

Veröffentlichung der Ergebnisse von Forschungsvorhaben im BMBF-
Programm

Biologische Innovation und Ökonomie

Forschungsvorhaben: Verbundprojekt: FUGATO-plus – FUGATO+brain –
Entwicklung eines Expertensystems zum Transfer der Ergebnissen der
funktionalen Nutztiergenomforschung in Zuchtprogrammen; Teilprojekt
Uni Kiel: Erweiterung der Selektionsindex-Methode sowie Optimum
Contribution Selection mit Markern

Förderkennzeichen: 0315136E

Zuwendungsempfänger: Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, 24098
Kiel

Ausführende Stelle: Christian-Albrechts-Universität zu Kiel - Agrar- und
Ernährungswissenschaftliche Fakultät - Institut für Tierzucht und
Tierhaltung, 24098 Kiel

Projektleitung: Herr Prof. Dr. Thaller

Laufzeit: 01.01.2008 bis 30.06.2011

"Das diesem Bericht zugrundeliegende BMBF-Forschungsvorhaben wurde
mit Mitteln des Bundesministeriums für Bildung und Forschung unter dem
Förderkennzeichen 0315136E gefördert. Die Verantwortung für den Inhalt
dieser Veröffentlichung liegt beim Autor".

Inhaltsverzeichnis

I. Kurze Darstellung	3
1. Aufgabenstellung	3
2. Voraussetzungen	3
3. Planung und Ablauf des Vorhabens	4
4. Wissenschaftlicher und technischer Stand zu Projektbeginn	6
5. Kooperationen	6
II. Eingehende Darstellung	7
1. Ergebnisse	7
2. Ergebnisverwertung	20
3. Ergebnisse von dritter Seite mit Relevanz	22
4. Erfolgte und geplante Veröffentlichungen	22
III. Auflistung der Anlagen	Fehler! Textmarke nicht definiert.

I. Kurze Darstellung

1. Aufgabenstellung

Das Institut für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel (CAUK) war im Rahmen des BMBF-Verbundprojekts **FUGATO⁺-brain** mit für die methodische Weiterentwicklung von Selektionsmethoden zuständig. Dabei sollte der Schwerpunkt der Untersuchungen laut Vorhabenbeschreibung auf die Weiterentwicklung der Integration von Markerinformationen in Zuchtplanungsrechnungen gelegt werden. Zum einen sollten sich die Untersuchungen mit der Möglichkeit der Einbeziehung genetischer Marker in das so genannte „optimum genetic contribution“ (WP B3) Verfahren beschäftigen und zum anderen sollte die Mehrstufenselektion unter Verwendung von genetischen Markern weiterentwickelt werden (WP A2). Eine weitere Aufgabe war das Testen der Praxistauglichkeit der entwickelten Software im Rahmen von Demonstrationsprojekten. Diese sollten am Beispiel von Milchrinder- und Pferdezuchtprogrammen durchgeführt werden.

2. Voraussetzungen

Das Ziel einer organisierten Zuchtplanung ist die Erhöhung der Wirtschaftlichkeit der Tierproduktion. Dafür werden die wirtschaftlich bedeutenden Merkmale von Nutztierpopulationen durch entsprechende züchterische Methoden bearbeitet. Die Selektionsindexmethode (Hazel, 1943) ermöglicht die Berücksichtigung aller verfügbaren phänotypischen Informationen zur Schätzung des Gesamtzuchtwertes eines Selektionskandidaten für die Zuchtzielmerkmale. Als Informationsquellen für den Kandidaten können sowohl Eigenleistungen, als auch die Leistungen verwandter Individuen herangezogen werden. Merkmale, die mit dem Zuchtzielmerkmal genetisch korreliert sind, können ebenso für die Zuchtwertfeststellung einbezogen werden. Im Fall des optimalen Selektionsindex werden die Informationsquellen in der Weise gewichtet, dass der genetisch-ökonomische Zuchtfortschritt maximiert wird. Dies erfolgt methodisch durch die Minimierung der durchschnittlichen quadrierten Abweichung zwischen dem Index und dem wahren Gesamtzuchtwert. Sonderformen des Selektionsindex sind so genannte ‚Desired Gains‘ und der ‚Restringierte Index‘. Bei der ersten Variante wird der Zuchtfortschritt in den Merkmalen des Zuchtziels in einem zuvor bestimmten Verhältnis zueinander realisiert. Dieses wird durch die Festlegung der

Indexgewichte der einzelnen Merkmale in einem gewünschten Verhältnis erreicht. Die zweite Variante wird für Merkmale verwendet, für die es schwierig ist, ein wirtschaftliches Gewicht abzuleiten oder insbesondere für Merkmale, deren genetischer Fortschritt auf einem bestimmten Niveau gehalten werden soll. Dieses Verfahren wird dann angewendet, wenn die Nichtberücksichtigung dieser Merkmale im Selektionsindex zu einer unerwünschten Veränderung der entsprechenden Merkmale führen würde. Im Selektionsindex wird der Zuchtfortschritt eines oder mehrerer Zuchtzielmerkmale gleich Null gesetzt. Für die anderen Merkmale im Index gelten aber weiterhin die Kriterien des optimalen Selektionsindex, d.h. der durchschnittliche Zuchtfortschritt wird unter den jeweiligen Nebenbedingungen maximiert.

Beide Sonderformen führen letztendlich zu einer Abweichung vom ökonomisch optimalen Index. Kennzeichnend hierfür ist eine verringerte Korrelation zwischen wahren und geschätzten Zuchtwert und die damit einhergehende Verringerung des Gesamtzuchtfortschritts.

Da Inzucht in kommerziellen Zuchtpopulationen nicht vermieden werden kann, und da ihre negativen Effekte vor allem auf Fitnessmerkmale wirken, bedarf es in Zuchtprogrammen eines Inzuchtmanagements. In der Vergangenheit wurden verschiedene Ansätze vorgeschlagen, die eine Berücksichtigung der Inzucht in modernen Zuchtverfahren ermöglichen. Eine weitgehend akzeptierte Methode ist die von Meuwissen et al. (1997) vorgeschlagene „optimum genetic contribution“ Selektion. Bei dieser Selektionsmethode wird der genetische Fortschritt unter Beachtung einer gegebenen Inzuchtrate maximiert.

3. Planung und Ablauf des Vorhabens

Die CAUK sollte in Zusammenarbeit mit dem Projektpartner FBN im Arbeitspaket A2 die Mehrstufenselektion in ZPLAN+ weiterentwickeln und die Einbeziehung molekulargenetischer Informationen bewerkstelligen. Auf Grund der Komplexität der Mehrstufenselektion und einschlägigen Vorarbeiten beim Projektpartner FBN wurde dort die programmtechnische Umsetzung publizierter Mehrstufenansätze übernommen. Die diesbezüglichen Entwicklungsarbeiten des FBN wurden durch die CAUK aktiv unterstützt. Die Implementierung des Verfahrens in ZPLAN+ erfolgte durch externe Programmierer beim Projektpartner vit. Die ständige Überprüfung der Methode und Fehleranalyse war wiederum eine Teilaufgabe, die der CAUK oblag. Anhand praxis-

relevanter Zuchtprogramme, die sowohl auf konventionellen als auch auf genomischen Informationsquellen beruhten, wurden die im Programm verfügbaren mehrstufigen Selektionsstrategien getestet.

Als weitere Aufgabe wurden durch die CAUK modifizierte Ansätze der Selektionsindextheorie, insbesondere der ‚restringierte Index‘ und das ‚desired gains‘ Verfahren programmtechnisch umgesetzt und anhand von Anwendungsbeispielen verifiziert. Diese Module stehen für die Implementierung in ZPLAN+ oder auch als eigenständige Programme für die zukünftige Nutzung zur Verfügung.

