

# Zuchtprogramme und genomische Selektion: Fokus Tiergesundheit

Christa Egger-Danner<sup>1</sup> und Alfons Willam<sup>2</sup>

<sup>1</sup> ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, A-1200 Wien

<sup>2</sup> Universität für Bodenkultur, Institut für Nutztierwissenschaften, A-1180 Wien

## Einleitung

Die Rinderzucht durchläuft derzeit sehr große Veränderungen. Durch die Möglichkeiten der genomischen Selektion werden die Zuchtprogramme weltweit umstrukturiert. Große Steigerungen bei den Zuchtfortschritten von bis zu 100% werden oftmals erwartet (u.a. Schaeffer, 2006; Pryce and Daetwyler, 2011; Scheffers und Weigel, 2012). Zuchtziele, Zuchtprogramme und die Möglichkeiten der Leistungsprüfung werden überdacht. Das Interesse an neuen Merkmalen nimmt weltweit zu. Große Bedeutung kommt hier den direkten Gesundheitsmerkmalen zu. Zum einen sind es wirtschaftliche Aspekte, zum anderen jedoch auch die Anforderungen der Konsumenten an die Lebensmittelproduktion. Tierschutz und gesunde Lebensmittel von gesunden Tieren gewinnen immer stärker an Bedeutung.

Die Entwicklung der genetischen Trends und der phänotypischen Entwicklung der Milch- und der Fitnessmerkmale zeigt (ZuchtData, 2012), dass in den letzten Jahren sehr große Zuchtfortschritte bei den Milchleistungsmerkmalen erzielt worden sind. Bei den Fitnessmerkmalen sind jedoch mit Ausnahme der Nutzungsdauer keine nennenswerten Verbesserungen erreicht worden bzw. sind teilweise auch leicht negative genetische Trends zu beobachten. Das trifft vor allem auf die Fruchtbarkeit zu. Bei der Zellzahl lassen Zuchtplanungsrechnungen (Neuner und Götz, 2011; Karras et al. 2011; Egger-Danner et al. 2012c) einen zu erwartenden leicht negativen Trend erwarten. Da bei der Stierauswahl doch stärker auf das Merkmal Zellzahl geachtet wird, sind die aktuellen genetischen Trends leicht positiv (ZuchtData, 2012). Das phänotypische Niveau der Zellzahl mit einem Durchschnitt von 197.000 (ZuchtData, 2012) und einem Anteil von 23,3% der Kühe mit

mindestens 3 Überschreitungen über 200.000 (Egger-Danner et al. 2012b), ist aus wirtschaftlichen Gründen zu hoch. Bei der Fruchtbarkeit weist ein Abgang von 24,1% der Kühe aufgrund von Fruchtbarkeitsproblemen und ein Anteil von 26% der Kühe mit mindestens einer Fruchtbarkeitsdiagnose im Kontrolljahr 2011 auf die Notwendigkeit einer Verbesserung der Fruchtbarkeit hin.

Im vorliegenden Artikel wird dargestellt, welche Auswirkungen durch die Nutzung der neuen Möglichkeiten der genomischen Selektion speziell auf die Tiergesundheit zu erwarten sind. Dabei werden auch die allgemeinen Einflussfaktoren auf den Zuchtfortschritt diskutiert und dann im Speziellen die Auswirkungen auf Fitness- und Gesundheitsmerkmale untersucht. Der Fokus liegt auf der Analyse von Möglichkeiten zur Verbesserung der Tiergesundheit im Zusammenhang mit der genomischen Selektion. Aspekte von Interesse sind dabei die Rolle von Phänotypen (=Leistungsprüfung), Zusammensetzung des Gesamtzuchtwertes, Veränderungen im Zuchtprogramm und die Möglichkeit der Genotypisierung von Kühen. Die Modellrechnungen wurden basierend auf den Daten und Kennzahlen von Fleckvieh AUSTRIA durchgeführt.

## Methode und Material

Die Modellrechnungen wurden mit dem Computerprogramm ZPLAN (Willam et al. 2008) durchgeführt. Informationen zu den verwendeten Parametern (Populationsparameter, genetische Parameter, Wirtschaftlichkeitskennzahlen) sind in Egger-Danner et al. 2012c, Fuerst et al. 2010 und Fuerst-Waltl et al. 2010 zu finden.

## Zuchtziel

### Referenzszenario: Gesamtzuchtwert (GZW-R)

Das Zuchtziel wird in Österreich und Deutschland durch den Gesamtzuchtwert (GZW) beschrieben. Die relative Gewichtung im Gesamtzuchtwert beträgt bei Fleckvieh derzeit 38% für Fett- und Eiweiß kg, 16% für die Fleischleistungsmerkmale, 44% für die Fitnessmerkmale und 2% für die Melkbarkeit. Dieser Gesamtzuchtwert ist die Referenz für die durchgeführten Modellrechnungen am Beispiel Fleckvieh AUSTRIA. Die genetischen Korrelationen zwischen den Merkmalen sind bei Neuner und Götz (2011) dargestellt.

