



Nutzung genomischer Informationen für Robustheitsmerkmale in extensiven Milchproduktionssystemen

Anna Bieber, Anne Isensee, Veronika Maurer
 (Kontakt: anna.bieber@fibl.org)

Das Züchtungsprojekt: LowInputBreeds

Subproject 1 MILCHVIEH	Subproject 2 SCHAFE	Subproject 3 SCHWEINE	Subproject 4 LEGEHENNEN
1. Genomische Selektion	1. Markergestützte Selektion	1. Flower breeding System	1. Partizipatives Züchten
2. Cross-breeding -> Milchqualität und Tiergesundheit	2. Rasse/Fütterung (TF) -> Tiergesundheit	2. Verbesserung von Aufzuchtssystemen -> Überlebensrate, Gesundheit	2. Hybrid/Fütterung/ Management -> Tierwohl, Ethik
3. Multi-criteria Evaluation	3. Verbesserung Fleisch-/Milchqualität	3. Verbesserung der Fleischqualität	3. Verbesserung der Eiqualität
Horizontale Aktivitäten: Folgeabschätzung, Öffentlichkeitsarbeit, Training			

Partner

- › 11 Forschungsinstitute
- › 6 Industriepartner
- › 4 nicht EU-Partner
- › 15 Länder



3

Projekthintergrund & Arbeitshypothese

Hintergrund:

- › Gewichtung von Zuchtzielen in Zuchtprogrammen
 - › 80er Jahre: 80% Produktionsmerkmale : 20% Funktionale Merkmale
 - › Heutige Tendenz: 50% : 50%
- › Aber: wahrer Zuchtfortschritt weiterhin vor allem bei Produktionsmerkmalen!

Warum?

- › Höhere Heritabilität bei Produktionsmerkmalen
- › Strukturierte Leistungserfassung (MLP) für diese
- › Teilweise ungünstige genetische Korrelationen zwischen funktionalen und Produktionsmerkmalen

Arbeitshypothese:

- › Funktionale Merkmale können von genomischer Selektion besonders profitieren → interessant für low-input Betriebe

4

Projektziele 1

Phänotypisierung

- › Erweiterte Phänotypisierung hinsichtlich verschiedener Merkmale
- › Berechnung: Heritabilitäten, genetische Korrelationen

Genotypisierung und Schätzung genomischer Zuchtwerte (gZW)

- › Genotypisierung der phänotypisierten Kühe
- › Schätzung von Zuchtwerten für Gesundheits-, Qualitäts- und Leistungsmerkmale (mit 3 Methoden)
- › Genauigkeitsprüfung der gZW
- › Entwicklung von genomischen Gesamt-ZW für Robustheitsmerkmale

Projektziele 2

- › **Entwicklung eines genomweiten Selektionsschemas für Braunvieh—**

Effekt der genomischen Selektion auf gen. Vielfalt

- › Bewertung der genet. Vielfalt innerhalb der „low-input“ Subpopulation des Braunviehs in der Schweiz
- › Entwicklung eines genomweiten Selektionsschemas für die „low-input“ Subpopulation des Braunviehs in der Schweiz
- › Diskussionsbeitrag zur Akzeptanz und ethischen Vertretbarkeit von genomischer Selektion insbesondere im Biolandbau

Projektaktivitäten: Phänotypisierung

- › Dauer: knapp 2 Jahre (Herbst 2009 bis Frühjahr 2011)
- › Umfang: 1200 Braunviehkühe, 3 x pro Jahr, 40 Betriebe
- › MLP-Daten, Lineare Beschreibung
- › Bei Betriebsbesuchen erfasste Parameter:
 - › Klauenerkrankungen
 - › Milchfluss
 - › Eutertiefe
 - › Zitzenkuppenkondition
 - › Verhalten (Melkverhalten, Rang, Tier:Tier Verhältnis, Temperament)
 - › 1. Brunst nach dem Abkalben
 - › Körperkondition (BCS)
 - › Rückenfettdicke



BCS (Körperkonditionsbeurteilung) in der Zucht

- Heritabilität im niedrigen bis mittleren Bereich
- Zusammenhänge mit Fruchtbarkeit, Stoffwechselstabilität
- Relevanz für low-input Systeme gegeben



Körperkonditionsbeurteilung bei Braunvieh

- › Aktuelle BCS-Systeme meist konzipiert für Holstein Kühe
- › Braunvieh unterscheidet sich in Bezug auf Muskel- und Fettansatz

Fragestellungen:

- › Sind gängige BCS-Systeme auch für Braunvieh anwendbar?
- › Muss das BCS-System für Braunvieh angepasst werden?
- › Korreliert der BCS mit dem sonographisch gemessenen Rückenfettdicke (RFD)?

Erste Resultate und weitere Zielsetzung

Ergebnisse

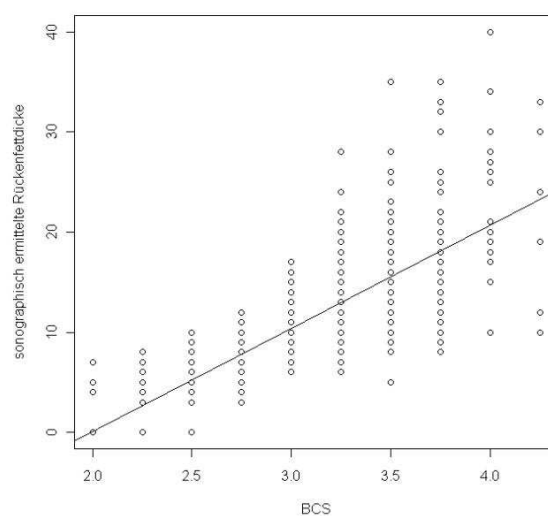
- › Korrelation zwischen BCS und RFD ($r=0.78$)

Ausblick

- › Prüfung der einzelnen Körperregionen auf ihre Wichtigkeit für Beurteilung

Ziel

- › Validierung des BCS-Systems für Braunvieh **ODER**
- › Erarbeitung eines modifizierten Systems



$R^2: 0,6139; R: 0,78$

Aktuelle Fragen und Ausblick

- › Welche Phänotypen werden sich als relevant herausstellen?
 - › Relevanter Zusammenhang mit zu selektierenden Merkmal
 - › Erhebungsqualität
 - › Heritabilität
 - › Erfassung auf breiter Basis durchführbar?
 - › Erhebungsmethode (Wiederholbarkeit, Kosteneffizienz)
 - › Zeitpunkt der Erhebung
- › Genotypisierung und Schätzung genomischer Zuchtwerte (gZW) → Sommer 2011 erster Teil, Entwicklung aller gZW bis Ende 2013
- › Entwicklung eines genomweiten Selektionsschemas für Braunvieh

Vielen Dank für Ihre Aufmerksamkeit!



Haben Sie Fragen?