Für die Bearbeitung der Demonstrationsprojekte (Arbeitspakete C1, C3, C5) erfolgte zunächst ein intensives Studium aller in ZPLAN+ verwendeten Grundlagen, Methoden und Module (Selektionsindex, Genfluss, Investitionstheorie). Im nächsten Schritt wurde eine allgemein gehaltene Zusammenstellung der erforderlichen Inputparameter erstellt. Eine Einführung in die Beta-Version des Programms ZPLAN+ erfolgte durch den Projektpartner vit. Nachfolgend wurde das Programm einer intensiven Testphase unterzogen. Dazu wurden bekannte Beispielprogramme aus dem alten ZPLAN und einfache, neu entwickelte Zuchtprogramme modelliert. Die Ergebnisse wurden fortwährenden Plausibilitätsprüfungen unterzogen, um Fehler im Programm oder in der Anwendung zu erkennen. Auftretende Probleme wurden mit den beteiligten Projektpartnern, insbesondere dem Projektpartner vit, erörtert und behoben. Die dabei gewonnen Erkenntnisse konnten oftmals kurzfristig in das Programm implementiert werden oder als wichtige Hinweise im Anwenderhandbuch bzw. der Kurzanleitung berücksichtigt werden. Die unter Nutzung der neuen Software zur Modellierung realer Zuchtprogramme gewonnenen Ergebnisse wurden den beteiligten Wirtschaftspartnern im Rahmen der FBF-Anwenderschulungen vorgestellt und diskutiert. Die Anregungen der Wirtschaftspartner konnten wiederum für weitere Verbesserungen des Programms genutzt werden.

Durch die Projektpartner GAUG, TUM und CAUK wurde zusätzlich eine Kurzanleitung für die Nutzung der Zuchtplanungssoftware ZPLAN+ erstellt. Diese soll den Einstieg in die Zuchtplanung mit dem Programm erleichtern und eine Ergänzung zu dem vom Projektpartner vit erstellten Anwenderhandbuch sein.

Im Arbeitspaket B3 sollten die Eigenschaften der „optimum genetic contribution“ Selektion insbesondere vor dem Hintergrund der sich neu entwickelnden genomischen Markerinformation untersucht werden. Nach Erarbeitung der methodischen Grundlagen wurde eine Simulationssoftware entwickelt, welche in der Lage war, die wesent-

lichen Zusammenhänge zur Beantwortung der Fragestellung umfassend abzubilden. Während dieser grundlegenden Entwicklungsarbeiten zeichnete sich ab, dass sich mit dem Einzug der genomischen Selektion neue züchterische Ansätze ergeben, die gerade was die Inzuchtentwicklung und –kontrolle betrifft, sehr uneinheitlich bewertet wurden. Es wurden deshalb mit Hilfe von Simulationen sehr umfangreiche Untersuchungen durchgeführt, wie die Zuchtprogramme unter Einbeziehung von ‚optimum genetic contribution‘ Verfahren und den verfügbaren Informationsquellen ideal ausgestaltet werden sollten. Im Vordergrund des Interesses standen zudem die ungeklärten längerfristigen Auswirkungen des neuen Zuchtverfahrens auf wesentlich populations- und quantitativ-genetische Parameter von Nutztierpopulationen. Solche Aussagen lassen sich nur mittels Simulationsstudien unter möglichst realistischen Annahmen herleiten, so dass hierauf das Hauptaugenmerk gelegt wurde. Aus den erzielten Ergebnissen lassen sich klare Handlungsanweisungen für die Zuchtpraxis ableiten. Die entwickelten Methoden sollen künftig in einer spezifischen Anpaarungssoftware Verwendung finden.

4. Wissenschaftlicher und technischer Stand zu Projektbeginn

Der Stand der Wissenschaft zu Beginn der Arbeiten wurde ausführlich in der Vorhabensbeschreibung dargelegt. Demgegenüber haben sich im Zeitraum von der Antragsstellung bis zum Projektbeginn keine Änderungen ergeben.

5. Kooperationen

Die Kooperationen im Rahmen des Projektes basierten im Wesentlichen auf der Verbundstruktur des Gesamtprojektes FUGATO⁺-brain. Ein enger Bezug ergab sich mit dem ebenfalls vom BMBF im Rahmen der Förderinitiative Fugato-Plus geförderten Verbundvorhaben *GenoTrack* bei dem ebenfalls mehrere Partner beteiligt waren. Insbesondere hervorzuheben ist die enge Zusammenarbeit mit den Industriepartnern vit, FBF, FN und RSH eG im Rahmen der Demonstrationsprojekte.

II. Eingehende Darstellung

1. Ergebnisse

Konsequenzen eines Wechsels der klassischen Abschnittsselektion zur „optimum genetic contribution“ Selektion

Die Selektionsmethode „optimum genetic contribution“ Selektion (OC) wurde erstmals von Meuwissen (1997) publiziert und im Anschluss von Meuwissen und Soneson (1998) erweitert, sodass auch in Zuchtprogrammen mit überlappenden Generationen dieses Selektionsverfahren verwendet werden kann. Erste Untersuchungen befassten sich mit der Umstellung einer konventionellen Abschnittsselektion, die allein anhand von BLUP-Zuchtwerten durchgeführt wird, auf die OC-Selektion. Hierbei lagen die Schwerpunkte zum einen auf der Frage, wie viel zusätzlicher genetischer Fortschritt im Vergleich erzielt werden kann, wenn die Rate der Inzucht jeweils konstant gehalten wird und zum anderen, um welchen Anteil die Rate der Inzucht gesenkt werden kann, wenn mit beiden Verfahren der gleiche genetische Fortschritt erzielt werden soll. Zu diesem Zweck wurde eine Simulationsstudie durchgeführt, wobei ein Zeitraum von 20 Generationen betrachtet wurde. Um die Vorteile der Umstellung von einer Abschnittsselektion auf eine OC-Selektion unter diesen beiden Voraussetzungen zu evaluieren, wurden die vorgegebenen Inzuchtraten in der Abschnittsselektion über alle Generationen vergleichbar simuliert. In den Szenarien, in denen die Umstellung auf „optimum genetic contribution“ Selektion erfolgte, wurde die Inzuchtsteigerung pro Generation auf 0.005%, 0.01% bzw. 0.025% beschränkt.

Die wichtigsten Ergebnisse der Simulationen sind in Abbildung 1 und Abbildung 2 dargestellt. Im Vergleich zu einer Abschnittsselektion konnte die Implementierung einer OC-Selektion den genetischen Fortschritt bei einer vorgegeben Inzuchtrate steigern oder denselben genetischen Fortschritt bei einer niedrigeren Inzuchtrate erreichen. Eine Umstellung gegenwärtiger Zuchtprogramme auf ein OC-Selektionsverfahren kann auf lange Sicht die Inzuchtraten reduzieren ohne den genetischen Fortschritt negativ zu beeinflussen.