### Varianten: GZW-GMON und GZW-GMON50

Für die Modellrechnungen wurde weiters ein GZW-GMON (Gesamtzuchtwert mit direkten Gesundheitsmerkmalen aus dem Projekt

Gesundheitsmonitoring) mit Berücksichtigung der direkten Gesundheitsmerkmale im Fruchtbarkeits-Index und der Mastitis und ausgewählten Euterexterieurmerkmalen im Eutergesundheits-Index erstellt. Für die Variante GZW-GMON50 wurde das wirtschaftliche Gewicht für den Fruchtbarkeits-Index und den Eutergesundheits-Index um 50% erhöht.

Die unterstellten Heritabilitäten für den Fruchtbarkeits-Index liegen bei 2% und für den Eutergesundheits-Index bei 12%. Die genetische Korrelation zwischen dem Merkmal Fett + Eiweiß kg und Fruchtbarkeits-Index beträgt -0,20. Die genetische Korrelation zwischen Fett+Eiweiß kg zum Eutergesundheits-Index beträgt -0,25.

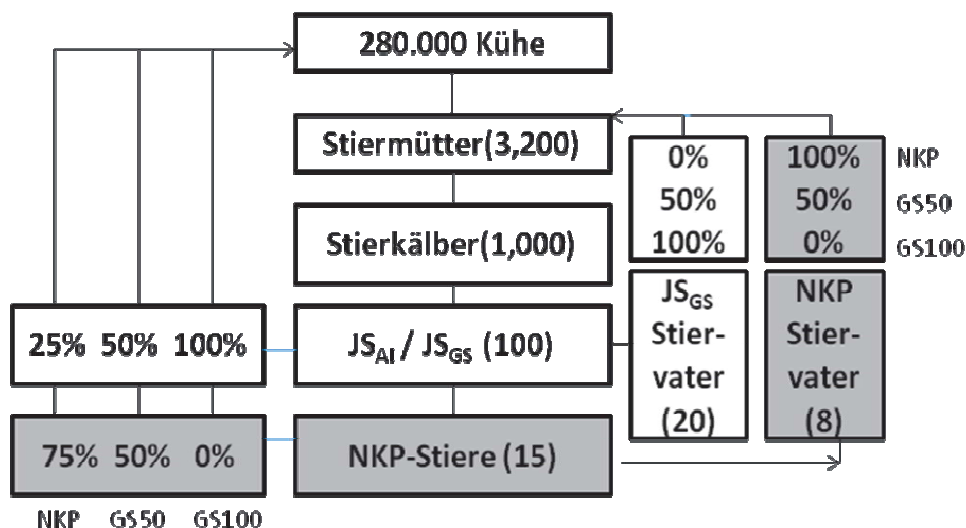
**Tabelle 1:** Additiv genetische Standardabweichung ( $s_A$ ), wirtschaftliches Gewicht pro  $s_A$  ( $wG_{s_A}$ ) in Euro und wirtschaftliches Gewicht in Prozent ( $wG\%$ ) der Einzelmerkmale in den verschiedenen Gesamtzuchtwerten (GZW-R, GZW+GMON und GZW+GMON50 für österreichisches Fleckvieh)

Merkmal	Einh.	$s_A$	GZW-R		GZW+GMON		GZW+GMON50	
			$wG/s_A$	$wG\%$	$wG/s_A$	$wG\%$	$wG/s_A$	$wG\%$
Fkg	kg	21,9	9,86	4,4		4,2		3,8
Ekg	kg	16,4	73,80	33,4		31,5		28,5
NTZ	g	26,5	16,08	7,3		6,9		6,2
AUS	%	1,15	10,20	4,6		4,4		3,9
HKL	Kla.	0,25	10,20	4,6		4,4		3,9
ND	Tg.	180	29,64	13,4		12,6		11,4
PERS	Pkt.	12	4,32	2,0		1,8		1,7
FRU-I	Pkt.	12	15,0	6,8	28,43	12,1	42,64	16,4
KVLp	Kla.	0,22	4,08	1,8		1,7		1,6
KVLm	Kla.	0,22	4,08	1,8		1,7		1,6
TOTp	%	4	9,0	4,1		3,8		3,5
TOTm	%	4	9,0	4,1		3,8		3,5
EUG-I	Pkt.	12	21,36	9,7	21,36	9,1	32,04	12,4
DMG	Pkt.	12	4,32	2,0		1,8		1,7

## Zuchtprogramm

Für die Modellrechnungen wird eine optimierte Variante eines Nachkommenzuchtprogrammes auf Basis Fleckvieh AUSTRIA angenommen. Es werden die gleichen Selektionsintensitäten wie in den GS-Varianten unterstellt um die Auswirkung der höheren Sicherheit und des Generationsintervalles sichtbar zu machen. In der Variante

GS50 werden 50% der Besamungen mit Jungstieren durchgeführt (Abb. 1). Das gilt sowohl für die Herdebuchkühe als auch für die Stiermütter. Bei der Variante GS100 handelt es sich um ein rein genomisches Zuchtprogramm, bei dem keine Stiere mit Nachkommenprüfung mehr im Einsatz sind. Die Stierväter sind zu 100% Jungtiere.



