmlicher Schätzung stark von ihrem genomischen Zuchtwert abweicht. Diese Tatsa-

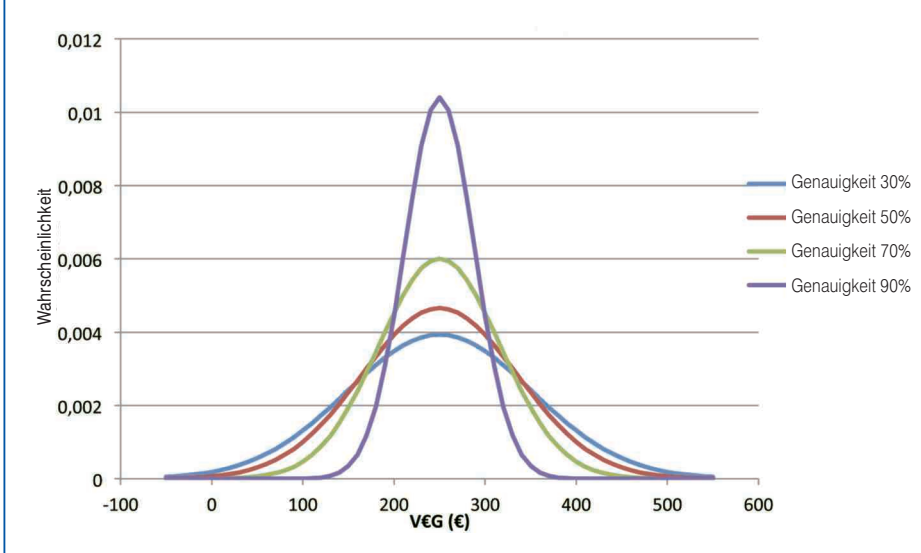
Abbild. 1. Entwicklung der Präzision des Milchleistungsindex je nach Alter eines Bullen



Abbild. 2. Entwicklung der Präzision des Milchleistungsindex je nach Alter eines weiblichen Rindes



Abbild. 3. Verteilung des wirklichen Wertes des V€G für eine Schätzung von 250€ und verschiedene Präzisionsniveaus



che verlangt eine vorsichtige Verwendung dieser Bullenliste, die jedoch irgendwann in der Zukunft vielleicht die alleinige auf dem Markt verfügbare sein wird!

Es wird daher in der Anpaarungsberatung dringend davon abgeraten, einen einzigen genomischen Bullen massiv in der Herde einzusetzen! Die optimale Lösung besteht darin, mehrere genomische Bullen zu verwenden. Denn manche dieser Bullen werden eine Steigerung ihres Index erleben, sobald die ersten Töchter gekalbt haben, bei anderen wird derselbe zurückgehen. Im Großen und Ganzen jedoch wird das Potential dieser Bullen gleich bleiben. Dank des im Durchschnitt höheren Potentials dieser Bullen wird das genetische Niveau der Herde auch rascher steigen im Vergleich zur Verwendung traditioneller Bullen.

Für einen Züchter, der gewohnt ist, ausschließlich sehr sichere Bullen einzusetzen, ist es verwirrend, diese Variabilität zu erleben. Solange es möglich ist, bleibt für diese Züchter wahrscheinlich der gemischte Einsatz genomischer Bullen einerseits und von Bullen mit hoher Sicherheit andererseits die richtige Lösung, solange die genomischen Bullen nach ihrem Test noch verfügbar bleiben, was in irgendeiner Zukunft vielleicht mal nicht mehr der Fall sein wird.

Management der Inzucht

Eine der ursprünglichen Versprechungen der genomischen Zuchtwertschätzung war es, Abwechslung in die Linien zu bringen und auf diese Weise die genetische Vielfalt in der Holsteinrasse zu erhöhen.

Tatsache ist, dass dieses Ziel bis heute nicht erreicht ist, und dass die Lage sich sogar noch verschärft hat aufgrund der Verwendung einer noch stärker eingeschränkten Anzahl von Herkünften, die sich nach der genomischen Schätzung als die leistungsfähigsten herausstell-

ten. Letztere Feststellung ist auch darin begründet, dass Tiere, welche der Referenzpopulation am nächsten stehen, sich mit Leichtigkeit profilieren, wogegen ein Outcross-Tier es umso schwerer hat, je weiter es von der Durchschnittspopulation entfernt ist.

