

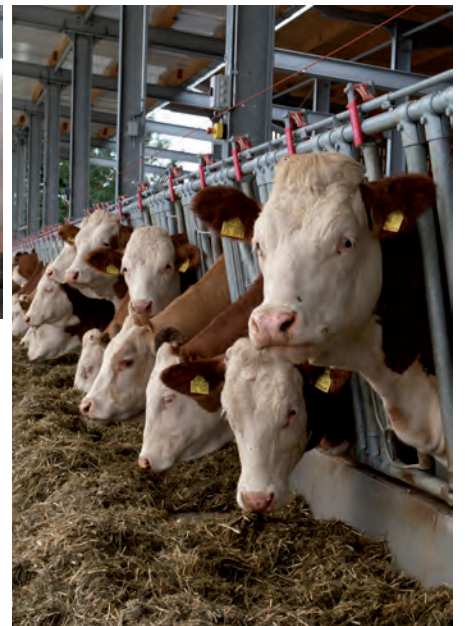


LfL

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft

Tiere züchten – High Tech und Verantwortung

Tierzuchtsymposium 2013



Schriftenreihe

10
2013
ISSN 1611-4159

Impressum

Herausgeber: Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL)
Vöttinger Straße 38, 85354 Freising-Weihenstephan
Internet: www.LfL.bayern.de

Redaktion: Institut für Tierzucht
Prof.-Dürrwaechter-Platz 1, 85586 Poing
E-Mail: Tierzucht@LfL.bayern.de
Telefon: 089 99141-100

1. Auflage: Dezember 2013

Druck: ES-Druck, 85356 Freising-Tüntenhausen

Schutzgebühr: 15,00 Euro

© LfL



**Tiere züchten –
High Tech und Verantwortung
Tierzuchtsymposium 2013**

Tagungsband

Inhaltsverzeichnis

	Seite
95 Jahre staatliche Tierzuchtforschung in Bayern	9
M. Putz	
Globale Tendenzen in der Rinder- und Schweinezucht.....	17
Hermann H. Swalve	
Genomik: „Angewandte Grundlagenforschung“ für eine innovative und nachhaltige Tierzucht.....	33
R. Fries	
Die Frage der Verantwortung bei der Zucht von Milchkühen – eine Notiz zu Hörnings Gutachten über Qualzuchten	39
P. Kunzmann	
Zuchtziele und gesellschaftliche Verantwortung.....	43
Kay-Uwe Götz	
Internationale genomische Zuchtprogramme beim Rind	53
R. Emmerling, C. Edel, K.-U. Götz	
Zucht auf Fitness und Robustheit.....	65
Christa Egger-Danner	
Perspektiven der Genomik in der Schweinezucht.....	79
Jörg Dodenhoff	
Ein Blick in die Datenwelt von Morgen.....	89
Jürgen Duda	

Vorwort

Die Erzeugung von Nahrungsmitteln mit und von Tieren bildet das finanzielle Rückgrat der bayerischen landwirtschaftlichen Betriebe. Bayern hat dabei schon immer ein eigenständiges Profil und besonders erfolgreiche Produkte vorweisen können. Grundlage der tierischen Erzeugung ist die bäuerliche Tierzucht, die sich im Laufe der Jahre zu einem eigenständigen Wirtschaftssektor mit internationalen Verflechtungen entwickelt hat.

Die bayerische Tierzucht hat in der jüngeren Vergangenheit große Erfolge aufzuweisen, sieht sich aber ebenfalls im Strudel der Kritik an modernen Haltungformen, steigenden Leistungsniveaus und hohen Emissionsbelastungen. Im Umgang mit Kritikern gilt es, die vielfältigen, bereits erfolgten Anpassungen offensiv darzustellen, sich Entwicklungen in anderen Ländern anzusehen, daraus zu lernen und die Diskussion mit den relevanten gesellschaftlichen Gruppierungen offen und lernbereit zu führen.

Wir sind der festen Überzeugung, dass moderne Tierzucht und die Berücksichtigung von ethischen Prinzipien und Tierwohlgedanken keine Gegensätze sind. Vielmehr werden wir die Herausforderungen der Zukunft, mit zunehmend komplexeren Zuchtzielen, neuen, schwierig zu erhebenden Merkmalen und einer steigenden züchterischen Verantwortung für das Wohlergehen von Tieren nicht mit den Methoden der Vergangenheit meistern. Der Schlüssel zur Bewältigung der Zukunftsaufgaben liegt in der Verwendung der Ergebnisse automatisierter Datenerhebungen, der Nutzung der so entstandenen Spielräume für die Erhebung zusätzlicher Daten aus dem Bereich Tierwohl und der Umsetzung in genomische Zuchtprogramme, die Leistung, Fitness, Erbfehlerkontrolle und Inzuchtkontrolle in optimaler Weise gewährleisten helfen.

Eine Schlüsselrolle bei diesem Prozess kommt der Forschung auf den Gebieten der Genomik, der Zuchtwertschätzung und der Leistungsprüfung zu. Die Politik wird gefordert sein, die Erfassung der neuen, gesellschaftlich erwünschten Merkmalskomplexe finanziell zu fördern. Dabei muss die Prämisse sein, dass die Förderung neuer Merkmale nicht auf Kosten der alten Merkmale gehen darf, wenn die Wettbewerbsfähigkeit der bayerischen Tierzucht erhalten bleiben soll.

Schließlich müssen wir uns als landwirtschaftliche Erzeuger auch daran gewöhnen, dass wir uns mit den ethischen Aspekten unseres Tuns auseinandersetzen und uns ein ideologisches Gerüst des Handelns schaffen müssen. Dabei dürfen wir nicht stehenbleiben, denn die Werte unserer Gesellschaft befinden sich in einem permanenten Wandel. Probleme entstehen immer dann, wenn der Wertewandel zu spät wahr- bzw. aufgenommen wird und dadurch die Realität der Produktion und die gesellschaftlichen Ansprüche ins Ungleichgewicht geraten.

Mit unserer heutigen Veranstaltung wollen wir Wege in die Zukunft aufzeigen und zwar sowohl im Hinblick auf die züchterischen Möglichkeiten, als auch auf die Auseinandersetzung mit den gesellschaftlichen Erwartungen.