**Abbildung 1:** Struktur der Zuchtstrategien: Nachkommenprüfung (NKP), genomisches Zuchtprogramm mit 50% Besamungen mit Jungstieren (GS50) und genomisches Zuchtprogramm (GS100) mit 100% Besamungen von Jungstieren (JSAI = Jungstier mit Ahneninformation, JS<sub>GS</sub> = Jungstier mit Ahnen und genomischer Information, NKP = Nachkommen geprüft)

### Einflussfaktoren auf den Zuchtfortschritt

Der Zuchtfortschritt wird durch die Remontierung (Selektionsintensität), die Streuung des Merkmals, die Zuverlässigkeit der Zuchtwertschätzung und das Generationsintervall bestimmt. Im Detail setzt sich der Zuchtfortschritt aus den Zuchtfortschritten für die 4 Selektionspfade: Kuhmütter (KM), Kuhväter (KV), Stiermütter (SM) und Stierväter (SV) zusammen, der pro Selektionspfad durch das Generationsintervall (T) dividiert wird.

Die größten Hebel für die Veränderung des Zuchtfortschrittes durch genomische Selektion sind das Generationsintervall und die Selektionsintensität. Höhere Sicherheiten bei den genomischen Zuchtwerten haben auf den Zuchtfortschritt bezogen auf die Population im Vergleich dazu relativ geringe Auswirkungen. Die Annahmen für die Berechnung der Generationsintervalle, Sicherheiten, etc. sind in Egger-Danner et al. (2012) dargestellt.

### Zuchtfortschritt in Abhängigkeit vom Gesamtzuchtwert und Zuchtprogramm-Varianten

Um die Auswirkung von Zuchtzielen mit Berücksichtigung von direkten Gesundheitsmerkmalen und einer Veränderung der

Gewichtung für diese Merkmale zu analysieren, wurden die Varianten NKP, GS50 und GS100 für die drei GZW-Varianten (GZW-R, GZW-GMON, GZW-GMON50) berechnet.

### Was bringt die Genotypisierung von Kühen für die Tiergesundheit?

Auswertungen am Beispiel Fleckvieh (Egger-Danner et al. 2012) zeigen, dass der limitierende Faktor für die Bereitstellung von genomischen Zuchtwerten für die direkten Gesundheitsmerkmale die Verfügbarkeit von genügend Stieren mit zuverlässigen Diagnosedaten der Töchter ist. Derzeit könnten maximal 1.000 Stiere für die direkten Gesundheitsmerkmale für die Referenzpopulation herangezogen werden. Durch die geringe Referenzpopulation und die niedrigen Erblichkeiten sind die Möglichkeiten von genomischen Zuchtwerten für frühe Fruchtbarkeitsstörungen, Zysten, Mastitis oder Milchfieber derzeit begrenzt. Aktuell gibt es zwar konventionelle Gesundheits-Zuchtwerte, für die Jungstiere stehen aber noch keine genomischen Zuchtwerte für Gesundheit zur Verfügung. In Modellrechnungen von Schwarzenbacher (2012) und Egger-Danner et al. 2012 wurde der Nutzen der Genotypisierung von Kühen am Beispiel Fleckvieh AUSTRIA abgeschätzt.

## Ergebnisse

In Tabelle 2 ist der aktuelle GZW für Fleckvieh in Deutschland und Österreich mit den genetischen Standardabweichungen und wirtschaftlichen Gewichten dargestellt. Die monetären Zuchtfortschritte wurden mit dem

optimierten Nachkommenprüfsystem (Abb. 2) berechnet. Es ist zu erkennen, dass bei diesen Annahmen der Zuchtfortschritt sich zu 80,6% aus den Milchleistungsmerkmalen, zu 11,5% aus den Fleischmerkmalen und zu 6,6% aus den Fitnessmerkmalen zusammensetzt.

**Tabelle 2:** Genetische Standardeinheiten ( $s_{(a)}$ ) und wirtschaftliche Gewichte ( $wG$ ) pro  $s_{(a)}$  in EUR, relative Gewichtung der Merkmale und naturale und monetäre Zuchtfortschritte pro Jahr im Gesamtzuchtwert bei der Variante GZW-R

Merkmal	GZW					GZW			
		$s(a)$	$wG/s(a)$	%	%	monZF/J	%	%	
<b>Milch</b>	Fkg	kg	21,9	9,86	4,5	<b>37,9</b>	2,05	8,5	<b>80,6</b>
	Ekg	kg	16,4	73,80	33,4		17,39	72,1	
<b>Fleisch</b>	NTZ	g	26,5	16,08	7,3	<b>16,5</b>	1,98	8,2	<b>11,5</b>
	AUS	%	1,15	10,20	4,6		0,24	1,0	
	HKL	Klasse	0,25	10,20	4,6		0,24	2,3	
<b>Fitness</b>	ND	Tag	180	29,64	13,4	<b>43,7</b>	1,45	6,0	<b>6,6</b>
	PERS	Pkte	12	4,32	2,0		0,16	0,7	
	FRU-I	Pkte	12	15,00	6,8		-0,18	-0,8	
	KVLp	Klasse	0,22	4,08	1,8		-0,16	-0,7	
	KVLm	Klasse	0,22	4,08	1,8		0,26	1,1	
	TOTp	%	4	9,00	4,1		-0,10	-0,4	
	TOTm	%	4	9,00	4,1		0,29	1,2	
	ZZ	Pkte	12	21,36	9,7		-0,14	-0,6	
<b>MBK</b>	DMG	Pkte	12	4,32	2,0	<b>2,0</b>	0,31	1,3	<b>1,3</b>
<b>220,94</b>					<b>100,0</b>		<b>24,10</b>		<b>100,0</b>