Diese alarmierende Feststellung ruft nach einer raschen Infragestellung des Systems sowohl von Seiten der Besamungszentren als auch von Seiten der Züchter. Sollte dies nicht geschehen, werden die zunehmende Inzucht und v.a. die mangelnde genetische Variabilität zu einem irreversiblen Problem der Holsteinrasse.

Schlussfolgerung

Die genomische Schätzung ermöglicht einen noch rascheren Zuchtfortschritt. Für die funktionalen Kriterien, deren routinemäßige Erfassung Probleme bereitet (Z.B. Phänotypen für Gesundheit, Milchqualität, Futtermittelverwertung, Einfluss auf die Umwelt), kann dieser Gewinn noch ausgeprägter sein unter der Bedingung allerdings dass genügend phänotypische Daten vorliegen um die genomische Maschine in Gang zu setzen. Strategien zur Erfassung solcher innovativer Phänotypen werden zurzeit vielerorts gestartet, u.a. auch in Wallonien. Auch dürfte es in den kommenden Jahren zu neuen Veröffentlichungen auf diesem Gebiet kommen.

Der Verzicht auf den Einsatz genomischer Bullen bleibt auch heute eine Möglichkeit, die sicherlich eine größere Sicherheit bietet, dafür jedoch einen langsameren genetischen Fortschritt aufweist. Für die Züchter hingegen, welche von dieser Bullengruppe mit sehr hohem Potential profitieren möchten, wäre es der größte Fehler, sie genau wie getestete Bullen mit hoher Sicherheit einzusetzen, d.h. schwerpunktmäßig einen einzigen Bullen in der Herde einzusetzen. In der Tat ist ein Abfall des Index eines Bullen nicht auszuschließen: daher empfiehlt sich

Genomische Analyse Ihrer Holsteinkälber

Zurzeit forscht das wissenschaftliche Team um Nicolas GENGLER an den Universitäten Lüttich und Gembloux Agro-Bio Tech (ULg- GxABT) an einer genomischen Technologie, die den wallonischen Züchtern zur Verfügung gestellt werden könnte. Gefördert wird diese Initiative durch ein Forschungsprojekt DairySNP, welches von der SPW finanziert wird.

Zwar ist diese Technologie zur aktuellen Stunde von den Besamungszentren für die männlichen Tiere blockiert, doch ist dies nicht der Fall für die weiblichen. Die AWE voe zusammen mit ULg-GxABT ist mittlerweile in der Lage, unseren Züchtern direkte genomische Werte zu liefern. Diese sind auf den wallonischen Index (V€G) umgerechnet und vom selben Typ wie jene für die in Wallonien kommerzialisierten Besamungsbullen. Bis jetzt stammen die genomischen Basiswerte aus einer Partnerschaft mit dem deutschen Holsteinerherdbuch (DHV, Deutscher Holstein Verband e.v.) aber immerhin können unsere weiblichen Tiere genomisch analysiert und ihr Genotyp erfasst werden. In der Praxis geht das so vorstatten, dass auf eine einfache Anfrage unsere Techniker für einen Preis von 145 € ohne MwSt. je analysiertem Tier eine Blutprobe entnehmen, die im deutschen Labor analysiert wird. Neben den wallonischen Indices werden dem Züchter die direkten genomischen Werte auf deutscher Basis mitgeteilt. Diese Zusammenarbeit ermöglicht des Weiteren den Vergleich mit einer großen Population und gegebenenfalls das Erscheinen in den deutschen Toplisten.

Für weitere Auskünfte über diesen Service laden wir sie ein, den Milchdienst unter der Tel.nr. 087/69.25.20 anzurufen oder uns.

Bei dieser Gelegenheit möchten wir auch alle Züchter einladen, die ihre Tiere über andere Kanäle typisiert haben, die AWE voe (087/69.25.20) zu kontaktieren um zu überprüfen, ob eine Möglichkeit zur Erfassung ihrer Genotypen und Daten besteht. Dies nämlich könnte unserer Forschungsarbeit einen bedeutenden Mehrwert erbringen und es gibt vielleicht auch einen Weg, die vorliegenden Werte auf wallonische Basis umzurechnen.

der Einsatz einer Gruppe genomischer Bullen. Hier ist das Know-how des Züchters vor Ort gefragt. Die Zuchtberater der AWE stehen gerne bereit um Sie in der Entwicklung einer Strategie zu unterstützen, die Ihren Erwartungen am besten entspricht.