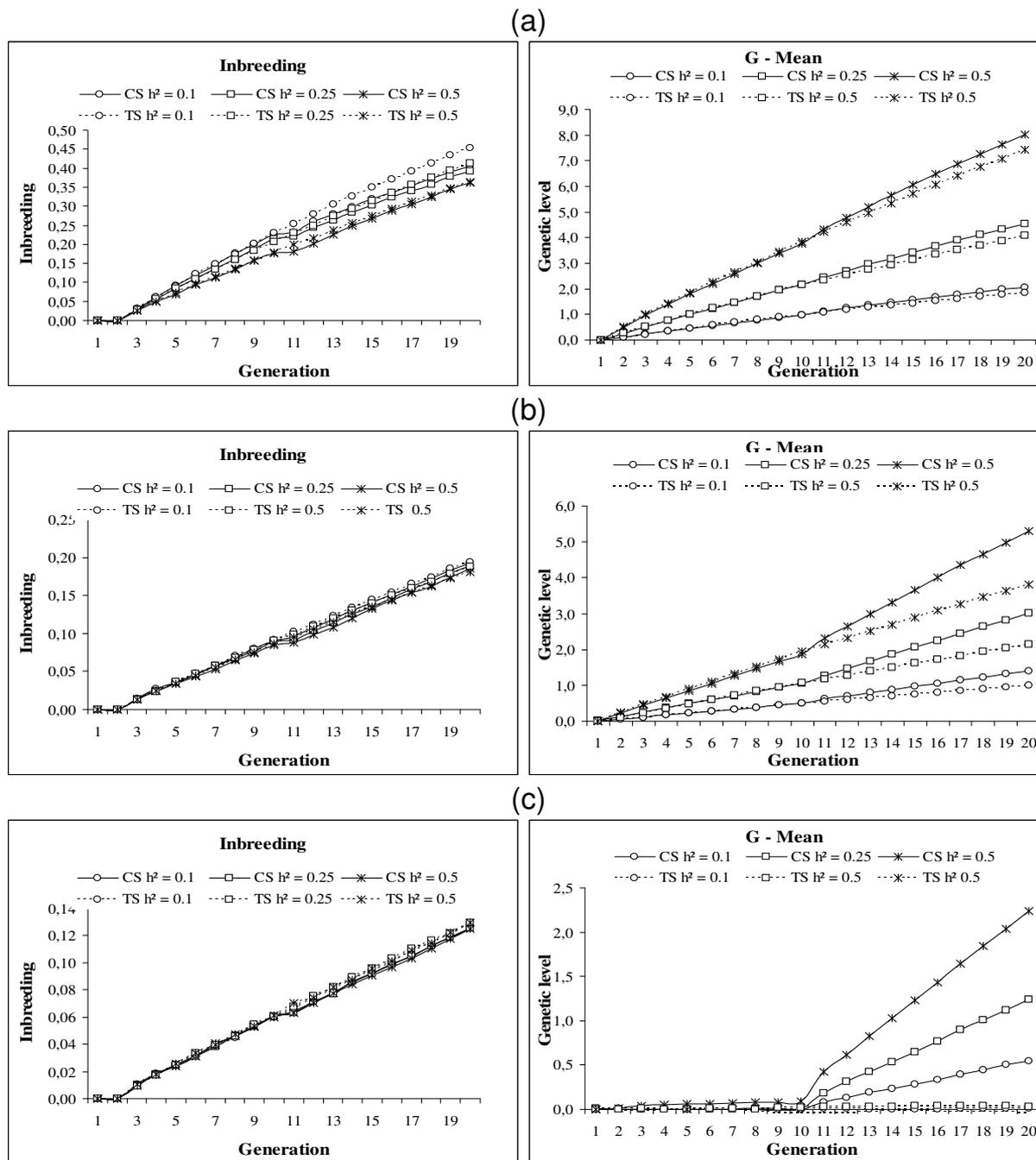


Abbildung 1: Average coefficient of inbreeding and average genetic gain for a converted selection (CS) scheme, with a change from a truncation selection to an optimum contribution (OC) selection in generation 10, and a continued truncation selection (TS) over all 20 generations. The constraint of the ΔF of the OC selection was set to the observed ΔF in generation 1 – 10. [(a) $\Delta F = 0.025$, (b) $\Delta F = 0.01$, (c) $\Delta F = 0.005$]

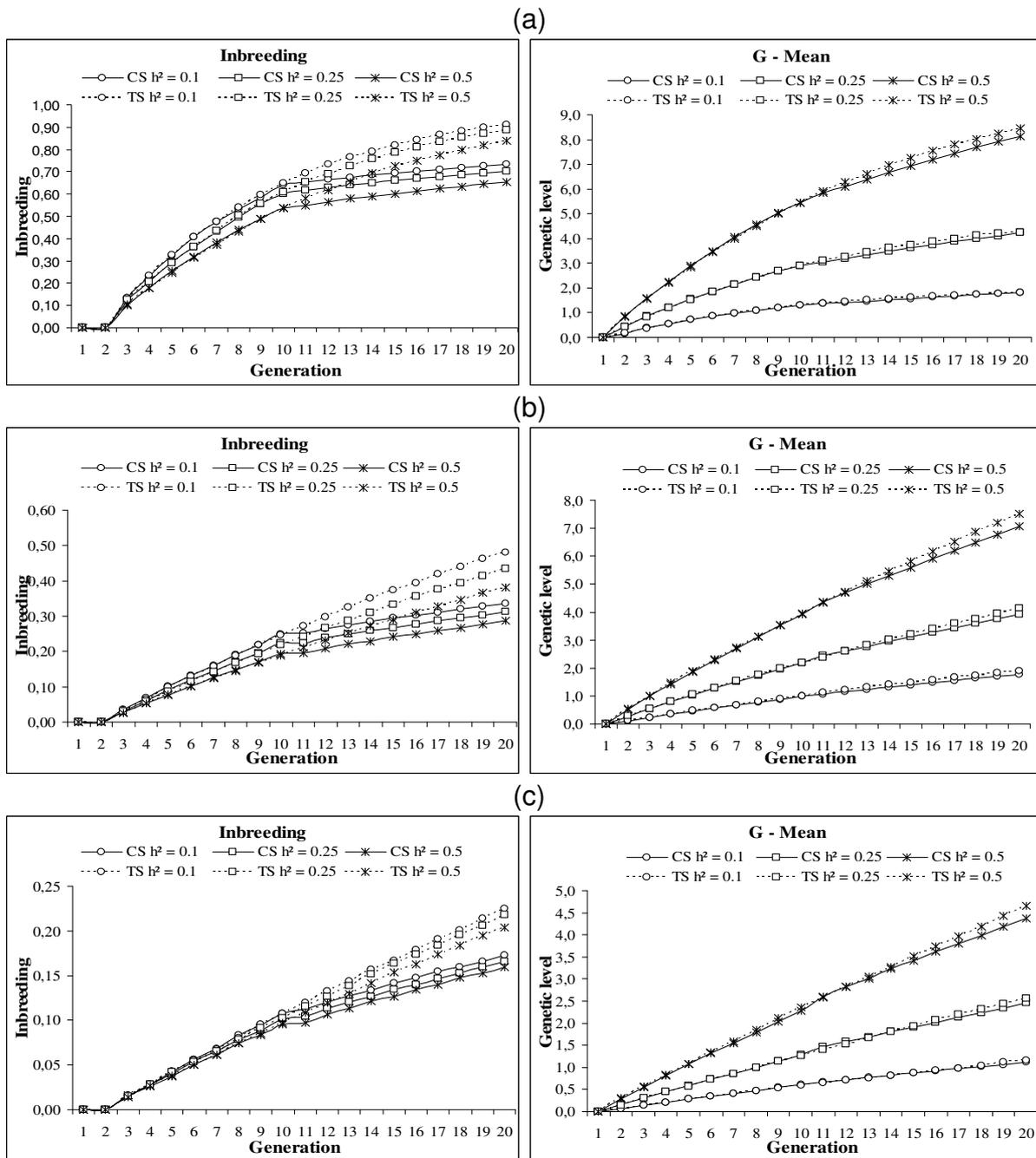


Abbildung 2: Durchschnittlicher Inzuchtcoeffizient und mittlerer genetischer Fortschritt in einem Zuchtprogramm mit umgestellter Selektion (CS) im Vergleich zu durchgängiger „truncation“ Selektion (TS). Die zulässige Inzuchtsteigerung wurde so gewählt, dass in beiden Zuchtprogrammen derselbe Genetische Fortschritt erzielt wurde [(a) $\Delta F = 0.025$, (b) $\Delta F = 0.01$, (c) $\Delta F = 0.005$].