Jakob Opperer

Präsident

95 Jahre staatliche Tierzuchtforschung in Bayern

M. Putz

Bayerisches Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten

Zusammenfassung

Die öffentliche Tierzuchtforschung in Bayern wird im Wesentlichen von drei Institutionen durchgeführt: Dem LfL-Institut für Tierzucht in Grub, dem TUM-Lehrstuhl für Tierzucht in Weihenstephan sowie den LMU-Lehrstühlen für Tierzucht bzw. Molekulare Tierzucht in München. Es wurden neue wissenschaftliche Erkenntnisse gewonnen und unter Berücksichtigung bayerischer Strukturen und Gegebenheiten in die Praxis umgesetzt. Bäuerliche Züchter und bayerische Zuchtorganisationen konnten davon profitieren. Durch das staatliche Engagement war es möglich, neben rein ökonomisch getriebenen Entwicklungen auch gemeinwohlorientierte Aspekte zu berücksichtigen. Dadurch trägt die öffentliche Tierzuchtforschung zu einer besseren gesellschaftlichen Akzeptanz von Tierzucht und Tierhaltung bei.

1 Einleitung

Die Nutztierhaltung hat eine jahrtausendlange Tradition. Die Domestikation von Pferden, Rindern, Schafen, Ziegen und Schweinen war eine für die Menschheit großartige und sehr bedeutende Kulturleistung. Dazu gehört auch die Einflussnahme auf Fortpflanzung und Vermehrung, d. h. die Tierzucht. Eine organisierte Tierzucht gibt es in Bayern erst seit etwa 150 Jahren. Damals wurden z. B. die ersten Zuchtvereine und Bullenhaltungsgenossenschaften gegründet, ab 1892 die heute noch aktiven Zuchtverbände. Gemeinschaftliches Handeln ist für die bäuerliche Tierzucht kennzeichnend, ja systemimmanent. Wohl auch deshalb hat der Staat schon im 19. Jahrhundert Vorschriften z. B. die gemeindliche Vatertierhaltung betreffend erlassen, die dem Schutz und der Förderung der Tierbestände dienen sollten. Die Erkenntnis, dass die Tierzucht ein starker Hebel ist, ließ es geboten erscheinen, züchterische Maßnahmen auf der Basis wissenschaftlich fundierter Fakten durchzuführen. Somit war das Geschäftsfeld der Tierzuchtforschung eröffnet. Tierzuchtforschung musste zwangsläufig von öffentlichen Forschungseinrichtungen betrieben werden, weil weder die kleinbäuerliche Landwirtschaft noch deren Zuchtorganisationen dazu in der Lage waren. Andere hatten daran lange Zeit kein Interesse.

2 Vorbemerkung

Das heutige Symposium ist der Zukunft der Tierzucht in Bayern gewidmet. Da ist es wohl angebracht, zu Beginn zurückzublicken, damit wir uns bewusst machen, wo wir herkommen und wo wir gegenwärtig stehen. Am Beispiel der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft will ich einige historische Aspekte der staatlichen Tierzuchtforschung und

deren Entwicklung in den vergangenen 95 Jahren beleuchten. Ich werde mich dabei – die Fachbegriffe der modernen Genomik gebrauchend – auf einige wenige SNP's beschränken, Ihnen aber nicht das total sequenzierte Genom präsentieren. Insbesondere konzentriere ich mich vor allem auf züchterische Aspekte, wenngleich Tierernährung, Futterwirtschaft und Tierhaltung als gleichberechtigte Disziplinen daneben stehen. Ich werde auch kurz auf weitere Akteure der Tierzuchtforschung eingehen, die die „Tierzuchtforschungslandschaft“ in Bayern mitgestaltet haben.

3 Entwicklung der Forschungseinrichtungen

Auf Veranlassung des seit 1903 amtierenden Landestierzuchtinspektors MR Dr. Hans Attinger wurden die Schwaige Grub und die Schwaige Hergolding 1918 zum Preis von 3,1 Mio. Mark vom Freistaat gekauft. Damit wurde das Ziel verfolgt, die Leistungsfähigkeit der bayerischen Tierzucht durch Schulung, Beratung und über Versuchsanstellungen im notwendigen Maße zu fördern. Nach den erforderlichen Baumaßnahmen wurde 1923 das Institut für praktische Tierzucht eröffnet. Die Leitung wurde Dr. Fritz Stockklausner übertragen. Neben dem Aufgabenschwerpunkt Ausbildung oblag diesem Institut auch die Durchführung wissenschaftlich-praktischer Versuche auf dem Gebiete der Züchtung, Fütterung und Haltung der Haustiere. Das Institut sollte zudem Bindeglied zwischen der Tierzuchtwissenschaft und der praktischen Landwirtschaft werden. Aus der Versuchstätigkeit in den 1920er Jahren will ich einige Beispiele nennen:

- Beeinflussung des Geschlechts durch Regelung des Decktermins bei Kühen.
- Die Phlorizinprobe¹ zum Nachweis der Trächtigkeit bei Kühen.
- Die Verbesserung der Mastleistung beim Schwein durch Verabreichung von Schlafpulver.

Ich will damit keinesfalls die seinerzeitigen Versuchsanstellungen diskreditieren, sondern deutlich machen, dass sich die damaligen Fragestellungen kaum von den heutigen unterscheiden haben, nur die verfolgten Lösungsansätze waren andere. Neben den soeben genannten Beispielen war der allergrößte Teil der von mir nicht genannten damaligen Fragestellungen auch aus heutiger Sicht absolut „vernünftig“ und sinnvoll und meist auch erfolgreich.