Einige gute Kuhlinien konnten bestätigt werden

118 weibliche Rinder von insgesamt 30 Züchtern wurden von der AWE asbl genomisch analysiert. Bisher wurden die Resultate auf der Basis der deutschen Indexierung angegeben, aber ab August werden die Werte auf wallonischer Basis (V€G, V€L ...) ausgedrückt. Die ersten Analyseergebnisse zeigen den hohen Wert der untersuchten Tiere. Der mittlere RZG (der deutsche Gesamtzuchtwert; er entspricht dem V€G) erreicht 116, mit einzelnen Maximalwerten, die bis zu 140 reichen können, das heißt, das Niveau der besten deutschen Kuhfamilien. Angesichts der heutigen Kosten für die

Analysen möchten die Züchter verständlicherweise den hohen genetischen Wert ihrer viel versprechenden Tiere entsprechend vermarkten können, zum Beispiel durch möglichen Verkauf an die Besamungszentren. Die AWE scrifs zeigt für die Zukunft Interesse an wallonische Tiere mit hohem Zuchtwert, denn seit dem Wegfall der Testbullen und der Super Sampler und nicht zuletzt auch auf Grund der ausgezeichneten Zucharbeit unserer Züchter hat die AWE scrifs beschlossen regelmäßig Holsteinbullen aus sehr guten wallonischen Kuhfamilien aufzunehmen. Die Genomik erweist sich als ganz besonders wert-

voll zur Absicherung dieser Ankäufe und so hat die AWE scrifs vorgeschlagen, mittels unterschriebener Kontrakte betreffs der Embryonen oder der bestätigten Kälber, die Bezahlung von rund 40 genomischen Analysen zu übernehmen. In der Vergangenheit wurden die Anpaarungen nicht so sehr mit Blick auf den Index vollzogen, und trotzdem kamen mehrere gute Kuhlinien zustande. Fünf Tiere haben sogar den Schwellenwert von 130 RZG überschritten. Vielleicht wird dieses neue Programm sogar eines Tages zu einem Holsteinbullen mit internationalem Format führen!

Meinungen einiger Züchter

Neue Perspektiven für Züchter

Ende der neunziger Jahre hat Ivo Hulsbosch einen Milchviehbetrieb in Saint Jean Geest (die Roccafarm-Zucht in der Gegend von Jodoigne) übernommen. Seit einigen Jahren hat dieser Züchter seine Aktivität auf den Verkauf von hochwertiger Genetik konzentriert. Die in den USA durchgeführten genomischen Tests der besten weiblichen Tiere waren sehr interessant (die Werte lagen in der Höhe von 1900 TPI), aber dennoch ungenügend zum Erreichen der anvisierten Ziele, d.h. die Besamungszentren und die Züchter von Spitzengenetik. Daraufhin wurde die Herde um die Hälfte reduziert und die 40 überbleibenden Kühe wurden überwiegend als Embryonenempfängerinnen verwendet. Ivo kauft heute, allein oder in Miteigentum, international bekannte Elitetiere auf der Basis von genomischen Tests oder auf Grund des Stammbaums und führt gezielte Anpaarungen durch, sei es mittels Kontrakte über Ankauf von Embryonen oder von jungen Bullen. So verfügt er über Vendairy Breesh (V.Mac), eine Enkelin der berühmten Regancrest Barbie, die lange Zeit im Top 50 der genotypierten europäischen Kühe mit den besten Indexen in den USA (auf TPI Basis) geführt wurde. "Vor einigen Jahren suchten die Besamungszentren nach Söhnen von Bullen die durch ihren Nachkommen bestätigt worden sind und so habe ich Vendairy Breesh mit Snowman angepaart. Die drei ersten Bullkälber fanden Eingang zu den Besamungszentren, einer sogar zu AWE scrifs). Heute konzentriert sich deren Interesse fast nur noch auf genomische Bullen. Die Genomik beschleunigt den genetischen Fortschritt. In den amerikanischen Klassierungen liegen die am besten nach traditioneller Art indexierten Bullen um 400 TPI Punkte hinter Numéro Uno, die genomische Nummer 1 in den USA. Ich bin stolz einer der ersten europäischen Züchter zu sein,

