

Anwendung der genomischen Selektion in Deutschland

Dr. Stefan Rensing, Geschäftsbereich Biometrie & Zuchtwertschätzung
 Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (vit), Verden (Deutschland)

Status der genomischen Zuchtwerte



- Genomisch unterstützte Zuchtwerte (gZW) sind in DEU offiziell
 - seit August 2010 für Holstein und Red Holstein
 - seit August 2011 für Fleckvieh
 - seit Dezember 2011 für Braunvieh
 - Auf Grundlage der ICAR/Interbull-Zertifizierung für die genomischen Schätzsysteme
 - wird bisher nur für Leistungsmerkmale (Eiweiß-Menge) durchgeführt
- Junge KB-Bullen mit nur-genomischen ZW sind EU-rechtlich geprüfte Vererber
 - und können im In- wie Ausland ohne Beschränkungen breit eingesetzt werden
- → **rechtlich kein vorheriger Testeinsatz mehr erforderlich**



Genesis, Gj. 2010; gRZG 156



Irola P, Gj. 2010; goGZW 130

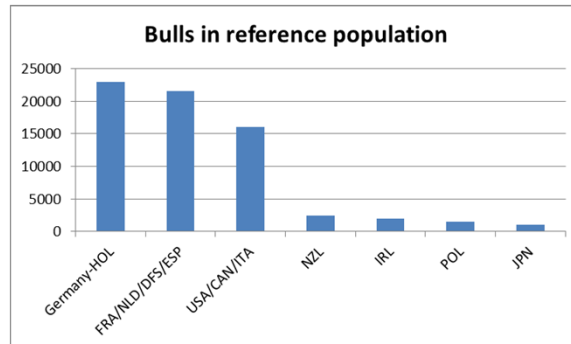


Vassli, Gj. 2010; GZW 133

Qualität der genomischen Zuchtwerte

■ Abhängig von

- Größe der Lernstichprobe (Referenz-Population)
- **Sicherheit der Töchter-ZW der Lernstichprobenbullen (für alle Merkmale)**
- Pedigree-Struktur der Lernstichprobenbullen (sind alle aktuellen Blutlinien repräsentiert ?)



Aktuelle deutsche Holstein Lernstichprobe Dez. 2011:
 ➤ **20.000 Bullen**
 davon ca. 6.500 mit DEU-Tö.
 = hohe Si. in allen Merkm.



- In Deutschland nur KB-Bullen in der Lernstichprobe (keine Kühe)



Sicherheit der genomischen DEU-HOL-Zuchtwerte

- Die Sicherheit der jungen Kandidaten-gZW ist je nach Merkmal unterschiedlich:

Si. Junger Kandidaten	Si. P.I.	Si. gZW	Töchter-Equivalent
Milchleistung (RZM)	31%	73%	ca. 50 mit 3 PM
Zellzahl (RZS)	31%	76%	ca. 85 mit 3 PM
Exterieur (RZE)	28%	57%	ca. 25
Nutzungsdauer (RZN)	26%	52%	ca. 100 1.La + 70 2.La.
Tö.-Fruchtbarkeit (RZR)	25%	43%	ca. 80 1.La
Kalbeverlauf pat.	33%	53%	ca. 40 Kalbungen
Kalbeverlauf mat.	28%	43%	ca. 40 Erstkalbungen
Melkbarkeit (RZD)	24%	61%	ca. 30
Gesamtzuchtwert (RZG)	29%	65%	

- Für Holstein werden "realisierte" (d.h. realistische) Sicherheiten veröffentlicht
 - da die theoretischen Sicherheiten aus genomischen Modellen überschätzt sind
 - Relativ zu den ZW-Sicherheiten aus einem konventionellen Testensatz „funktioniert“ die genomische ZWS für Nutzungsdauer und Zellzahl am besten
- Für Fleckvieh werden die theoretischen Sicherheiten angegeben



Kennzeichen/Unterschiede der Schätzung

- Sicherheiten der genomischen Zuchtwerte
 - für DEU-Holstein „realisierte“ Sicherheiten (deutlich niedriger als theoretische Si.)
 - aber international sehr unterschiedliche und wenig transparente Berechnungen der Sicherheiten