Nach der Überführung der beiden Güter in die Dr. Attinger-Stiftung zur Förderung der Tierzucht in Bayern führte die Einrichtung ab 1927 den Namen „Bayerische Landesanstalt für Tierzucht“ (BLT). Nach dem 2. Weltkrieg begann der Ausbau der Landesanstalt zu einer umfassenden Versuchs- und Forschungsanstalt. Maßgeblich waren dafür vor allem Staatsminister Dr. Alois Schlögl und Prof. Dr. Ludwig Dürrwächter. Als Leiter der Landesanstalt fungierte von 1947 bis 1954 Prof. Dr. Zorn. Ihm folgten Prof. Dr. Otto A. Sommer (1954-1959), Prof. Dr. Hermann Bogner (1959-1986), Dr. Paul Hofmann (1986-1989), Dr. Alfons Gottschalk (1989-1997) und Dr. Heinrich Pirkelmann (1997-2002). Im Jahre 2003 wurden die BLT und 6 weitere Landesanstalten zur Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) zusammengeführt. Am Standort Grub wurden drei Institute eingerichtet, u. a. das Institut für Tierzucht, dessen Leitung seither Dr. Kay-Uwe Götz innehat.

¹ Phlorizin ist ein pflanzliches Glycosid aus der Gruppe der Flavonoide; es fand früher als Ersatz von Chinin und in der experimentellen Physiologie Einsatz (<http://de.wikipedia.org/wiki/Phlorizin>).

An der Königlich Thierärztlichen Hochschule München wurde 1891 eine Professur für Geburtshilfe, Tierzucht und Exterieur eingerichtet und mit dem Weihenstephaner Professor Michael Albrecht besetzt. 1919 wurden daraus zwei Institute gebildet, u. a. das Institut für Tierzucht. Auf den Tierzuchtlehrstuhl wurde Ministerialrat Dr. Leonhard Vogel berufen. Ihm folgten mit Prof. Dr. Fritz Stockklausner und Dr. Dr. Wilhelm Niklas (später Bundeslandwirtschaftsminister) weitere Tierärzte aus der Landwirtschaftsverwaltung. Nachfolgende Lehrstuhlinhaber waren Prof. Dr. Wilhelm Zorn (vertretungsweise), Prof. Dr. Walter Koch und Prof. Dr. Heinrich Bauer. 1970 übernahm Ministerialrat Dr. Horst Kräußlich den Lehrstuhl für Tierzucht an der LMU. Er initiierte die Entwicklung biotechnischer Methoden und eröffnete damit neue Forschungsfelder. Mit der Gründung des zusätzlichen Lehrstuhls für Molekulare Tierzucht im Jahre 1987 – zunächst geleitet von Prof. Dr. Dr. Brem, gegenwärtig von Prof. Dr. Eckart Wolf – wurde der Fortentwicklung der Tierzuchtwissenschaft Rechnung getragen.

Auf eine noch längere Geschichte kann der Forschungsstandort Weihenstephan zurückblicken. 1803 richtete Max Schönleutner im ehemaligen Kloster Weihenstephan eine Musterlandwirtschaft samt Schule ein. Sein Auftrag war es, von Weihenstephan aus „wohltätig auf die Landwirtschaft des Vaterlandes einzuwirken“. Der Bauer sollte Kenntnisse in Pflanzenbau und Viehzucht, dazu auch deren wissenschaftliche Grundsätze vermittelt bekommen. Besonders hervorgetan hat sich Weihenstephan in seiner Anfangszeit in der Schafzucht. Davon zeugt noch heute der Schönleutnerhof oder Schafhof. Aber auch eine Seidenraupenzucht wurde zeitweise betrieben, unterstützt – oder evtl. gar getrieben – vom am Münchner Hofe ansässigen Frauenverein zur Förderung der Seidenzucht. Nach gewissen Irrungen und Wirrungen wurde 1853 in Weihenstephan eine Landwirtschaftliche Central-Versuchsstation gegründet und für die Lehre mit 5 hauptamtlichen Professoren ausgestattet. Dennoch „genügt Weihenstephan der wissenschaftlichen Ausbildung der Landwirte nicht“, soll der in München tätige Justus von Liebig gesagt haben. So wurde in München 1872 am Polytechnikum eine eigene landwirtschaftliche Abteilung eingerichtet. Die Weihenstephaner Schule wurde 1895 zur Königlich-Bayerischen Akademie für Landwirtschaft und Brauerei erhoben; 1920 wurde sie zur Hochschule ernannt und mit dem Promotionsrecht ausgestattet. Sogleich entbrannten heftige Rivalitätskämpfe zwischen München und Weihenstephan, was 1930 Regierung und Landtag dazu bewog, die Technische Hochschule München und die Hochschule für Landwirtschaft und Brauerei Weihenstephan zu vereinigen.

Im Bereich der Tierzucht wirkten so namhafte Professoren wie Prof. Dr. Carl Kronacher (ab 1907), Prof. Dr. Joseph Spann (ab 1917), Prof. Dr. Heinz Henseler (ab 1920) in Forschung und Lehre. Der Name Stockklausner taucht in den Annalen mehrfach auf. Er wirkte ab 1923 an der BLT Grub, ab 1936 an der LMU München und ab 1949 an der TU München-Weihenstephan. Ihm folgten in Weihenstephan Prof. Dr. Otto A. Sommer (ab 1959) sowie Prof. Franz Pirchner (ab 1970), dessen lange wissenschaftliche Schaffensphase sich über 25 Jahre von der Ära der Populationsgenetik (Zuchtprogramme, Zuchtwertschätzung) bis zur Bio- und Gentechnologie erstreckte. Während sich Prof. Pirchner mehr auf die biologischen und populationsgenetischen Grundlagen konzentrierte, setzte Prof. Dr. Leo Dempfle als Extraordinarius für biometrische Methoden in der Tierzucht klare Akzente im Hinblick auf Methoden der Zuchtwertschätzung und der Varianzkomponentenschätzung.

Seit 1995 lehrt und forscht nun Prof. Dr. Ruedi Fries als Inhaber der Professur für Tierzucht am Forschungsdepartment Tierwissenschaften am Wissenschaftszentrum Weihenstephan für Ernährung, Landnutzung und Umwelt der Technischen Universität München.

Er hat von Anfang an den Schwerpunkt auf die „angewandte Grundlagenforschung“ für Nutztiere gelegt und führt heute in enger Kooperation mit dem Institut für Tierzucht der LfL Forschungsarbeiten mit den modernsten Methoden durch.