Als weiteres Ergebnis kann festgehalten werden, dass die OC-Selektion es auch in Erhaltungszuchtprogrammen ermöglicht, bei einer kritischen Inzuchtsituation auch dann noch genetischen Fortschritt zu erzielen, wenn dies mit der Abschnittsselektion nicht mehr möglich ist.

Integration genomischer Markerinformation in die „optimum genetic contribution“ Selektion

Die OC-Selektion beruht auf der Grundidee, den Einsatz von Zuchttieren nicht allein nach Zuchtwerten sondern auch auf Grund deren Verwandtschaften zueinander festzulegen. Letztere wurden bei anhin auf der Basis von Pedigreeinformationen bestimmt. In den vergangenen Jahren kam es zur Entwicklung von molekulargenetischen Verfahren, deren Ergebnis es war, dass heute tausende sogenannter SNP-Marker zur Verfügung stehen. Es bietet sich deshalb an, die Informationen der SNP-Marker bei der Schätzung von Verwandtschaft zwischen Tieren zu nutzen. In dieser Analyse wurde die OC-Selektion dahingehend erweitert, dass es möglich war, anstelle der klassischen Verwandtschaftsmatrix eine genomische Verwandtschaftsmatrix zu verwenden. Zum Aufstellen der genomischen Verwandtschaftsmatrix wurde der Ansatz von van Raden (2008) verwendet. Mit Hilfe einer Simulationsstudie wurden die Konsequenzen verschiedener Situationen, das heißt rein genomische OC-Selektion, Pedigree basierte OC-Selektion und die Kombination dieser beiden Formen der OC-Selektion, untersucht. Die Kriterien beim Vergleich der Ergebnisse waren die realisierten Inzuchtraten (pedigree oder genomisch basierte Inzuchtrate), der genetische Fortschritt, Veränderungen der QTL Frequenzen, der Verlust positiver QTL Varianten und die Anzahl der selektierten Tiere zur Erzeugung der nächsten Generation. Die benötigten genomischen Zuchtwerte wurden anhand von 2000 SNP Markern geschätzt, wobei die Schätzung der SNP-Effekte in jeder Generation mit Hilfe der von Meuwissen et al. (2001) vorgeschlagenen Bayes B Methode erfolgte. Alle dargestellten Ergebnisse basieren auf 80 Wiederholungen.

Die durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten sind in Abbildung 3 dargestellt. In Abbildung 3a und 3c erfolgte die Kontrolle der Inzucht auf Basis von Pedigreeinformation und in Abbildung 3b und 3d wurde eine genomische Verwandtschaftsmatrix zur Inzuchtkontrolle verwendet.

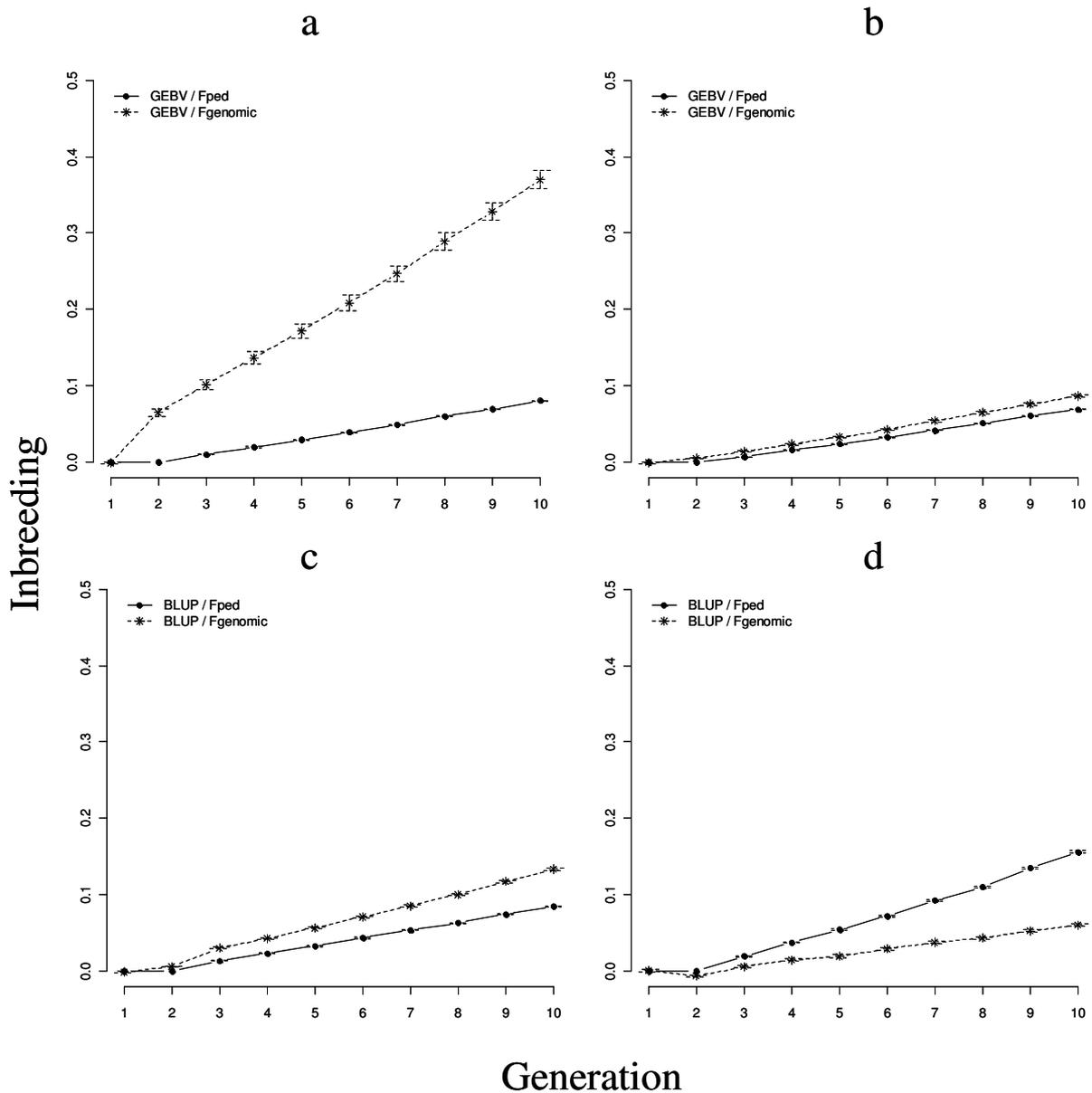


Abbildung 3. Pedigree (a und c) und genomisch basierte Inzucht (b und d) der simulierten Zuchtprogramme, bei einer zulässigen Inzuchtrate von 1 % pro Generation. Die Anzahl der Selektionskandidaten lag bei 1000 pro Generation (500 männliche und 500 weibliche).

Aus Abbildung 3 geht hervor, dass in drei Situationen der durchschnittliche Inzucht-koeffizient auf Pedigreebasis (Fped) geringer war als der durchschnittliche Inzucht-koeffizient auf genomischer Basis (Fgenomic). Die größten Unterschiede zwischen Fped und Fgenomic wurden beobachtet, wenn die Selektion auf der Basis von genomischen Zuchtwerten erfolgte und das Inzuchtmanagement auf Pedigreeinformati-onen basierte (Abbildung 3a). In diesem Fall war die genomische Inzucht, nach 10 Generationen Selektion, verglichen mit pedigreebasierten Inzuchtkoeffizienten,

etwa fünfmal so hoch.

Der Selektionserfolg war in allen Szenarien in den ersten Generationen der Selektion am höchsten, nahm dann allerdings ab. Es ist aber darauf hinzuweisen, dass der höchste Selektionserfolg nicht gleichzusetzen ist mit einer optimalen Ausrichtung des Zuchtprogrammes. Um die Ausrichtung eines Zuchtprogrammes beurteilen zu können, sollte auch der Verlauf der genetischen Varianz, die Frequenz der QTL-Allele, und die Anzahl der selektierten Tiere beachtet werden. Neben dem Selektionserfolg spielt auch die Genauigkeit der Selektion eine Rolle. In dieser Simulationsstudie lag die Genauigkeit der Selektion bei der Verwendung von genomischer Information über der Genauigkeit der Selektion in pedigreebasierten Zuchtprogrammen.