- Kombination von direkter genomischer Information und Pedigree
 - Bei DE-Holstein nur Väter-Pedigree-Index (keine Eigenleistung M/MM/...)
 - Da Bullenmutter-ZW für Leistung systematisch überschätzt
 - Bei anderen (u.a. Fleckvieh, HOL-USA) voller Pedigree-Index (0,5*V. + 0,5*M.)
 - Erhöht die angegebene Sicherheit des gZW

- → große nationale und internationale Unterschiede
 - Fast alle geben ca. 70% Si. für Milchleistungsmerkmale an
 - Obwohl Lernstichproben-Umfang und -Güte sehr verschieden
 - Vergleichbarkeit ???



Validierung gZW bei deutschen Holsteins

- Mittlere Abweichungen Gen.-ZW 12-2010 zu 3. Tö.-gZW in 12-2011

n=199	gZW 1012*	gZW 1112	Diff.	SD Diff.
Si./Tö. RZM/RZS	73,9% (0)	92,2% (108,5)		
RZM	106,88	106,47	-0,4	7,15
RZS	105,54	105,08	-0,5	4,73
RZE	112,34	112,33	0,0	6,64
RZN	110,90	110,01	-0,9	2,98
RZR	101,98	101,57	-0,4	3,45
Si. RZG	68,7%	81,9%		
RZG	114,21	113,19	-1,0	6,55

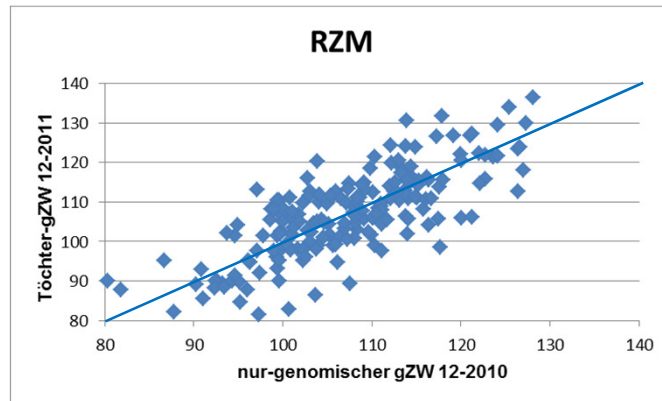
- Genomisch „vorgeschätzte“ Zuchtwerte werden im Ø sehr genau bestätigt
 - Im Mittel weniger als 0,5 Relativ-Punkte Unterschied !
- Die Einzelbullen-Abweichungen (SD Diff.) entsprechen den Erwartungen d.h. dem Sicherheitszuwachs



Streuung der Abweichungen Gen.-ZW zu 3. Tö.-gZW



■ Mittlere Abweichungen Gen.-ZW 12-2010 zu 3. Tö.-gZW in 12-2011



- Milchindex RZM
- \bar{x} n Tö. 108,5; \bar{x} Si. 92,2%
- \bar{x} Abw. -0,40; mittlere Einzelbullenabweichung $\pm 7,15$