Viele Mitarbeiter der früheren BLT und des heutigen ITZ stammen aus der Weihenstephaner Schule. Daneben hat die BLT aber auch immer für „Blutaufrischung“ gesorgt. Viele Jahre lang prägte Dr. Gottfried Averdunk die populationsgenetische fachliche Ausrichtung der bayerischen Zuchtorganisationen und auch seine Nachfolger stammen von der Universität Göttingen.

Das Institut für Tierzucht der LfL ist mit den genannten Partnern sowie mit der Hochschule Weihenstephan-Triesdorf eng vernetzt, viele Forschungsprojekte werden gemeinsam durchgeführt. Die Zusammenarbeit ist im Kooperationsvertrag aus dem Jahr 2011 vertraglich vereinbart, der Informationsaustausch ist formalisiert und institutionalisiert.

Eine nicht unbedeutende Rolle spielt seit 1947 auch der Tierzuchtforschung e. V. München, der mit privaten Mitteln Tierzuchtforschungsprojekte finanziert und zu diesem Zweck das Blutgruppeninstitut gegründet und lange Zeit betrieben hat. Seit Anfang der 1990er Jahre führt dessen Tochterunternehmen GeneControl GmbH Forschungsprojekte durch und bietet Dienstleistungen im Bereich der Genomforschung an.

4 Rückblick auf wichtige Forschungsinhalte

Staatliche Tierzuchtforschung – und hier insbesondere die von der Landesanstalt betriebene angewandte Forschung – war im Wesentlichen Begleitforschung, die sich der Umsetzung neuer Erkenntnisse und Technologien in den landwirtschaftlichen Betrieben widmete. Neben der aktiven Rolle beim Wissenstransfer ging es meist darum, die Errungenschaften der Grundlagenforschung an die bayerischen Strukturen und Umstände anzupassen bzw. deren Tauglichkeit unter bayerischen Verhältnissen überhaupt erst zu prüfen.

Bedeutsame Forschungsthemen im Betrachtungszeitraum waren z. B.:

- Leistungsprüfung beim Schwein
- Künstliche Besamung
- Einrichtung von Erbwertprüfstellen
- Hornloszucht beim Fleckvieh (Mutterkuhhaltung)
- Entwicklung der hierarchischen Datenbank für Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung beim Schwein
- Anomalienindex zur Bekämpfung von Erbfehlern beim Schwein
- Entwicklung linearer Exterieurbeschreibungssysteme
- Zuchtwertschätzung für Zellzahl
- Zuchtwertschätzung mit dem Tiermodell bei Rind und Schwein
- Entwicklung der relationalen Datenbank für Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung beim Schwein
- Stresssanierung beim Schwein

In den 1970er und 80er Jahren war die Züchtung auf Fleischfülle beim Schwein, insbesondere bei der Rasse Pietrain, außerordentlich erfolgreich. Als „Kollateralschaden“ waren aber Einbußen bei der Fleischqualität zu verzeichnen. Die Verbraucher klagten zunehmend über blasses, weiches, wässriges Fleisch (PSE = pale, soft, exudative). Zunächst herrschte bei den Züchtern Unverständnis, weil die Verbraucher ja vehement mageres

Fleisch gefordert und bekommen hatten und weder die Züchter, noch die Verbraucher wollten zurück zum Fettschwein. Schließlich konnte die Wissenschaft Auswege aufzeigen. Sie konnte die genetische Ursache lokalisieren, sie entwickelte Methoden zur Bestimmung des Genotyps von Zuchttieren – zuerst den Halothantest, später dann den MHS-Genest. Somit war eine wirksame Selektion gegen das Stressgen möglich, ohne die Fleischfülle (wesentlich) zu beeinträchtigen. Nebenbei bemerkt: Die bayerische Schweinezucht hat diese Möglichkeiten sehr schnell und konsequent genutzt und erreichte dadurch eine Spitzenposition in der Pietrainzucht in Europa. Vielleicht sollte uns das zu denken geben, wenn wir uns angesichts der Gesellschaftskritik an der heutigen Nutztierhaltung oder an „Exzessen“ der Leistungszucht mit Kurskorrekturen so schwer tun und eher die Risiken als die Chancen neuer Wege im Auge haben.

Weitere Forschungsthemen:

- Hornloszucht beim Fleckvieh (Milchkuhhaltung)
- Entwicklung der Zuchtwertschätzung für Kalbeverlauf und Totgeburten, Exterieur, Fleisch, Fruchtbarkeit, Nutzungsdauer
- Zuchtwertschätzung mit dem Random-Regression-Testtagsmodell mit Herdenvarianzkorrektur
- Aufbau arbeitsteiliger länderübergreifender Zuchtwertschätzverfahren beim Rind
- Zucht auf Fleischqualität beim Schwein
- Einführung der genomischen Selektion beim Rind
- Einführung einer genomischen Formel gegen Ebergeruch

Mitte der neunziger Jahre war die Hornloszucht beim Fleckvieh der Nutzungsrichtung Fleisch zwar fest etabliert, aber in der Doppelnutzung erschien die Situation aussichtslos, weil die Milchleistung der hornlosen Kühe deutlich hinter derjenigen der gehörnten lag. Durch die konsequente Anwendung populationsgenetischer Prinzipien gelang es Ewald Rosenberger und Bernhard Luntz innerhalb weniger Generationen in der Gruber Herde einen Gleichstand der natürlich hornlosen und der gehörnten Tiere herzustellen. Heute nimmt das Angebot guter hornloser Bullen dank genomischer Selektion zügig zu.

Schon 1993 wurde mit der Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Kalbeverlauf und Totgeburten begonnen, später gefolgt von Exterieur, Fruchtbarkeit und Nutzungsdauer. Man sieht somit, dass auch vor 20 Jahren schon Aspekte des Tierwohls Eingang in die Zuchtwertschätzung und später auch in den Gesamtzuchtwert fanden.

Zur Jahrtausendwende wurde die arbeitsteilige Zusammenarbeit Bayerns und Baden-Württembergs in der Zuchtwertschätzung beim Rind auf Österreich ausgeweitet. Dies ermöglichte trotz knapper Personalausstattung die Einführung der Zuchtwertschätzung für Milchleistung mit dem Random Regression Testtagsmodell und die züchterische Bearbeitung von Persistenz, Zellzahl und Nutzungsdauer.