die über Kälber dieses Bullen verfügen" erläutert Ivo. "Ein genomischer Bulle hat 7 Chancen auf 10 um sein errechnetes genetisches Potenzial an seine Nachkommen weiter zu geben. Beim Gebrauch von Bullen mit sehr hohem Potenzial bleibt man immer auf dem oberen Niveau. Um jedoch die Risiken zu minimieren verwende ich ein breites Spektrum an Bullen mit jeweils einen oder zwei Pluspunkten, denn so bleibe ich in der Aktualität, denn das Aufkommen der genomischen Bullen bedeutet das Aus der "Starbullen." Bestätigte Bullen haben es immer schwer um gegen die kommenden Generationen konkurrieren zu können, da Letztere meist bessere Bewertungen erzielen. Ein aktuelles Problem der Genomik ist die fehlende Umrechnungsmöglichkeit in Interbull zwischen den verschiedenen Ländern" präzisiert Ivo. Von Land zu Land muss man also unterschiedliche Umrechnungsformeln anwenden, selbst wenn die Präzision etwas darunter leidet. Ivo interpretiert die Angaben der jeweiligen Länder unter Berücksichtigung der Eigentümlichkeiten seines Zuchtprogramms. So hat er eine Tochter von Vendairy Breesh über Snowman in Kanada, in den USA und in Deutschland testen lassen. In allen dieser drei Länder erzielte sie gute Resultate, ganz besonders jedoch in Deutschland, was durch die unterschiedliche Gewichtung in diesen Ländern zu erklären ist. In Deutschland wird zum Beispiel großer Wert auf die Melkgeschwindigkeit gelegt und in den USA wird dieser Punkt ganz außer Acht gelassen. Anfangs war Ivo etwas skeptisch gegenüber der Genomik, aber heute gesteht er ein, dass sie den Züchtern neue Möglichkeiten bietet. Beim letzten nationalen Wettbewerb in den Niederlanden wurde eine erste Auswahl von Embryonen von Numero Uno auf Popsy, eine sehr gut indexierte Färse in den Niederlanden, für die Summe von 101.000 Euro verkauft.

Mit der Genomik die funktionellen Werte verbessern

Durch einen Zufall kommen die nächsten Aussagen von einem weiteren Züchter der aus Flandern in die Wallonie gewechselt ist. Im Anfang der neunziger Jahre hat Kristoff de Clippel in Héron einen Milcherzeugerbetrieb übernommen und sich sogleich der Leistungskontrolle angeschlossen. Es handelte sich durchaus um eine Herde mit guter Leistung, aber bei der Fütterung mussten allerdings verschiedene Verbesserungen angebracht werden. Heute ist die Produktion um rund 3000 Liter angestiegen und liegt knapp unter 10000 Litern. Nun hat Kristoff einen neuen Stall auf Stroh für 90 Kühe gebaut. Da das Leistungsniveau als hoch genug betrachtet wird, konzentriert er seine Zucht auf die funktionellen Werte und hier ganz besonders auf die Fruchtbarkeit, wobei er allgemein immer bestätigte Bullen bevorzugt. "Testbullen und Super Sampler (nicht getestete Bullen aus wertvollen Kuhfamilien) mit ihren interessanten Preisen reservierte ich für noch nicht trächtig gewordene Tiere. Anfangs wurden auch die genomischen Bullen in diese Kategorie eingereiht." Wegen dreier Argumente setzt er heute verstärkt genomische Bullen ein. Erstens wegen der Sicherheit der Übertragung der funktionellen Zuchtwerte und die neue Generation der genomischen Bullen bietet Stammbäume, die von den traditionellen Abstammungen abweichen und auch dies kann die Funktionalität maßgebend verstärken. Drittens ist die Preislage sehr interessant. Bei den Besamungen erreichen die genomischen Bullen aktuell etwa 25 %. Zur Streuung der Risiken verwendet Kristoff maximal 10 Spermaportionen pro Bulle. Die ersten Färsen werden in diesem Herbst abkalben und der Züchter betont, dass er den Wert der genomischen Bullen noch nicht endgültig abschätzen kann, aber sein erster Eindruck ist recht positiv.