**Tabelle 3:** Informationen zu Selektionsintensitäten und relativen monetären Zuchtfortschritten im Vergleich

	NKP	GS50	GS100
Teststiere/Jungtiere	100	100	100
Vorselektion	1:10	1:10	1:10
Geprüfte Stiere/Altstiere	15	15	0
Stierväter	8	8 NKP/20 JS	20 JS
Generationsintervall	5,54	4,69	3,57
mon. ZF in %	100	115	130
Steigerung mon.ZF (%) relativ zu NKP		+15	+30

In Tabelle 3 sind die wichtigsten Faktoren zur Bestimmung der Selektionsintensität für die drei Modellvarianten NKP, GS50 und GS100 dargestellt. Es ist ersichtlich, dass durch den Einsatz von 50% der Besamungen mit Jungtieren bei den Herdebuchkühen und Stiermüttern der monetäre Zuchtfortschritt pro Jahr um 15% gesteigert werden kann. Wenn alle Besamungen mit den Jungtieren durchgeführt werden, so liegt die Steigerung bei 30%. Diese Zahlen spiegeln nicht das tatsächliche Potential zur Steigerung des

Zuchtfortschrittes wider, da bereits beim unterstellten NKP-Modell die Selektionsintensitäten an die GS-Systeme angepasst wurde, zB Vorselektion 1:10.

Werden die direkten Gesundheitsmerkmale mit ihren entsprechenden wirtschaftlichen Gewichten inkludiert, so erhöht sich der monetäre Zuchtfortschritt für den Gesamtzuchtwert bei allen Varianten um 1 bzw. 2 Prozent. Wenn das Gewicht für die direkten Gesundheitsmerkmale um 50% erhöht wird, so ist insgesamt mit einem leichten

Rückgang des jährlichen monetären Zuchtfortschrittes zu rechnen (Tabelle 4). Die genomischen Zuchtprogramme GS50 und GS100 führen zu einer leichten Stärkung des Fitnesskomplexes wie Tabelle 5 zeigt. Werden die direkten Gesundheitsmerkmale frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten im

maternalen Fruchtbarkeits-Index berücksichtigt, so ist eine Stärkung des Fitnesskomplexes zu erreichen. Wird das Gewicht weiter erhöht, so ist eine starke Verschiebung zur Fitness und Gesundheit zu beobachten.

**Tabelle 4:** Jährlicher monetärer Zuchtfortschritt in Prozent relativ zu GZW-R mit einem Nachkommenzuchtprogramm (NKP) für die verschiedenen Zuchtziele (GZW-R, GZW-GMON, GZW-GMON50) und Zuchtstrategien (NKP, GS50 und GS100) und die entsprechenden Generationsintervalle.

	GI(J)	GZW-R	GZW+GMON	GZW+GMON50
NKP	5,54	100	101	99
GS50	4,69	115	116	114
GS100	3,57	130	132	129

**Tabelle 5:** Relativer jährlicher monetärer Zuchtfortschritt zusammengefasst für Milchleistungsmerkmale und Fitnessmerkmale für verschiedene Gesamtzuchtwerte (GZW-R, GZW-GMON, GZW-GMON50) in %

	GZW-R		GZW+GMON		GZW+GMON50	
	Milch	FIT	Milch	FIT	Milch	FIT
NKP	80,6	6,6	76,3	11,2	68,5	19,5
GS50	79,3	8,9	74,4	14,2	66,2	22,9
GS100	80,4	8,4	75,1	14,1	66,6	23,1

**Tabelle 6:** Naturale Zuchtfortschritte bei verschiedenen Zuchtstrategien NKP, GS50 und GS100 auf die Merkmale Eiweißmenge (Ekg), maternaler Fruchtbarkeits-Index (Fru-I) und Eutergesundheits-Index (EU-I) bei unterschiedlichen Zuchtzielen (GZW-R, GZW-GMON, GZW-GMON50)

	GZW-R			GZW+GMON			GZW+GMON50		
	Ekg	Fru-I	EU-I	Ekg	Fru-I	EU-I	Ekg	Fru-I	EU-I
NKP	3,86	-0,15	-0,08	3,68	0,22	0,07	3,25	0,61	0,50
GS50	4,37	-0,11	-0,09	4,15	0,37	0,10	3,63	0,87	0,61
GS100	5,02	-0,15	-0,19	4,75	0,42	0,08	4,13	0,99	0,68

Aus Tabelle 6 ist ersichtlich, dass für den aktuellen GZW (GZW-R) der Zuchtfortschritt für die Eiweißmenge für GS100 um 30% gesteigert wird, der negative Trend bei der maternalen Fruchtbarkeit bestehen bleibt und sich der negative Trend bei der Zellzahl eher verstärkt. Werden die direkten Gesundheitsmerkmale berücksichtigt, so ist beim Fruchtbarkeits-Index, wo auch das wirtschaftliche Gewicht erhöht wurde, eine deutliche Verbesserung durch GS zu beobachten. Bei Variante GZW-GMON50 ist sowohl für den Fruchtbarkeits-Index als auch

den Eutergesundheits-Index eine sehr positive Entwicklung durch GS50 und GS100 zu erkennen. Der Zuchtfortschritt für die Eiweißmenge ist ebenfalls klar positiv, aber auf einem niedrigeren Niveau.