Eine „epochale Neuerung“, deren langfristige Auswirkungen wir heute noch nicht vollständig abschätzen können, war die Einführung der genomischen Selektion im Jahr 2011. Nunmehr ist es möglich, in Rinderzuchtprogrammen eine Selektion auch ohne vorherige Nachkommenprüfung durchzuführen. Dies hat sehr schnell deutliche Auswirkungen auf die Bullenpreise, aber auch auf die Zahl gehaltener Besamungsbullen gezeigt. Gleichzeitig haben uns die neuen Methoden vor Augen geführt, dass das Management von Erbfehlern eine Herausforderung für die Rinderzucht im 21. Jahrhundert darstellt. Beim Schwein sind die genomischen Methoden ebenfalls in der Entwicklung und zeigen mit der bundesweit ersten genomischen Zuchtwertschätzung gegen Ebergeruch, wohin die Reise geht.

5 Brauchen wir in Zukunft noch eine staatliche Tierzuchtforschung?

Die Forschungsfreiheit ist ein hohes Gut und daher zu Recht im deutschen Grundgesetz verankert. Aber nicht alles, was die Wissenschaft ermöglicht, soll tatsächlich umgesetzt werden. Eines muss aber unbedingt gemacht werden, nämlich die Folgen der Anwendung neuer Techniken zu prüfen und abzuschätzen, aber auch die Folgen der Nichtanwendung. Die Technikfolgenabschätzung geht weit über die Grenzen der Fachdisziplin hinaus und hat insbesondere ethische Aspekte zu betrachten und bei der Bewertung zu berücksichtigen. Hier bewegt sie sich sehr nahe an der Schnittstelle zur Politik. Gesellschaftliche Akzeptanz ist in gewisser Weise Ausdruck einer kollektiven moralischen Bewertung. Dadurch werden wissenschaftlichen Errungenschaften bisweilen Grenzen gesetzt, die der Gesetzgeber zunächst nicht vorgesehen hatte bzw. wozu er erst die erforderlichen Instrumente entwickeln muss.

Als erstes Beispiel nenne ich den Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen (z. B. MON 810). Unbestreitbar handelt es sich dabei um eine mittlerweile gut funktionierende Technologie, die in anderen Teilen der Welt – auch in verschiedenen EU-Mitgliedstaaten – in größerem Umfang praktiziert wird. In Deutschland aber sind die Vorbehalte derart groß und breit, dass die Landwirte weitestgehend freiwillig auf den Anbau verzichtet haben bzw. die Bundesregierung – mit der Begründung der Umweltgefährdung – den Anbau verboten hat.

Ein zweites Beispiel ist die Klonierung. Vielfach haben Wissenschaftler – auch in Bayern – gezeigt, dass die Klonierung von Nutztieren möglich ist. Dennoch wird diese Technik bei uns in Deutschland von der Bevölkerung massiv abgelehnt. Bislang wurden die relevanten Aspekte des Klonens anhand des geltenden EU-Rechtsrahmens beleuchtet. Es liegen keine wissenschaftlichen Erkenntnisse vor, die Bedenken hinsichtlich der Sicherheit von Lebensmitteln rechtfertigen, die von geklonten Tieren oder ihren Nachkommen stammen. Die im Zusammenhang mit dem Klonen auftretenden Tierschutzprobleme werden anerkannt und die mit dem Klonen zusammenhängenden ethischen Aspekte geprüft. Die Rechtsetzung dazu ist noch nicht abgeschlossen.

Große Vorbehalte hat unsere Gesellschaft auch gegen Patente auf Pflanzen und Tiere. Die bayerische und deutsche Politik ist bestrebt, der Bio-Patentierung engere Grenzen zu setzen. Dies ist für die bäuerliche Tierzucht von großer Bedeutung, weil sie sonst zunehmend global agierenden Konzernen ausgeliefert würde. Wertvolle flankierende Hilfe kann die staatliche Forschung leisten, indem sie fleißig forscht und ihre Ergebnisse veröffentlicht und somit einem Patentschutz den Boden entzieht.

Die Landesanstalt ist gemäß dem Bayerischen Tierzuchtgesetz mit der Durchführung der Zuchtwertschätzung beauftragt. Damit ist sie auch verpflichtet, dafür die erforderliche Methodenkompetenz vorzuhalten. Wie in allen anderen Wirtschaftsbereichen auch, ist die Methodik aber einem ständigen Wandel unterworfen, sei es weil neue technologische Möglichkeiten verfügbar werden (z. B. Rechnerleistung, DNA-Typisierung, statistische Methoden) oder die strukturellen Verhältnisse sich ändern (z. B. Vergleichstiere, Populationsgröße) oder neue Merkmale (z. B. Gesundheit, Ebergeruch) berücksichtigt werden müssen. Die Methoden für die Zuchtwertschätzung müssen also stetig weiterentwickelt werden. Im Interesse des Zuchtfortschritts in den bayerischen Betrieben und damit im Interesse ihrer Wettbewerbsfähigkeit sollte dies mindestens so schnell gehen wie in Regio-

nen, mit denen die bayerischen Landwirte im Wettbewerb stehen. In dieser Hinsicht kann ich der Landesanstalt ein glänzendes Zeugnis ausstellen. In der Kombination Schnelligkeit und Gründlichkeit gibt es ganz wenige, die so gut sind wie Grub. Und ich versichere Ihnen: kein zugekauftes Modell und kein anderer Dienstleister würde die spezifisch bayerischen Belange berücksichtigen.

Einem allgemeinen Trend folgend wurden auch im Bereich der Tierzucht viele einstmals staatliche Aufgaben privatisiert. Zudem fand auch eine weitgehende Deregulierung im Tierzuchtrecht statt. Bayern marschiert in dieser Hinsicht nicht an der Spitze – und das ist gut so! Denn in Folge von Privatisierung, Deregulierung und Abbau von Fördermitteln ist es für die Exekutive viel schwieriger geworden, öffentliche und gesellschaftliche Interessen wirksam einzubringen. Die Entwicklungen in der Geflügelzucht, die sowohl den staatlichen Institutionen als auch der Landwirtschaft völlig entglitten ist, sind hierfür ein beredtes Beispiel. Vergleichbare Entwicklungen deuten sich in der Schweinezucht an. Durch den Rückzug des Staates aus Leistungsprüfung und Zuchtleitung gibt es in vielen Bundesländern mittlerweile keine bäuerliche Schweinezucht mehr.