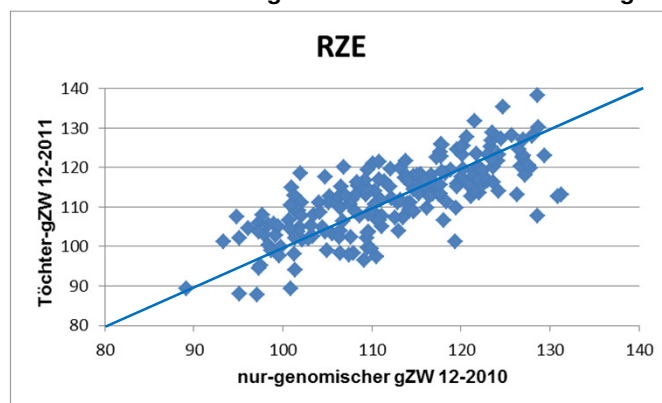
2. April 2012

Seite 7

Streuung der Abweichungen Gen.-ZW zu 3. Tö.-gZW



■ Mittlere Abweichungen Gen.-ZW 12-2010 zu 3. Tö.-gZW in 12-2011

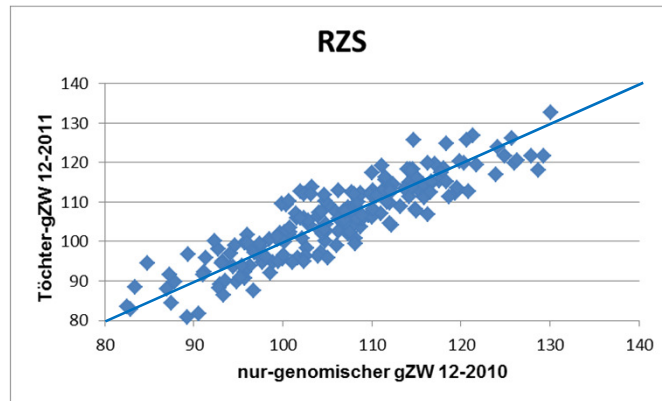


- Gesamt-Exterieur-Index RZE
- \bar{x} n Tö. 56,8; \bar{x} Si. 79,4%
- \bar{x} Abw. -0,01; mittlere Einzelbullenabweichung $\pm 6,64$

Streuung der Abweichungen Gen.-ZW zu 3. Tö.-gZW



■ Mittlere Abweichungen Gen.-ZW 12-2010 zu 3. Tö.-gZW in 12-2011



- Somatische Zellzahl (RZS)
- \bar{n} Tö. 108,5
- \bar{A} Abw. -0,46; mittlere Einzelbullenabweichung $\pm 4,73$

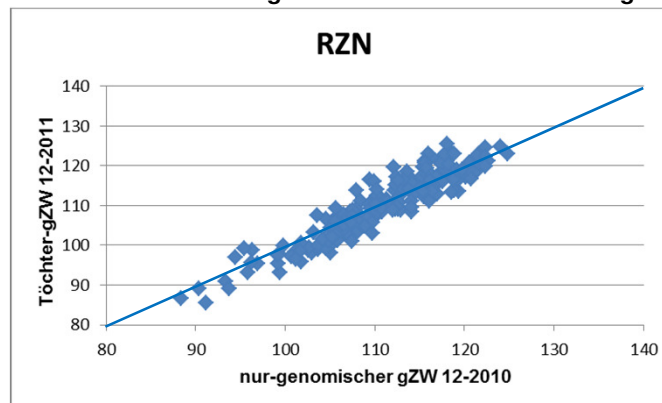
2. April 2012

Seite 9

Streuung der Abweichungen Gen.-ZW zu 3. Tö.-gZW



■ Mittlere Abweichungen Gen.-ZW 12-2010 zu 3. Tö.-gZW in 12-2011



- Funktionale Nutzungsdauer RZN
- \bar{S} 55,1%
- \bar{A} Abw. -0,89; mittlere Einzelbullenabweichung $\pm 2,98$

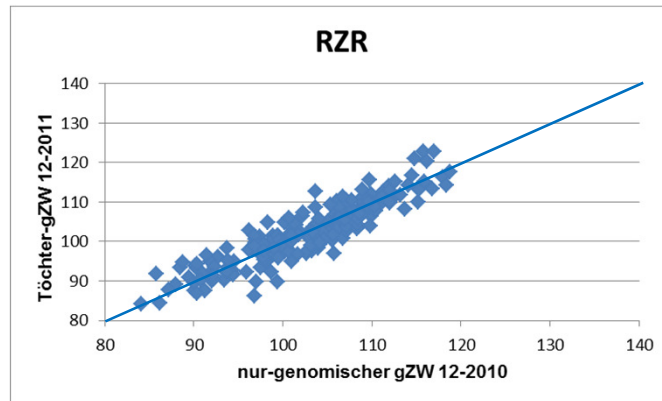
2. April 2012

Seite 10

Streuung der Abweichungen Gen.-ZW zu 3. Tö.-gZW



■ Mittlere Abweichungen Gen.-ZW 12-2010 zu 3. Tö.-gZW in 12-2011



- Töchterfruchtbarkeitsindex RZR
- \emptyset Si. 44,2%
- \emptyset Abw. -0,41; mittlere Einzelbullenabweichung \pm 3,45