## **Diskussion von Maßnahmen zur Verbesserung der Tiergesundheit mit genomischer Selektion**

### **Gestaltung von Zuchtprogrammen**

Zuchtplanungsrechnungen haben gezeigt, dass die Nutzung der genomischen Selektion den Zuchtfortschritt bei der Fitness und Gesundheit insgesamt leicht stärkt, jedoch bei Merkmalen, die bisher einen negativen Trend aufweisen, auch keine positive Entwicklung erzielt wird. Ein Grund für die Stärkung von Fitness und Gesundheit ist, dass durch die Reduktion der Anzahl der Jungstiere und des höheren Anteils der Jungstierbesamungen die Sicherheit für die Fitness- und Gesundheitsmerkmale steigt. Solange im genomischen Zuchtprogramm auch Nachkommen geprüfte Stiere eingesetzt werden, können diese Stiere ihre Gene auch wieder weitergeben (Willam et al. 2002). Ohne NKP-Stiere ist die höhere Sicherheit der Zuchtwerte für Fitness und Gesundheit ein Vorteil für die Referenzstichprobe und damit die Schätzung der genomischen Zuchtwerte für diese Merkmale.

Es ist aber darauf hinzuweisen, dass die höhere Sicherheit der genomischen Zuchtwerte der Jungstiere im Vergleich zum Ahnenindex von den Teststieren generell nur einen sehr kleinen Beitrag zum Zuchtfortschritt ausmacht. Eine höhere Sicherheit verringert das Risiko für den Einsatz eines einzelnen Stieres. Bezogen auf die Population trägt der Sicherheitszuwachs durch GS relativ wenig zum Zuchtfortschritt bei. Die Steigerung des Zuchtfortschrittes erfolgt vor allem durch die Verkürzung des Generationsintervalls und die Erhöhung der Selektionsintensität. Durch die Optimierung der verschiedenen Schritte im Zuchtprogramm ist bezüglich Stärkung der Gesundheit relativ wenig zu erzielen. Durch genomische Selektion ist aber auch nicht davon auszugehen, dass ein Merkmal, das derzeit stabil ist, sich deutlich verschlechtert.

Das Augenmerk auf Fitness und Gesundheit bei der Auswahl der einzelnen Stiere ist eine Möglichkeit, wo jeder Züchter reagieren kann. Um auf diese Merkmale zu setzen sind jedoch auch die entsprechenden Phänotypen (=Leistungsprüfung) notwendig.

### **Gesamtzuchtwert mit direkten Gesundheitsmerkmalen**

Wie die Ergebnisse zeigen, ist die Berücksichtigung von direkten Gesundheitsmerkmalen im Gesamtzuchtwert bei Fleckvieh eine Möglichkeit einen positiven Trend für die maternale Fruchtbarkeit und die Euter-gesundheit zu erzielen. In Norwegen wurde das wirtschaftliche Gewicht für Mastitis soweit erhöht, dass der erwünschte Zuchtfortschritt erzielt werden kann (Heringstad, 2009; Geno, 2012). Odegard et al. (2003) zeigten, dass die Berücksichtigung der Mastitis zusätzlich zur Zellzahl die Effektivität der ZW-Schätzung deutlich steigert.

Je deutlicher ein Trend für ein Merkmal ausgeprägt ist, desto stärker wird der Trend durch genomische Selektion forciert. Dieses Ergebnis ist auch im Einklang mit Karras et al. 2011.

### **Phänotypen (=Leistungsprüfung)**

In internationalen Studien wird immer wieder auf die Bedeutung von Phänotypen für Gesundheitsmerkmale hingewiesen (Bishop et al. 2011). Fehlende Phänotypen für diese Merkmale sind sehr oft die limitierenden Faktoren für Arbeiten zur Verbesserung der Tiergesundheit. Um die Möglichkeiten der genomischen Selektion für Gesundheitsmerkmale nutzen zu können, sind zuverlässige Gesundheitsdaten von sehr vielen Kühen eine Voraussetzung. Durch die niedrige Erblichkeit ist der benötigte Umfang vergleichbar mit anderen Fitnessmerkmalen wie zB Fruchtbarkeit oder Kalbeverlauf. Daher ist es wichtig, dass in Zukunft solche Merkmale im Zuge der Leistungsprüfung flächendeckend erfasst werden (Egger-Danner et al. 2012).