Auch in der Rinderzucht ist in einigen Regionen zu beobachten, dass Zucht dahingehend verstanden wird, die Vermarktungsmöglichkeiten für Zuchtvieh und Samen auf dem Weltmarkt zu optimieren. Die Interessen der heimischen Bauern und der Gesellschaft werden nur noch nachrangig verfolgt.

6 Bayern geht einen anderen Weg!

- Wir unterstützen bäuerliche Organisationen mit international wettbewerbsfähiger Forschung.
- Wir geben den Bauern Sicherheit durch neutrale Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung auf der Basis der von ihnen gesetzten Zuchtziele.
- Wir berücksichtigen Tierwohl und Nachhaltigkeit in Forschungsprojekten wie z. B. ProGesund, KuhWohl, OptiKuh.
- Wir entwickeln Konzepte zum verantwortungsvollen Umgang mit Erbfehlern und unterstützen die Hornloszucht.
- Wir sind überzeugt, dass wir damit zu einem besseren Verständnis zwischen Landwirtschaft und Gesellschaft beitragen.

7 Literaturverzeichnis

- [1] Albrecht, S. (2006): Prof. Dr. Hans Jöchle – Ein Leben für den Hufbeschlag. Diss. TiHo Hannover
- [2] FU Berlin. Carl Kronacher. <http://library.vetmed.fu-berlin.de/vetbiogramm/513.html> (Zugriff 30.10.2013)
- [3] Gottschalk, A. (1993): Grub 1918-1993 – 75 Jahre im Dienste der Förderung der tierischen Erzeugung in Bayern. Hrsg.: Bayerische Landesanstalt für Tierzucht, Grub
- [4] Graf, F. (1991): Entwicklung und gegenwärtiger Stand des Lehrstuhls für Tierzucht. In: Brem, G. (Hrsg.): Fortschritte in der Tierzüchtung. Ulmer, Stuttgart
- [5] N.N. (1968): Technische Hochschule München 1868 - 1968. Oldenbourg, München
- [6] N.N. (1991): Weihenstephan – Forschen für den Erhalt der natürlichen Lebensgrundlagen. Frisinga, Freising

Globale Tendenzen in der Rinder- und Schweinezucht

Hermann H. Swalve

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg,
Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften

Zusammenfassung

Sowohl in der Erzeugung von Schweinefleisch, als auch von Milch und Rindfleisch gehört Deutschland zu den führenden Ländern der Welt. Diese Stellung führt damit gleichzeitig dazu, dass deutsche Zuchtorganisationen einerseits auch global vermarkten, gleichzeitig im eigenen Land aber unter hohem Konkurrenzdruck stehen. Während in der Rinder- und Schweinezucht in der Vergangenheit große Verbesserungen auf dem Gebiet der Produktionsmerkmale, und teilweise auch auf den Gebieten der Produktqualitätsmerkmale, sowie im Bereich der funktionalen Merkmale gemacht wurden, zeigen sich global neue Trends. Diese betreffen das Tierwohl (insbesondere Gesundheitsmerkmale), die Effizienz der Produktion und die Vermeidung von Umwelteinträgen. Für die züchterische Bearbeitung der Effizienz der Produktion kann die Restfutteraufnahme herangezogen werden, welche grob als um den Bedarf für die Produkterzeugung korrigierte Futteraufnahme definiert werden kann. Neue Themenfelder verlangen nach neuen Leistungsprüfungen, welche nicht unbedingt in der Fläche stattfinden müssen, aber geplant in der Kopplung mit Genotypisierungen eine ausreichende Größe haben sollten. Organisatorisch werden diese Aufgaben nur von sehr großen Zuchtunternehmen zu bewältigen sein, weshalb weitere Kooperationen und Fusionen von Zuchtorganisationen wahrscheinlich werden.

1 Einleitung

Deutschland ist trotz seiner im globalen Vergleich sehr geringen Staatsfläche eines der wichtigsten Länder hinsichtlich der Erzeugung von Produkten mit landwirtschaftlichen Nutztieren. Deutschland belegt in der Produktion von Schweinefleisch weltweit den dritten Platz und in der Kuhmilcherzeugung den sechsten Platz [1]. Selbst in der Produktion von Rindfleisch belegt Deutschland immerhin noch den neunten Platz der Welt. Hinsichtlich der Erzeugung von Kuhmilch und Schweinefleisch zeigt ein Vergleich mit den USA, dass die deutsche Produktion jeweils ca. die Hälfte der US-amerikanischen ausmacht. Auch innerhalb der Europäischen Union nimmt Deutschland in der Tierproduktion eine dominierende Stellung ein, bei Schweinefleisch und Kuhmilch den ersten Platz, beim Rindfleisch den zweiten Platz hinter Frankreich. Durch diese starke Marktposition ist Deutschland jeweils auch nicht unerheblich am Welthandel mit tierischen Erzeugnissen beteiligt und konsequenterweise sowohl ein starker Exporteur von Zuchtprodukten als auch ein umkämpfter Markt für Zuchtvieh und insbesondere Rindersperma. Die Einbindung in den Weltmarkt für Tiergenetik ist mithin besonders hoch. Summarisch kann ge-

sagt werden, dass sich Deutschland beim Milch- und Zweinutzungsrind bislang auf den Märkten für Zuchtprodukte gut bis ausgezeichnet behauptet. Im Bereich Schwein sind deutsche Zuchtprodukte in den vergangenen 10 bis 20 Jahren aber immer weiter durch die Konkurrenz, insbesondere aus den Niederlanden und Dänemark, unter Druck gekommen. Beide genannten Länder sind klassische Exportländer für tierische Produkte mit einem jeweils x-fach überzeichneten Selbstversorgungsgrad, so dass es nicht Wunder nimmt, dass auch ihre Zuchtprodukte stark exportorientiert vermarktet werden.