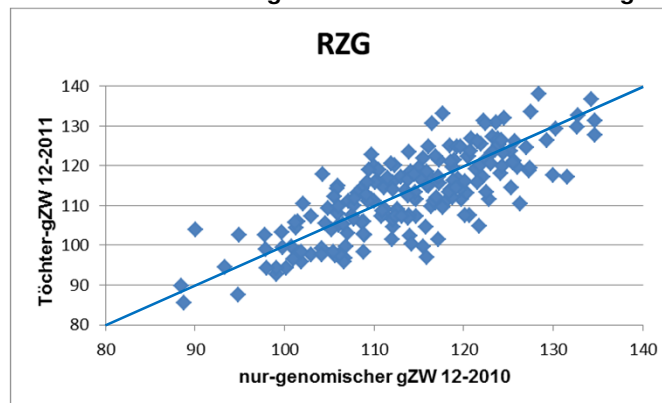
2. April 2012

Seite 11

Streuung der Abweichungen Gen.-ZW zu 3. Tö.-gZW



■ Mittlere Abweichungen Gen.-ZW 12-2010 zu 3. Tö.-gZW in 12-2011



- Gesamtzuchtwert RZG
- \emptyset Si. 81,9%
- \emptyset Abw. -1,02; mittlere Einzelbullenabweichung \pm 6,55

2. April 2012

Seite 12

Genomische Selektion von Besamungsbullen



- Bullen für KB werden nur noch auf Basis (hoher) gZW angekauft
- **Bei Holstein werden 10.000 Bullenkälber/Jahr typisiert (ca. 1.000 Monat)**
 - Vor-Auswahl vorwiegend nach Väter-P.I.
 - Laufende Berechnung für alle Trächtigkeiten
- Ankauf von ca. 800 Kälbern → Selektion 1:12
- Einsatz von ca. 500 mit einem Jahr → Selektion 1:20
 - viele nur im Rahmen eines begrenzten „Erst“-Einsatz (wie vorher Test)
- **Breiter Einsatz von ca. 100-200 → Selektion 1:100**
 - 15 nur-genomisch geprüfte Bullen 2010/2011 mit >10.000 Besamungen

Laron P
(Lawn Boy x Shottle)
Gj. 2008
RZG 138
RZM 117 RZE131
RZS 115 RZN 128
RZR 112



Pioneer
(Planet x Shottle)
Gj. 2009
RZG 145
RZM 121 RZE 128
RZS 121 RZN 136
RZR 114

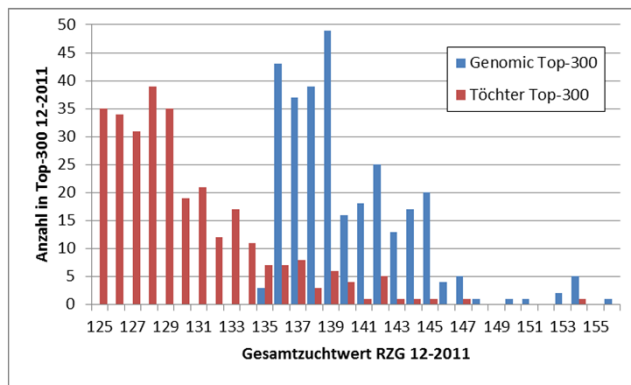
2. April 2012

Seite 13

Genomische Selektion von Besamungsbullen



- **Breiter Einsatz der ca. 100-200 besten gen. Bullen → Selektion 1:100**
 - Alle Stationen bieten genomische Bullen frei als Vererber an
 - Marktanteil sehr unterschiedlich von 5 – 50 % aller Vererberbesamungen
 - inkl. „Erst“-Einsatz erreicht der Gesamtanteil an allen Besamungen 15 – 50 %