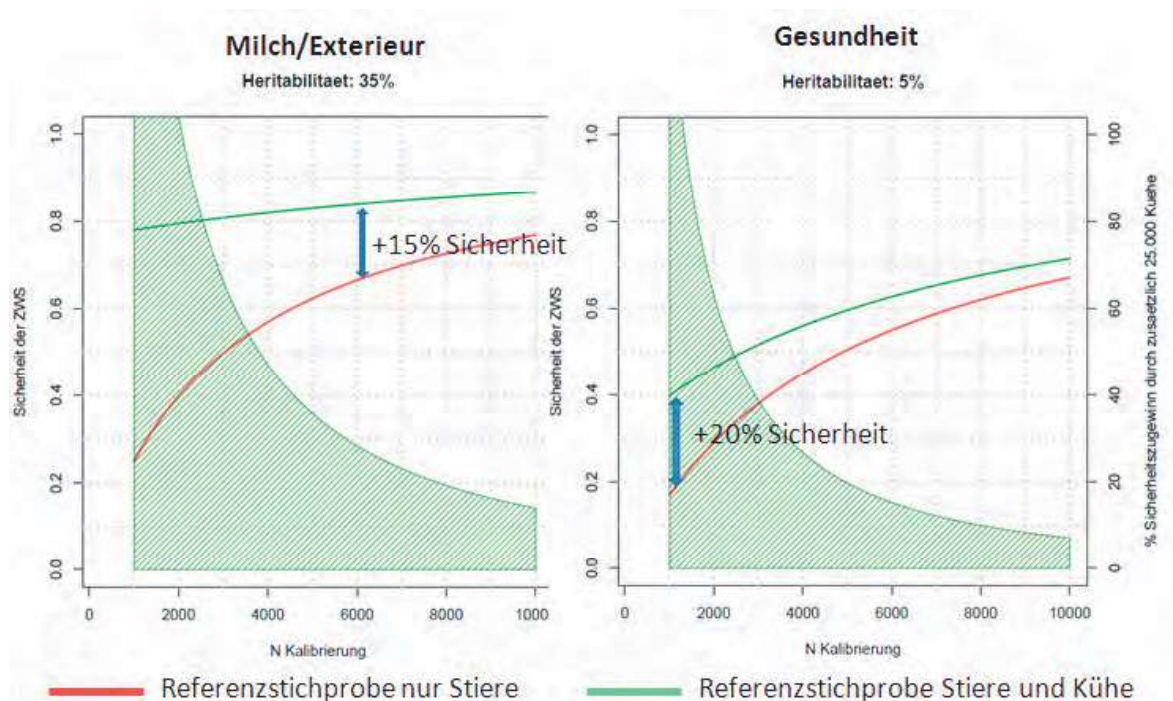
Ist die Referenzpopulation für die Ableitung der genomischen Zuchtwerte für diese Merkmale kleiner als für andere Merkmale, so sind auch keine so hohen Sicherheiten zu erzielen. König und Swalve (2009) sind besorgt, dass die Kluft zwischen Produktion und funktionalen Merkmalen größer werden könnte, wenn für die Milchleistungsmerkmale sehr sichere Zuchtwerte vorliegen und für Fitnessmerkmale nicht.

## Genotypisierung von Kühen

Die Untersuchung geht von der Publikation von deRoos et al. (2011) aus, wonach eine Referenzpopulation von 3.000 Stieren vergleichbar mit 21.000 Kühe bei einer Erblichkeit von 10% ist. In der Modellkalkulation von Schwarzenbacher (2012) wurde von der Genotypisierung von 25.000 Kühen in Abhängigkeit von 2 Merkmalen, einem Milchleistungs- oder Exterieurmerkmal mit einer Erblichkeit von 35% und einem Gesundheitsmerkmal mit einer Erblichkeit von 5% ausgegangen. Aus Abbildung 2 ist ersichtlich, dass bei einer aktuellen Referenzstichprobe von ca. 6.000 Stieren für die Milchleistungs- oder Exterieurmerkmalen die Hereinnahme von 25.000 Kühen mit genomischen Zuchtwerten einen Sicherheits-Zuwachs von ca. 15% bringen würde d.h. die Sicherheiten der genomischen Zuchtwerte für die

Milchleistungsmerkmale und das Exterieur würden auf ca. 80% ansteigen.

Bei einem Gesundheitsmerkmal mit derzeit 1.000 Stieren in der Referenz und einer Erblichkeit von 5% würden die 25.000 Kühe einen Sicherheitszuwachs von 20% bringen, d.h. Sicherheiten von ca. 40% wären möglich. Für höhere Sicherheiten für niedrig heritable Merkmale wären noch deutlich mehr Kühe notwendig. Zu bedenken ist, dass hierbei ganze Herden zu genotypisieren sind und nicht nur die genetisch besten Kühe, damit die Streuung für diese Merkmale erfasst werden kann. Der andere Weg ist, dass bei flächendeckender Erfassung von Gesundheitsdaten in Österreich und Deutschland jährlich ca. 300 Stiere mit zuverlässigen Gesundheits-Zuchtwerten der Referenzpopulation beigefügt werden könnten und so in ca. 10 Jahren auch eine Referenzpopulation von ca. 4.000 Stieren für diese Merkmale zur Verfügung stehen könnten.