Aufgrund der engen Einbindung Deutschlands in die weltweite Konkurrenz für Zuchtprodukte ist es Ziel des vorliegenden Beitrags, Trends bei Zuchtzielen und methodischen Ansätzen der Tierzucht für Rinder (Milch- und Zweinutzungsrinder) und Schweine zu diskutieren, sowie einen Ausblick in zukünftige Anforderungen auf diesen Gebieten zu geben. Hierbei ist festzuhalten, dass über vergangene, derzeitige und zukünftige Aktivitäten von Rinderzuchtorganisationen eine Fülle von Daten und Informationen vorliegen, wie sie z.B. auch durch die Interbull [2] gesammelt und zur Verfügung gestellt werden. In der Schweinezucht ist die Situation hingegen anders, weil privatwirtschaftliche, aber auch genossenschaftliche Organisationen ihre Zuchtaktivitäten nur teilweise offenlegen, da sie oftmals auch nicht einzelnen Regionen, bzw. den landwirtschaftlichen Betrieben in diesen Regionen, verpflichtet sind, sondern lediglich ein Anbieter-Kunden-Verhältnis pflegen.

2 Entwicklung der Zuchtziele und genetische Trends

2.1 Rind

Abbildungen 1 und 2 zeigen die derzeitigen Zuchtziele bei den beiden wichtigsten deutschen Milch- und Zweinutzungsrinderrassen Fleckvieh und Holstein. Beiden Zuchtzielen ist gemeinsam, dass die Gewichtung der Funktionalität bzw. Fitness mit 43,6 bzw. 55 % etwa gleich hoch ist, wobei berücksichtigt werden muss, dass der Leistungsteil beim Fleckvieh in Milch- und Fleischleistung aufgeteilt werden muss.

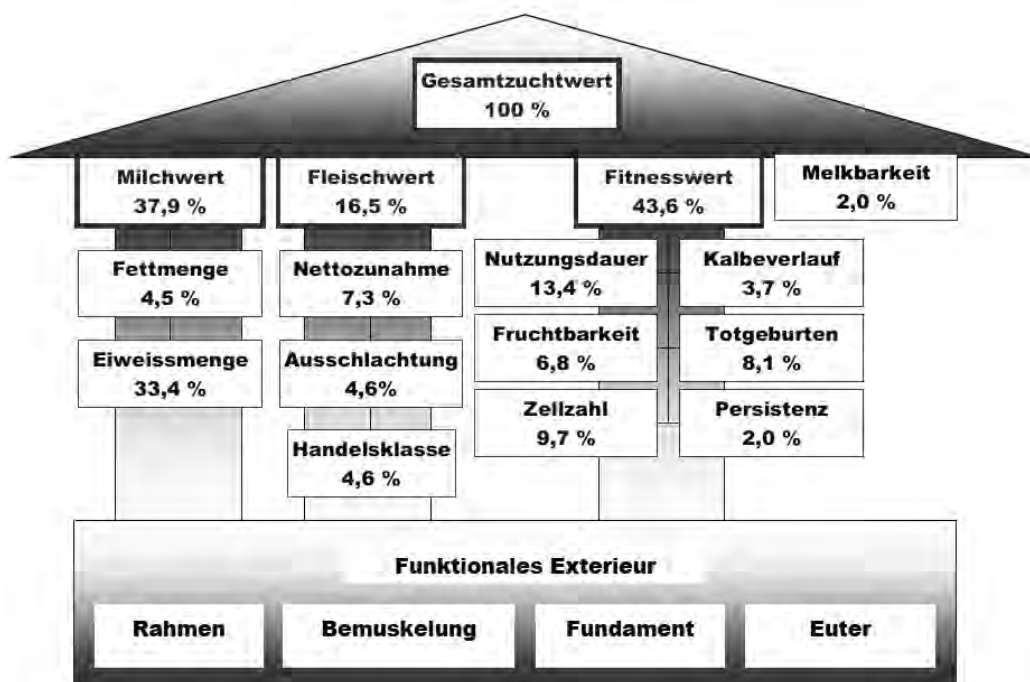


Abb. 1: Das Zuchtziel (ökonomischer Gesamtzuchtwert) beim Fleckvieh [3]



Wobei:

RZM = Relativzuchtwert Milch

RZN = Relativzuchtwert Nutzungsdauer

RZS = Relativzuchtwert Zellzahl

RZR = Relativzuchtwert Reproduktion

FUN = Fundamentsmerkmale

EUT = Eutermerkmale

KV = Kalbeverlauf

Abb. 2: Das Zuchtziel (Gesamtzuchtwert RZG) beim Holstein-Rind [4]

Für die Rasse Holstein kann auch ein internationaler Vergleich gezogen werden, da Holsteins in eigentlich allen für die Milchproduktion wichtigen Ländern gehalten werden. Eine tabellarische bzw. grafische Darstellung erübrigt sich allerdings mittlerweile, da eigentlich alle wichtigen Länder der Holstein-Zucht ein Gewicht von ca. 30 – 50 % auf die Produktionsmerkmale legen, die Nutzungsdauer wird mit ca. 20 bis 30 % gewichtet, das Exterieur mit ca. 20 % und auch der Komplex Fruchtbarkeit erhält ein Gewicht von ca. 10 bis 20 %. Der jeweilige Rest wird auf die übrigen Merkmale verteilt. Eine Ausnahme bildet lediglich Neuseeland, welches nach wie vor einen Leistungsanteil von über 60 % aufweist und das Kuhgewicht in limitierender Weise berücksichtigt. Diese veränderte Gewichtung ist dem neuseeländischen Produktionssystem geschuldet, in welchem die Flächenleistung und nicht die Leistung je Kuh maximiert wird. In den skandinavischen Ländern, und teilweise auch in den Niederlanden gibt es weitere Zuchtwertschätzungen, z.B. für die Klauengesundheit, die für züchterische Entscheidungen zu Verfügung stehen. Als weiterer Trend kann beobachtet werden, dass zunehmend versucht wird, Lernstichproben für die genomische Zuchtwertschätzung nicht nur aus Bullen mit den herkömmlich verfügbaren Merkmalen bestehen zu lassen, sondern daneben auch Lernstichproben einzurichten, welche aus weiblichen Tieren aufgebaut sind, an denen zusätzliche Phänotypwerte erhoben wurden.