2. April 2012

Seite 14

Konsequenzen für Zuchtprogramme u. -organisationen



- Anteil nur-genomischer junger Bullenväter stark gestiegen (aktuell 50-90%)
 - Da dies die höchsten verfügbaren, neuen Bullen sind
 - in der Vergangenheit hatten die neuesten töchtergeprüften ausländischen Bullenväter z.T. sogar niedrigere Sicherheiten der Interbull-ZW
- Anteil Jungrinder als Bullenmütter stark gestiegen
 - Ergibt sich bei der genomischen Selektion der besten Bullenkälber
 - Die Spitze der jüngsten weiblichen Generation ist besser als die Spitze der Bullenmütter mit Eigenleistung
 - und die besten Bullenkälber kommen aus den besten Müttern
- Die Spitze der weiblichen Jungtiere typisieren
 - optimale genomische Selektion auch auf der weiblichen Seite
 - Organisationen fördern Typisierung u. ET
 - Um sich den Zugriff auf die Bullenkälber zu sichern
 - z.T. auch direkter Ankauf hohe weibliche durch Organisationen (Nucleus)



2. April 2012

Seite 15

Genomische Topbullen als Bullenvater



- z.Z. praktisch nur deutsche und US genomische Bullenväter
 - Bisher keine internationale Umrechnung/Vergleichbarkeit
- aber:
- Sind die nationalen gZW/Rangierungen wirklich vergleichbar ?
- Die Differenz der genomischen und töchtergeprüften Spitze ist sehr unterschiedlich

12-2011	#1 Genomics	#1 töchtergepr.	Diff.	entspr. innerh. Tö.	#1. tögepr. in genom.
USA	2621 TPI	2217 TPI	404	#1=>#426	#768
DEU	156 TZG	154 RZG	2	#1=>#2	#2
FRA	198 ISU	195 ISU	3	#1=>#3	#4
DFS	36 NTM	32 NTM	4	#1=>#5	#3
NLD	308 NVI	285 NVI	23	#1=>#2	#3
CAN	3283 LPI	2638 LPI	645	#1=>#28	> #1.000
ITA	3212 PFT	2901 PFT	311	#1=>#6	#4
NZL	273 BW	252 BW	21	#1=>#4	



USA (Freddie, 2217 TPI)

Amighetti Numero Uno	Man-O-Man x Shottle	80%	2621	337	Semex
Mounthfield Mogul	Dorcy x Marsh	77%	2552	355	Select
De-Su Mayfield	Domain x Shottle	78%	2497	400	Select
Roylane Punch	Boxer x O-Man	75%	2497	342	Select
Kellercrest Layne	Super x Shottle	78%	2476	311	Select



KANADA (Dempsey, 2638 LPI)

De-Su Phoenix	Planet x Bolton	68%	3283	11	Select
Generations Levor	Man-O-Man x Goldwyn	68%	3263	11	Generations
Cabon Fernand	Man-O-Man x Bolton	68%	3239	10	Semex
Misty Spr Number One	Man-O-Man x Shottle	69%	3220	14	Semex
Cookiecutter Hefty	Man-O-Man x Goldwyn	68%	3211	14	Semex

2. April 2012

Seite 16

Holstein International 01-2012

Genomische Selektion und Inzucht

- Inzuchtsteigerung hängt eng mit Zuchtfortschritt zusammen
 - Zuchtfortschritt ohne Inzuchtsteigerung gibt es nicht
 - da es in der Holsteinpopulation praktisch keine unbekannte Quelle hoher Genetik mehr gibt
- Genomische Selektion erhöht Zuchtfortschritt
- Daher prinzipiell auch Erhöhung der Inzuchtrate
- aber
 - Aufgrund der geringeren Kosten werden jetzt auch nicht ganz so erfolgreich erscheinende Pedigrees genomisch getestet, die vorher als Testbullen keine Chance hatten
 - Aufgrund der begrenzten Sicherheit (und großen Auswahl) ist die Anzahl der tatsächlich eingesetzten (genomischen) Bullenväter größer als vorher
- → wahrscheinlich praktisch keine bedeutende Änderung bei der Inzuchtsteigerung durch genomische Selektion