**Abbildung 2:** Sicherheitsgewinn bei genomischen Zuchtwerten in Abhängigkeit von der Erblichkeit des Merkmals und der Größe der Referenzpopulation von Stieren durch Genotypisierung von 25.000 Kühen (Schwarzenbacher, 2012)

In anderen Ländern wird immer stärker auch auf die Genotypisierung von Kühen gesetzt. Die Analyse von Weigel et al. (2012) zeigt, dass es für Kalbinnen unter gegebenen Umständen auch wirtschaftlich interessant sein

kann, bei Kühen mit Eigenleistungen der Nutzen aber begrenzt ist. Ähnliche Ergebnisse zeigen eigene Studien. Werden die Stiermütter genotypisiert, so ist bei den Modellannahmen von GS50 und GZW+GMON nur mit einem

Anstieg von 1-2% monetären Zuchtfortschritt zu rechnen, wenn nicht gleichzeitig auch das Generationsintervall verkürzt werden kann. Teilweise werden als Argumente für die Genotypisierung von Kühen höhere Sicherheiten für die Fitnessmerkmale angeführt. Wenn nicht durch Embryotransfer oder andere Maßnahmen im Zuchtprogramm (zB Verträge) Argumente für die Auswahl der genetisch interessantesten Kühe sprechen, erscheint es nach unserem derzeitigen Wissenstand effektiver das Mendelian-Sampling abzuwarten und nur die Kälber zu genotypisieren. Die Genotypisierung von Kühen von ganzen Herden mit zuverlässigen Daten zu neuen Merkmalen wie zB direkte Gesundheitsmerkmale ist sehr wertvoll, um die Referenzstichprobe für diese neuen Merkmale zu erhöhen. Für den wirtschaftlichen Nutzen sind jedoch die Genotypisierungskosten zu berücksichtigen.

## Zusammenfassung

Die genomische Selektion ist ein sehr scharfes Werkzeug um den Zuchtfortschritt enorm zu steigern. Daher ist es auch umso wichtiger, dass auch Merkmale, auf die bisher kein so großes Augenmerk gelegt wurde und von denen bekannt ist, dass sie einen negativen Zusammenhang zur Milchleistung haben, beobachtet und in der Zucht entsprechend berücksichtigt werden.

Wissenschaftliche Untersuchungen zeigen, dass Zuchtprogramme mit Nutzung der genomischen Selektion den Fitnesskomplex insgesamt eher stärken. Durch die Optimierung der verschiedenen Schritte im Zuchtprogramm selber ist bezüglich Stärkung der Gesundheit relativ wenig zu erzielen. Das Augenmerk auf Fitness und Gesundheit bei der Auswahl der einzelnen Stiere ist eine Möglichkeit, wo jeder Züchter reagieren kann. Entscheidend für die Stärkung der Gesundheitsmerkmale durch genomische Selektion ist die Berücksichtigung und Gewichtung dieser Merkmale im Zuchtziel. Hier gilt zu bedenken, dass eine direkte Selektion auf Zielmerkmale effektiver ist als eine indirekte Selektion. Wenn, wie die beiden GZW-Varianten GZW-GMON und

GZW-GMON50 zeigen, den Gesundheitsmerkmalen ein entsprechendes Gewicht beigemessen wird, so kann für die einzelnen Fitness- und Gesundheitsmerkmale sehr wohl ein deutlich positiver Trend erzielt werden. Die genomische Selektion kann die Geschwindigkeit steigern, aber nicht die Richtung im Zuchtziel ändern.

Um auf diese Merkmale zu setzen sind jedoch auch die entsprechenden Phänotypen (=Leistungsprüfung) notwendig. Die Limitierungen bei der Zucht auf Tiergesundheit mit Nutzung der Möglichkeiten der genomischen Selektion sind nicht die Genotypen, sondern vielmehr Gesundheitsdaten aus der Leistungsprüfung. Der häufig verwendete Ausspruch „Der Phänotyp ist König“ trifft bei den direkten Gesundheitsmerkmalen im Besonderen zu.

## Danksagung

Die Analysen wurden im Rahmen der Projekte „Gesundheitsmonitoring Rind: Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale beim Rind“, „Entwicklung einer genomischen Zuchtwertschätzung bei Fleckvieh“ und „OptiGene“ durchgeführt.

Die Projekte „Gesundheitsmonitoring Rind: Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale beim Rind“ und „OptiGene“ wurden und werden vom Lebensministerium, der Zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR) und den Rassenarbeitsgemeinschaften finanziell unterstützt. Vielen Dank für die finanzielle Unterstützung und gute Zusammenarbeit.

Entwicklung einer genomischen Zuchtwertschätzung bei Fleckvieh: Für die finanzielle Unterstützung wird der FFG (Austrian Research Promotion Agency, FFG), der Arbeitsgemeinschaft österreichischer Fleckviehzüchter (AGÖF), ZuchtData und der Kooperation im Rahmen der gemeinsamen Zuchtwertschätzung in Deutschland (Bayern und Baden-Württemberg) und Österreich herzlich gedankt.