Die Entwicklung der genetischen Varianz für die verschiedenen Szenarien ist in Abbildung 4 zusammengefasst. Für alle Szenarien gilt, dass die genetische Varianz im Laufe der Zeit abnimmt und dass dieser Verlust in allen Situationen in den ersten Generationen am größten war. Wurde die Inzuchtrate auf genomischer Ebene beschränkt, konnte mehr genetische Varianz erhalten werden. Der größte Verlust an genetischer Varianz trat auf, wenn die Inzucht mit Hilfe von Pedigreeinformationen beschränkt wurde und die Selektion anhand von genomischen Zuchtwerten erfolgte. Der geringste Verlust an genetischer Varianz wurde beobachtet, wenn das Inzuchtmanagement auf genomischen Informationen basierte und die Selektionsentscheidung mit Hilfe von BLUP Zuchtwerten getroffen wurde.

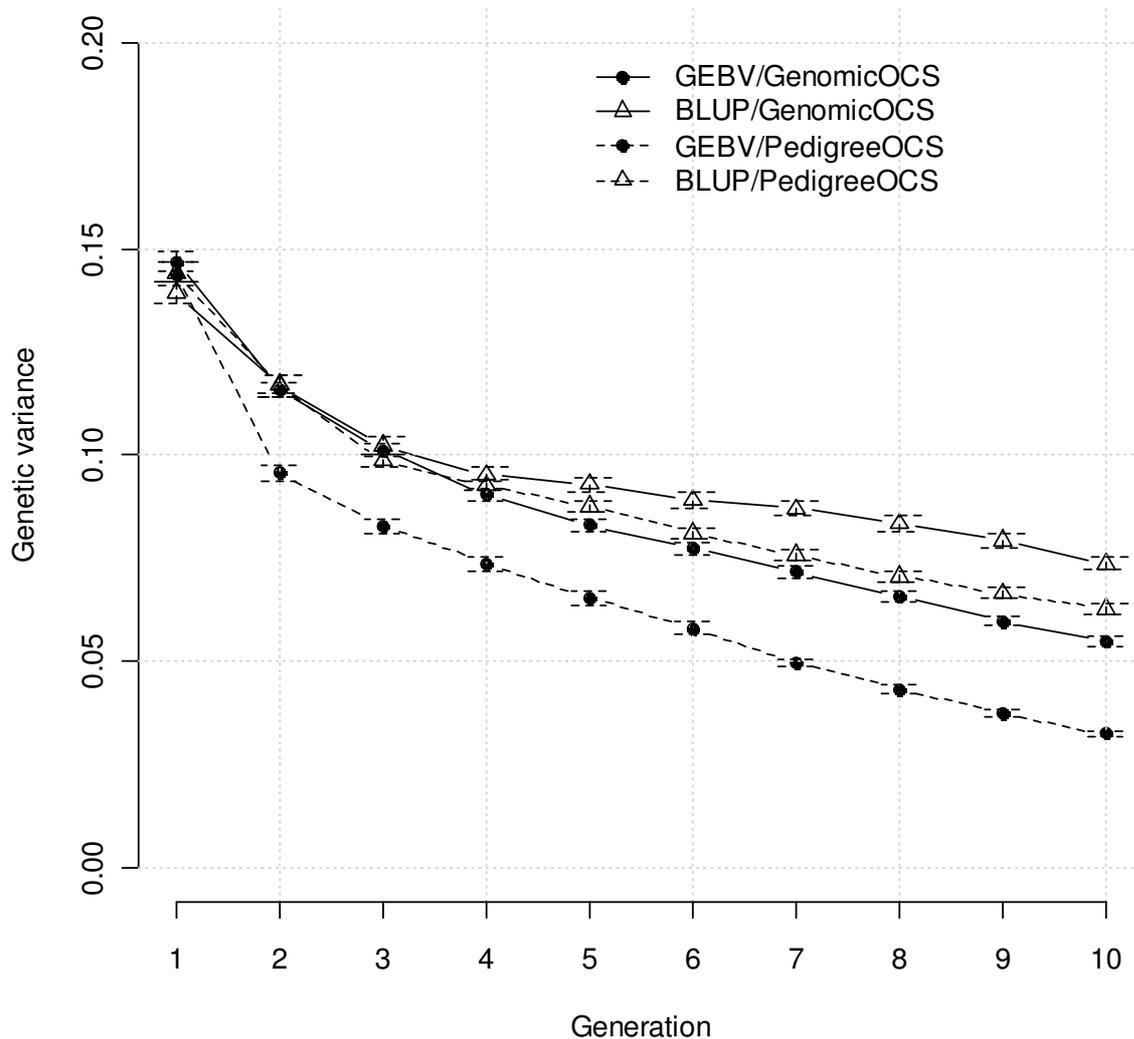


Abbildung 4. Entwicklung der genetischen Varianz in Zuchtprogrammen mit BLUP-Zuchtwerten und genomischen Zuchtwerten, bei Beschränkung des Inzuchtzuwachses auf 1 % pro Generation (basierend auf Pedigree- oder genomischer-Information).

Im Rahmen dieser Simulationsstudien konnte gezeigt werden, dass es allgemein ratsam ist, die genomische Inzucht bei OC-Selektion zu verwenden. Damit ergibt sich eine geringere Inzucht auf QTL-Basis und ein geringerer Verlust an genetischer Varianz. Die Vorteile der OC Selektion waren deutlicher, wenn auch die Selektion auf genomischen Zuchtwerten basierte, weil so ein höherer Selektionsdruck bei den gewünschten QTL-Allelen erreicht wird. Genomische OC- Selektion ermöglicht, auf lange Zeit gesehen, höhere genetische Fortschritte, da langfristig mehr genetische Varianz erhalten wird. Außerdem konnte gezeigt werden, dass eine Steuerung der In-

zucht über Pedigree-Informationen, bei Selektion nach genomischen Zuchtwerten, die wahre Inzucht deutlich unterschätzt.

Restrictierter Selektionsindex

Die Verwendung der Selektionsindexmethode erfordert Kenntnisse über die populationsgenetischen und ökonomischen Parameter der betreffenden Merkmale. Die Werte der Parameter sind zwischen einzelnen Tierarten verschieden, aber auch unterschiedliche Populationen innerhalb einer Tierart unterscheiden sich oftmals in den relevanten Parametern. Ökonomische Kennzahlen, wie der Grenznutzen werden zudem durch den Markt oder durch politische Entscheidungen beeinflusst und stehen oftmals nicht für alle Merkmale zur Verfügung. Dieses gilt insbesondere für die Aufnahme zusätzlicher Merkmale im Selektionsindex. Deren Beitrag zum Gesamtfortschritt kann mit einem restringierten Index abgebildet werden. Als Beispiele können die funktionalen Merkmale und die Gesundheitsmerkmale angesehen werden.