Erfahrungen mit der Vermarktung genomischer Vererber

- Nur hohe Zahlen?
 - Große Anzahl hoher genomischer Bullen mit zudem relativ großer Ausgeglichenheit
 - und dabei durchweg neue, weil jüngere Pedigrees
 - → zunächst Überbetonung des RZG/Rangierung als einzigem vermeintlich verbleibendem Unterscheidungskriterium
- Inzwischen aber Erkenntnis:
 - Bei genomischen Bullen zwar insgesamt höhere Zahlen,
 - aber gleiche Vermarktungsmechanismen wie konventionell:
 - Für Vermarktung ist relative Stellung innerhalb Halbgeschwistergruppe wichtig
 - Konv. verkaufen sich nur die besten der vielen hohen O-Man-Söhne
 - Gen. verkaufen sich nur die besten der vielen hohen Man-O-Man-Söhne
 - Für alternative Abstammungen gelten geringere Zahlen-Anforderungen
 - Image/Ruf ist auch für genomische Bullen wichtig
 - Es dauert einige Zeit bis ein Bulle einen eigenen Namen hat
 - Oft kommen dann schon die ersten Kälber
 - → Nachfrage wechselt nicht so schnell wie zunächst angenommen ?



Weitere Entwicklung

Genomische Zuchtwertschätzung

- Weitere Erhöhung der Anzahl Lernstichprobenbullen durch internationalen Austausch bringt kaum noch zusätzliche Sicherheit
 - Umgerechnete Zuchtwerte nur begrenzt aussagekräftig
 - Gerade für funktionale Merkmale

- Genauere Genotypisierung (High Density 777K, Sequenzierung) hat bisher keine höheren Sicherheiten gebracht
 - Innerhalb Rasse ist Verhältnis Schätzer zu Informationsquellen noch ungünstiger
 - Hoffnung auf Schätzung rasseübergreifender Effekte bisher nicht erfüllt

- **Zukunft: Kühe als Lernstichprobe**
 - Einzige Möglichkeit für neue Merkmale und für kleine Populationen/Rassen
 - Künftig einzige Quelle genomisch nicht/wenig vorselektierter Lernstichprobentiere
 - **Erste Ergebnisse vielversprechend**



Weitere künftige Entwicklungen

Genomische Selektion

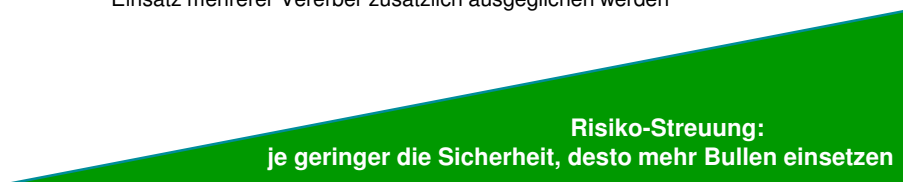
- MACE für genomische ZW (GMACE)
 - Technisch machbar und in absehbarer Zeit verfügbar
 - Umgerechnete gZW aber sehr unsicher
 - Daher direkte gZW-Berechnung auf Basis gelieferter SNP im Zielland besser
 - Kein Sicherheitsverlust und volle Vergleichbarkeit mit einheimischen Vererbern

- **Öffnung genomische ZWS für Bullen**
 - Bei Fleckvieh schon gegeben
 - Bei Holstein bisher Exklusivität bei Bullen für (mit-)entwickelnde Organisationen
 - Läuft aber im März 2013 in USA aus
 - Bei Öffnung des US-Systems werden auch andere Länder öffnen
 - → freie Preisbildung für genomisch hochinteressante Bullenkälber
 - → Jeder kann dann offiziell geprüfte KB-Vererber frei verkaufen
 - Exklusivität der Besamungsorganisationen ist dann aufgehoben
 - Strukturen für organisationsunabhängige Spermavermarktung in USA vorhanden
 - Gerät die genossenschaftlich getragene Besamungsvermarktung in Gefahr?



Schlussfolgerungen für die praktische Selektion

- Genomische Zuchtwerte für deutsche Holsteins sind realistisch !
 - und die tatsächliche Sicherheit ist hoch genug für individuelle Bullenselektion
- Genomische Vererber bieten höheres genetisches Niveau u. Zuchtfortschritt
 - Nicht nur für Milchleistung, sondern gerade auch für funktionale Merkmale
- Dieses Potential sollte von allen Betrieben genutzt werden
 - Das Risiko späterer ZW-Schwankungen (↑ oder ↓) kann durch den gleichzeitigen Einsatz mehrerer Vererber zusätzlich ausgeglichen werden



99%-Vererber → 100 Test-Tö. (3.La) → 80 Test-Tö. (1.La) → gZW-Vererber

- → große Betriebe haben dafür bessere Voraussetzungen