## Literatur

- Bishop, S.C., J. K. Lunney, M.-H. P. van der Laan und C.G. Gay. 2011. Report from the Second International Symposium on Animal Genomics for Animal Health: Critical Needs, Challenges and Potential Solutions. BMC Proceedings 2011, 5(Suppl 4):51.
- de Roos A.P.W. 2011. Genomic selection in dairy cattle. Ph.D. thesis, Wageningen University, the Netherlands.
- Egger-Danner, C., H. Schwarzenbacher und A. Willam. 2012. Genotyping of cows to speed up the availability of genomic EBVs for new traits – genetic and economic aspects based on Fleckvieh (Simmental) Austria. 63rd Annual Meeting of the EAAP, Bratislava, 2012.
- Egger-Danner, C. 2012b. Kennzahlenbericht. Projektbericht “ Weiterentwicklungen im Rahmen des TGD-Programmes Gesundheitsmonitoring Rind“. Jänner, 2012. Bundesministerium für Gesundheit, Wien.
- Egger-Danner, C., A. Willam, C. Fuerst, H. Schwarzenbacher und B. Fuerst-Waltl. 2012c. Impact of breeding strategies using genomic information on fitness and health. J. Dairy Sci. (in Druck).
- Egger-Danner, C., B. Fuerst-Waltl, W. Obritzhauser, C. Fuerst, H. Schwarzenbacher, B. Grassauer, M. Mayerhofer und A. Koeck. 2012d. Recording of direct health traits in Austria – Experience report with emphasis on aspects of availability for breeding purposes. J. Dairy Sci. 95:2765–2777.
- Fuerst, C., A. Koeck, C. Egger-Danner und B. Fuerst-Waltl. 2010. Phenotypic and genetic relationships between clinical mastitis and udder conformation traits in Austrian Fleckvieh cattle. Proc. 9th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Leipzig, August, 1 - 6, 2010.
- Fürst-Waltl, B., B. Baumung, C. Fuerst, C., A. Köck, W. Obritzhauser, H. Schwarzenbacher, J. Sölkner, A. Willam, P. Winter, C. Egger-Danner. 2010. Gesundheitsmonitoring Rind: Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale. Abschlussbericht zum Forschungsprojekt 100250 BMLFUW-LE.1.3.2/0043-II/1/2007.
- Geno. 2012. <http://www.genoglobal.no/no/Home/Norwegian-Red-Characteristics/Total-merit-index>.
- Heringstad, B. 2009. Use of health data for dairy cows –Experiences from Norway. Meeting in Freistadt, Austria, December 1, 2009. <http://cgi.zar.at/download/Newsletter/Bjorg.pdf> Accessed November 10, 2011.
- Karras, K., P. Herold, H. Hamann, A. Weidele, A. Valle Zarate. 2011. Genomische Selektion beim Braunvieh: Auswirkungen auf Zuchtfortschritt und Züchtungsgewinn. Züchtungskunde, 83 (4/5): 333-349.
- Koenig, S. und H. Swalve. 2009. Application of selection index calculations to determine selection strategies in genomic breeding programs. J. Dairy Sci. 92:5292-5303.
- Neuner, S. und K.-U. Götz. 2011. Auswirkung der genomischen Selektion auf den Zuchtfortschritt in funktionalen Merkmalen. Züchtungskunde, 83,350-360.
- Odegård, J., G Klemetsdal und B Heringstad. 2003. Genetic improvement of mastitis resistance: validation of somatic cell score and clinical mastitis as selection criteria. J. Dairy Sci. 86,4129-4136.
- Pryce, J.E. und H.D. Daetwyler. 2011. Designing dairy cattle breeding schemes under genomic selection: a review of international research. Animal Production Science , <http://dx.doi.org/10.1071/AN11098>.
- Schaeffer L. R. 2006. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. J. Anim Breed. Genet. 123, 218-223.
- Scheffers, J. M. und K. A. Weigel. 2012. Genomic selection in dairy cattle: Integration of DNA testing into breeding programs. Animal Frontiers, 2012 doi:10.2527/af.2011-0032.
- Schwarzenbacher, H. 2012. Interne Berechnungen.
- Weigel, K.A., P.C. Hoffmann, W. Hering und T.J. Lawlor Jr. 2012. Potential gains in lifetime net merit from genomic testing of cows, heifers, and calves on commercial dairy farms. J. Dairy Sci. 95:2215-2225.
- Willam, A., Egger-Danner, C., Sölkner und J., E. Gierzinger. 2002. Optimization of progeny testing schemes when functional traits play an important role in the total merit index. Livest. Prod. Sci. 77:217-225.
- Willam, A., G. Nitter, H. Bartenschlager, K. Karras, E. Niebel und H.-U. Graser. 2008. ZPLAN - Manual for a PC-Program to Optimize Livestock Selection Schemes. Manual Version 2008 for Source Code “z10.for”.
- ZuchtData. 2010. ZuchtData Jahresbericht, 2010. ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, <http://www.zuchtdata.at/article/archive/25>. Accessed July 30, 2011.