Der restringierte Selektionsindex wurde an einem Beispiel aus der Milchviehhaltung dargestellt. Dort wird mit der routinemäßigen Milchuntersuchung der Zellgehalt der Milch auf Bestands- und Einzeltierbasis erfasst. Das Merkmal Zellgehalt dient dabei als Hilfsmerkmal bei der Beurteilung der Eutergesundheit. Der Zellgehalt der Milch ist gleichzeitig aber auch Ausdruck der Aktivität der Immunabwehr des Tieres. Die Verringerung der Zellzahl kann daher nicht das Ziel züchterischer Maßnahmen sein, sondern vielmehr die Stabilisierung auf einem erwünschten Niveau. Dieses kann durch die Verwendung eines restringierten Index (Cunningham, 1970) realisiert werden.

$$\begin{bmatrix} P & G_j \\ G'_j & 0 \end{bmatrix} * \begin{bmatrix} b \\ b_d \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G \\ 0 \end{bmatrix} * [a]$$

Formel 1: Gleichungssystem für den Restrictierten Selektionsindex

Formel 1 besagt, dass Indexgewichte abgeleitet werden können, die gewährleisten, dass das genetische Niveau von einem oder mehreren Merkmalen konstant bleibt. Verglichen mit einem optimalen Index geht dies zu Lasten der übrigen Merkmale. Zur Demonstration wurden Berechnungen mit einem optimalen, einen partiell restringierten (50 % Restriktion) und einen restringierten Index (100 % Restriktion) durchgeführt

(Abb. 5). Die ausgewiesenen Werte geben die prozentuale Verringerung des genetischen Fortschritts durch die Restriktion an. Demnach führt eine 50 %-ige Restriktion im Merkmal Zellzahl zu nahezu keinen Einbußen im genetischen Fortschritt.

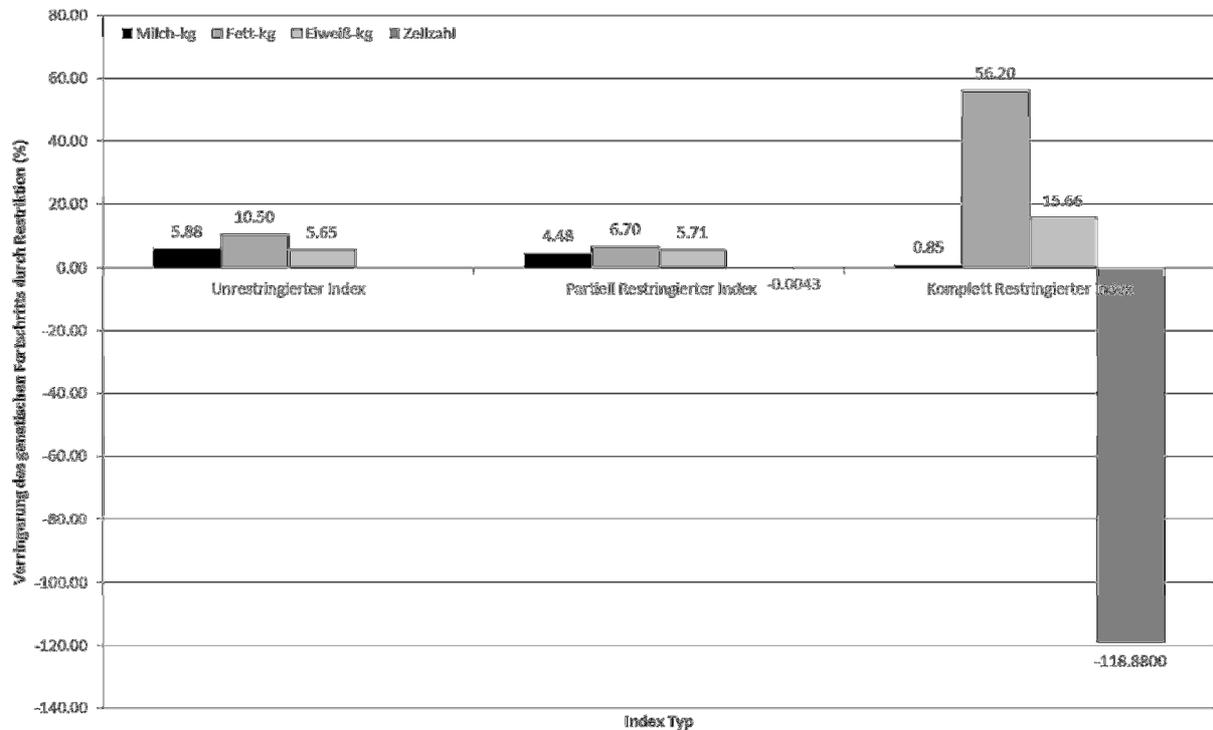


Abb. 5: Wirkung der Restriktion auf den genetischen Fortschritt bei unterschiedlicher Intensität der Restriktion

Für die Einbeziehung genomischer Informationen können die benötigten phänotypischen und genotypischen Kovarianzmatrizen auf genomischer Basis abgeleitet und im entsprechenden Index berücksichtigt werden. Die Korrelationen zwischen dem konventionellen und dem genomischen Merkmal werden dafür nach der Methode von Dekkers (2007) und Daetwyler et al. (2008) berechnet.

Analyse und Entwicklung von Zuchtprogrammen mit ZPLAN+

Im Rahmen der Entwicklung der Zuchtplanungssoftware ZPLAN+ wurden zunächst einfache Zuchtprogramme und Datenstrukturen abgebildet und analysiert. Diese Vorgehensweise war erforderlich, um die jeweils implementierten Module des Programmpakets ZPLAN+ schrittweise zu testen und auftretende Fehlerquellen an den Projektpartner mit zu melden. Mit dieser interaktiven Vorgehensweise war eine effiziente Entwicklungsarbeit gewährleistet. Für die Demonstrationsprojekte wurden dann

reale Zuchtprogramme in der jeweiligen Komplexität abgebildet. Die erforderlichen Inputparameter wurden in intensiver Zusammenarbeit mit den beteiligten Wirtschaftspartnern erstellt.

Analyse innovativer Rinderzuchtprogramme

Seit August 2010 sind für die Rinderzucht genomische Zuchtwerte verfügbar. Die deutschen Zuchtorganisationen sind deshalb gefordert, ihre bisherigen Zuchtprogramme und die entsprechenden Strukturen an die neuen Möglichkeiten anzupassen. Die Intensität der Nutzung der Genomischen Selektion kann insbesondere zu Beginn sehr unterschiedlich sein. Ziel dieses Arbeitspakets war es daher, den unterschiedlich intensiven Einsatz der genomischen Selektion am Beispiel eines realen Zuchtprogramms zu untersuchen. Das Zuchtprogramm wurde auf der Datenbasis der Rinderzucht Schleswig-Holstein eG (RSH) und der Nord-Ost-Genetic GmbH & Co. KG (NOG) modelliert. Zunächst wurde das bisherige konventionelle Zuchtprogramm der RSH eG, ohne die Nutzung genomischer Informationen, als Ausgangssituation dargestellt. In dem komplexen Zuchtprogramm wurden auch die Teilbereiche Jungrinderzuchtprogramm und Bullenmütterprüfung, die in Kooperation mit anderen Zuchtverbänden durchgeführt werden, modelliert. Die Biotechnologien Embryotransfer und Ovum Pick-Up wurden für die entsprechenden Tiergruppen berücksichtigt. Neben der Modellierung der Populationsstrukturen wurden in ZPLAN+ auch die relevanten Züchtungskosten, wie Kosten der Leistungsprüfungen, der Bullenhaltung und die Kosten der Genotypisierung nach aktuellem Sachstand einbezogen. Die modellierten Zuchtprogramme wurden hinsichtlich des generierten Zuchtfortschritts, der Züchtungskosten und des Züchtungsgewinns bewertet.

In einer ersten Untersuchung wurde ein konventionelles Zuchtprogramm für den Test von 60 Jungbullen simuliert. Für jeden Bullen stehen mit ansteigendem Testumfang eine größere Anzahl an Testtöchtern zur Verfügung. Der Testanteil wurde ausgehend von der Basisvariante mit 15 % schrittweise bis auf 40 % erhöht. Die Anzahl der Testbullen wurde dabei konstant bei 60 fixiert. Die Erhöhung des Testanteils führt bis zu einem Anteil von 25 % zu einer Steigerung im Züchtungsertrag und im Züchtungsgewinn (Tab. 1). Der stärkere Einsatz der jungen Bullen resultiert in einer Verkürzung des Generationsintervalls (Tab. 2) und begründet diesen Anstieg.

Tab. 1: Naturale Zuchtfortschritte ausgewählter Merkmale, monetärer Zuchtfortschritt pro Kuh und Jahr sowie Züchtungsertrag und Züchtungsgewinn pro Kuh in 25 Jahren in Abhängigkeit vom Testanteil – Anzahl Testbullen konstant bei 60

Parameter	Einheit						
Testanteil		.15	.20	.25	.30	.35	.40
Töchter pro Testbulle	Anzahl	115	153	191	230	268	307
Naturaler Zuchtfortschritt							
Milchmenge	kg	106,40	106,18	105,86	105,47	105,05	104,59
Fettmenge	kg	2,52	2,53	2,53	2,53	2,52	2,52
Eiweißmenge	kg	3,73	3,73	3,72	3,71	3,69	3,68
Zellzahl	Anzahl	0,0042	0,0041	0,0041	0,0041	0,0040	0,0040
Monetärer Zuchtfortschritt							
Monetärer Zuchtfortschritt	€	13,87	13,90	13,89	13,86	13,81	13,74
Züchtungsertrag	€	134,84	135,33	135,39	135,23	134,57	134,12
Züchtungskosten	€	9,46	9,50	9,54	9,60	9,63	9,67
Züchtungsgewinn	€	125,37	125,82	125,84	125,62	125,31	124,90

Tab. 2: Generationsintervalle im konventionellen Zuchtprogramm in Abhängigkeit vom Testumfang

Testanteil		.15	.20	.25	.30	.35	.40
Generationsintervall	Jahre	5,00	4,93	4,86	4,79	4,71	4,64

Die Effizienz genomischer Zuchtprogramme ist insbesondere durch die Intensität des Einsatzes junger, nur genomisch geprüfter Bullen, d.h. Bullen ohne Töchterinformationen, geprägt. Es wurde daher der unterschiedlich intensive Einsatz dieser Bullen untersucht. Die Struktur der verwendeten Zuchtprogramme wurde dafür an die neuen Gegebenheiten angepasst. Es konnte gezeigt werden, dass durch die intensivere Verwendung junger genomisch getesteter Bullen, der naturale und der monetäre Zuchtfortschritt deutlich ansteigen (Tab. 3). Der Anstieg im Zuchtfortschritt, bei den für die Milchviehhalter wirtschaftlich interessantesten Mengenmerkmalen, lag zwischen 5 % und 10 %.

Tab. 3: Naturale Zuchtfortschritte ausgewählter Merkmale, monetärer Zuchtfortschritt pro Kuh und Jahr sowie Züchtungsertrag und Züchtungsgewinn pro Kuh in 25 Jahren in Abhängigkeit vom Anteil genomischer Bullen

Erfolgsparameter	Einheit	Anteil genomischer Bullen					
		0%	5%	10%	20%	40%	60%
Naturaler Zuchtfortschritt							
Milchmenge	kg	113,28	113,71	114,16	115,07	117,09	119,37
Fettmenge	kg	2,67	2,69	2,70	2,74	2,81	2,89
Eiweißmenge	kg	3,94	3,96	3,97	4,00	4,06	4,12
Zellzahl	Anzahl	0,00446	0,00447	0,00448	0,00451	0,00457	0,00463
Monetärer Zuchtfortschritt							
Züchtungsertrag	€	147,77	148,65	149,56	151,43	155,42	159,80
Züchtungskosten	€	8,31	8,31	8,31	8,31	8,31	8,31
Züchtungsgewinn	€	139,45	140,34	141,25	143,11	147,11	151,49

Durch den intensiven Einsatz junger genomisch getesteteter Bullen konnte das Generationsintervall in den untersuchten Szenarien um etwa 15 % gesenkt werden (Tab. 4).

Tab. 4: Generationsintervalle im gemischten Zuchtprogramm bei unterschiedlicher Intensität im Einsatz genomischer Bullen

Anteil genomischer Bullen		0%	5%	10%	20%	40%	60%
Generationsintervall	Jahre	4,87	4,81	4,75	4,62	4,37	4,13

Analyse eines Zuchtprogrammes für Trakehner Warmblutpferde

In der praktischen Pferdezucht beruhen die meisten Zuchtprogramme vorwiegend auf der Selektion von Hengsten. Um die weibliche Seite für züchterische Fortschritte einzubeziehen, entwickelte der Trakehner Verband e.V. ein innovatives Zuchtprogramm mit verschiedenen Selektionsschritten bei Stuten und anschließend gezielter Paarung (GP). Die Populationsstruktur in dem Zuchtprogramm wurde mit ZPLAN+ abgebildet und mit einem Referenzszenario verglichen. Die Selektionsentscheidungen wurden hinsichtlich des generierten Zuchtfortschrittes bewertet. Für die Zuchtplanung ist zunächst die Festlegung eines Zuchtziels mit den zugehörigen Zuchtzielmerkmalen erforderlich. Im Vergleich zu anderen landwirtschaftlichen Nutztierarten ist die Verfügbarkeit der notwendigen Inputparameter in der Pferdezucht auf Grund der oftmals schlechten Datenstruktur nicht zwangsläufig gegeben. Für das untersuchte Zuchtprogramm wurden, in Absprache mit dem beteiligten Zuchtverband, sieben relevante Zuchtzielmerkmale ausgewählt und in den Berechnungen berücksichtigt. Die Gewichtung der Einzelmerkmale im Index wurde entsprechend einem, im Projekt erarbeiteten, ‚desired gains‘ Index vorgenommen. Der Zuchtfortschritt in den Merkmalen kann somit in dem festgelegten Verhältnis vorherbestimmt werden. Ein Vergleich zwischen dem GP-Programm und dem Referenzszenario zeigt, dass der Zuchtfortschritt im GP-Programm in allen Zuchtzielmerkmalen höher ausfällt (Abb. 1).

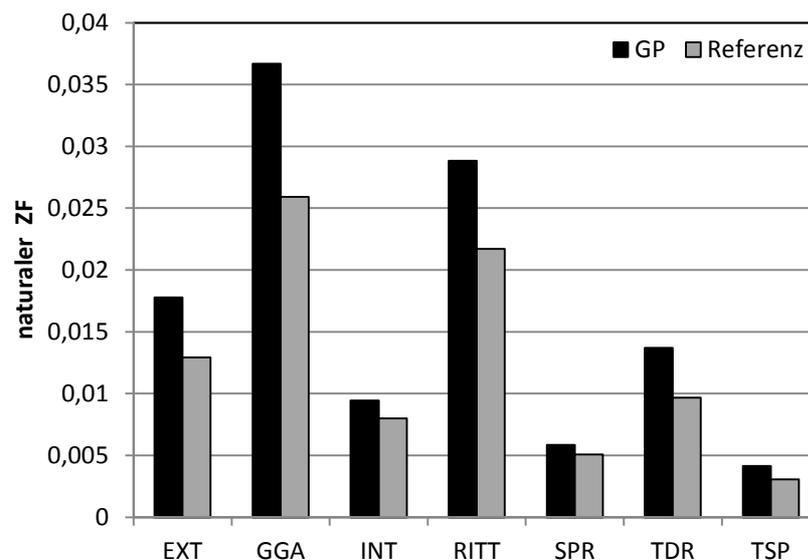


Abb. 6: Natürlicher Zuchtfortschritt in den Zuchtzielmerkmalen im GP-Programm und im Referenzzuchtprogramm

Im GP-Programm wird, stärker als bisher, der Fokus auf die Selektion auf der weiblichen Seite gelegt. Der Anstieg im Zuchtfortschritt kann daher durch die schärfere Selektion der Stuten erklärt werden, obwohl gleichzeitig eine Erhöhung des Generationsintervalls zu beobachten ist (Tab. 5).

Tab. 5: Generationsintervalle, Selektionsintensität und Genauigkeit des Indexes in den Selektionspfaden des Zuchtprogramms

Selektionspfad	Generationsintervall		Selektionsintensität		Genauigkeit des Indexes	
	GP	Referenz	GP	Referenz	GP	Referenz
Hengste						
JH->H	4	4	1,23	1,23	0,58	0,58
JH ->S	4	4	1,23	1,23	0,58	0,58
H->H	9,5	9,5	0,42	0,42	0,77	0,77
H->S	9,5	9,5	0,42	0,42	0,77	0,77
AH->H	15,5	15,5	1,27	1,27	0,84	0,84
AH->S	15,5	15,5	1,27	1,27	0,84	0,84
Stuten						
SNKL->H	16,25	-	2,13	-	0,71	-
SNKL->S	16,25	-	2,13	-	0,71	-
SEL->H	13,25	-	1,35	-	0,77	-
SEL->S	13,25	-	1,35	-	0,77	-
SVL->H	11,5	-	2,27	-	0,59	-
SVL->S	11,5	-	2,27	-	0,59	-
SR->H	12,25	10	0	0	0,58	0,58
SR->S	12,25	10	0	0	0,58	0,58
SLP->H	-	10,25	-	0,91	-	0,75
SLP->S	-	10,25	-	0,91	-	0,75
Durchschnitt	11,2	9,6	-	-	-	-

JH=Junghengste, H=Hengste, S=Stuten, AH=Althengste, SLP=Stuten mit Leistungsprüfung, SR=eingetragene Stuten, SVL=Stuten mit Vorfahrenleistung, SEL=Stuten mit Eigenleistung, SNKL=Stuten mit Nachkommenleistung

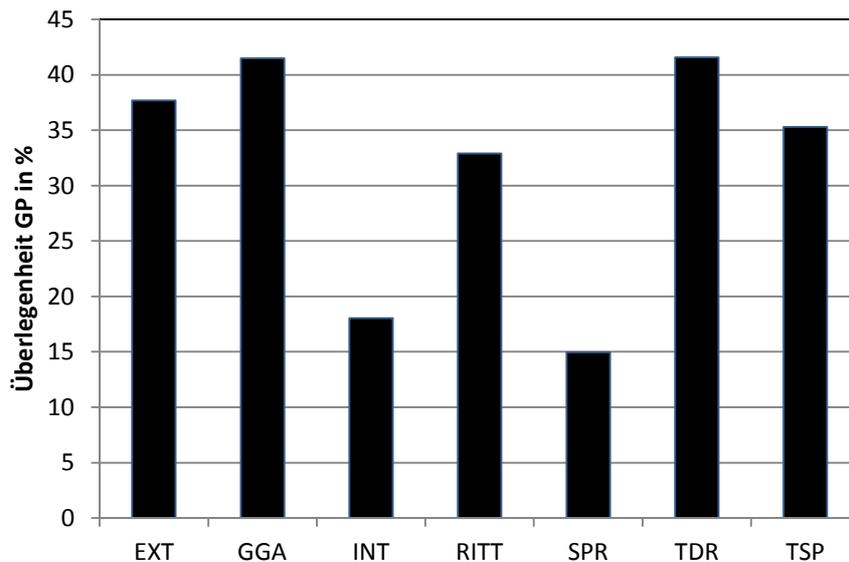


Abb. 7: Überlegenheit des GP-Zuchtprogrammes gegenüber dem Referenzszenario

Die Überlegenheit des GP-Programms gegenüber dem Referenzszenario beträgt zwischen 15 und ca. 40 % (Abb. 2). Der Erfolg des GP-Zuchtprogramms hängt im Wesentlichen von der Größe der Zuchtpopulation ab. Die verfügbare Datenstruktur und der eingeschränkte Handlungsspielraum in der Praxis wirken zudem als begrenzende Faktoren auf den Erfolg. Insbesondere das Interesse der Züchter, kennzeichnend durch die Mitwirkung an derartigen Zuchtprogrammen, kann durch die Darstellung der Forschungsergebnisse gefördert werden.

2. Ergebnisverwertung

Die im Gesamtprojekt entwickelte Software ZPLAN+ steht mit einer Anwenderbeschreibung den Zuchtorganisationen zur Verfügung. Die innerhalb des hier dargestellten Projekts gewonnenen Erkenntnisse und Entwicklungen bieten weitere Möglichkeiten für die züchterische Nutzung und können für neue Fragestellungen, z.B. genom-basierte Paarungssysteme weiterentwickelt werden. Mit dem Programmpaket besteht die Möglichkeit, Aus- und Weiterbildung auf dem Gebiet der Zuchtplanung effizient zu gestalten und das neue Werkzeug in Eigenverantwortung zu nutzen. Die Ergebnisse der Demonstrationsprojekte bilden einerseits eine solide Grundlage für züchterische Entscheidungen für die beteiligten Partner allem in Hinblick der Nutzung

genomischer Information, können aber andererseits von anderen Zuchtorganisationen übernommen und modifiziert werden.

3. Ergebnisse von dritter Seite mit Relevanz

Den Verfassern sind keine relevanten Ergebnisse von dritter Seite bekannt.

4. Erfolgte und geplante Veröffentlichungen

Nachfolgend sind in chronologischer Reihenfolge bereits veröffentlichte Publikationen, sowie zur Veröffentlichung vorgesehene Artikel, aufgelistet.

Körte, J.; Habier, D.; Thaller, G. (2008): Methodische Aspekte der genomischen Zuchtwertschätzung am ADR Granddaughter Design. Vortragstagung der DGfZ und der GfT 17.-18.09.08 in Bonn, A26.

Rohde, T.; Habier, D.; Thaller, G. (2008): Untersuchung des Zuchtfortschritts bei Deutschen Holsteins und beim Angler Rind. Vortragstagung der DGfZ und der GfT 17.-18.09.08 in Bonn, A28.

Körte, J.; Hinrichs, D.; Habier, D.; Thaller, G. (2009): Untersuchungen zur Optimierung von Inzucht und Zuchtfortschritt unter Verwendung von BLUP und Optimum Contribution Selektion. Vortragstagung der DGfZ und GfT, Gießen, D18.

Rohde, T.; Habier, D.; Thaller, G. (2009): Modellkalkulation zum Einfluss von Selektion auf die genetische Varianz am Beispiel der Holsteinpopulation. Vortragstagung der DGfZ und GfT, Gießen, A06.

Körte, J.; Hinrichs, D.; Thaller, G. (2010): Analysis of converting a breeding program under BLUP truncation selection to optimum contribution selection. 9. WCGALP, Abstract, 157.

Körte, J. (2011). Consequences of applying Optimum Contribution Selection on conventional and genomic based breeding schemes. PhD Diss. Christian-Albrechts-Univ., Kiel.

<http://www.agrar.uni-kiel.de/forschung/promotion/pdf/koerte.pdf>

Körte, J.; Hinrichs, D.; Thaller, G. (2011): Restricting inbreeding and maximizing genetic gain by using optimum contribution selection with a genomic relationship matrix. 62th EAAP, Book of abstracts No. 17, 212.

Ehret, A.; Hinrichs, D.; Thaller, G. (2011): Analyse eines Zuchtprogrammes beim Trakehner Warmblut. Vortragstagung der DGfZ und GfT, Freising- Weihenstephan, A13.

Körte, J.; Hinrichs, D.; Thaller, G. (2011). Analysis of converting a breeding program under BLUP truncation selection to optimum contribution selection. Submitted for publication.

Körte, J.; Hinrichs, D.; Thaller, G. (2011). Impact of applying genomic information on optimum contribution selection. In preparation for publication.

Körte, J.; Hinrichs, D.; Thaller, G. (2011). Genomic optimum contribution selection to reduce the effect of hitchhiking. In preparation for publication.