Tatsächlich erreichte züchterische Fortschritte lassen sich als so genannter genetischer Trend, berechnet als mittlere Zuchtwerte je Geburtsjahr, messen. In der üblichen Darstellung werden dabei grafisch auf der X-Achse die Geburtsjahre und auf der Y-Achse die mittleren Zuchtwerte im jeweiligen Merkmal dargestellt. Es ist aber natürlich auch möglich, die mittleren Zuchtwerte für zwei Merkmale gleichzeitig gegeneinander darzustellen und zusätzlich die jeweiligen Geburtsjahre zu bezeichnen. Dies ist in Abb. 3 für die Rasse Holstein in Deutschland und für die Merkmale Milch (RZM) und Nutzungsdauer (RZN) exemplarisch dargestellt. Aus Abb. 3 wird ersichtlich, dass der tatsächlich erzielte Zuchtfortschritt in den Geburtsjahren 1990 bis 2001 zunächst vornehmlich die Milchleistung betraf. Durch die Einführung bzw. die danach noch erfolgten Umstellungen des Relativzuchtwertes Gesamt (RZG) wurden aber ab dem Geburtsjahr 2002 deutliche Zuchtfortschritte im Merkmal Nutzungsdauer erzielt. Der weitere Trend (Geburtsjahre 2002 bis 2007) folgt der als Pfeil angezeigten Linie eines vollständig balancierten Zuchtfortschritts mit einer Verbesserung von ca. 1,3 (RZN) bzw. 1,0 (RZM) Punkten je Jahr in beiden

Merkmale. Dieses Ergebnis mag überraschen, da das Gewicht des RZN im RZG, verglichen mit dem Gewicht für die Milchleistung, nur weniger als die Hälfte beträgt. Es ist aber offensichtlich der Tatsache geschuldet, dass in den tatsächlichen Selektionsentscheidungen bei der Auswahl von Bullenmüttern und -väter eine Reihe von Kriterien neben dem RZG berücksichtigt werden, welche indirekt ein starkes Gewicht auf die Nutzungsdauer legen.

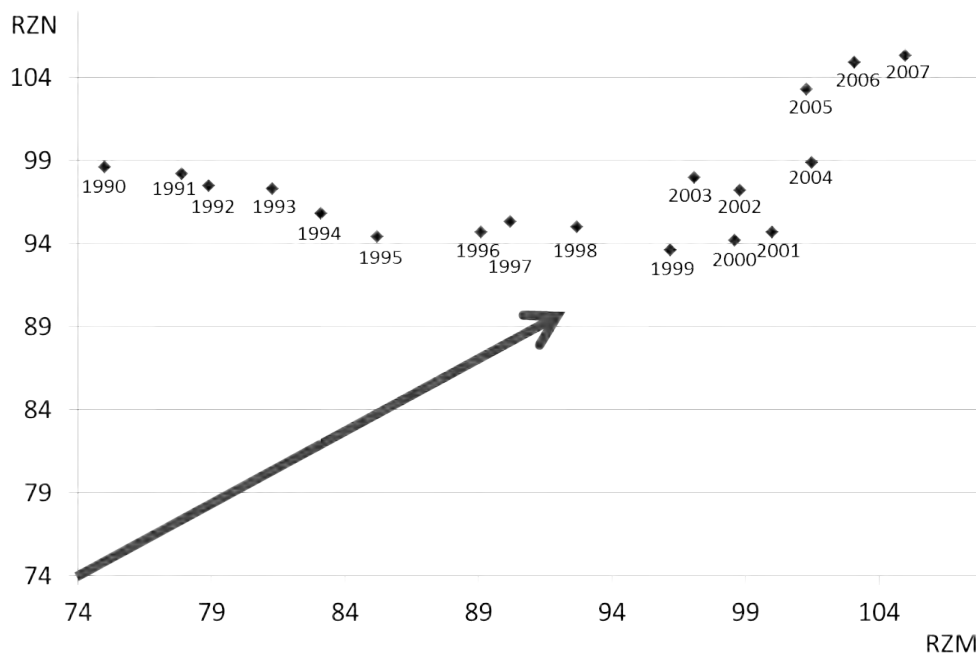


Abb. 3: Mittlere Zuchtwerte für Milch (RZM) und Nutzungsdauer (RZN) für Bullen der Rasse Holstein in Deutschland (nur Bullen in deutschem Besitz) der Jahrgänge 1990 bis 2007 (töchtergeprüfte Bullen). Je Datenpunkt ca. 600 bis 1000 Beobachtungen
(Quelle: Eigene Untersuchungen an Zuchtwerten 08/2013)

2.2 Schwein

Die züchterische Arbeit beim Schwein ist dadurch gekennzeichnet, dass zwei sehr unterschiedliche Ebenen züchterisch „bedient“ werden müssen, die Ebene der Erzeugung von Schweinefleisch, auf der Merkmale der Mast- und Schlachtleistung im Vordergrund stehen, und die Ebene der Erzeugung von Ferkeln, auf der Merkmale der Fruchtbarkeit und des Überlebens (Ferkel, Sauen) dominieren. Merks et al. [5] legen dar, dass bis zum Beginn der 90er Jahre vornehmlich die Merkmale der Mast- und insbesondere der Schlachtleistung züchterisch verbessert wurden, während seit den 90er Jahren auch die Reproduktion (Zahl der Ferkel) deutlich verbessert wurde. Diese grundlegenden Trends werden auch von Götz [6] herausgestellt. Innerhalb der Merkmale der Fleischleistung kamen seit den 80er Jahren substantielle Verbesserungen im Bereich der Fleischqualität hinzu, die wesentlich auch der Umzüchtung der Vaterrassen, vornehmlich der Rasse Pietrain, bezüglich der Ausmerzung des MHS-Schadallels geschuldet sind. Während noch 1990 Tiere der Rasse Pietrain in den Nachkommen- und Geschwisterprüfungen in Deutschland völlig un-

befriedigende Fleischqualitätswerte aufwiesen, ist die Umzüchtung der Rasse hin zu einem Schwein mit durchaus ansprechender Fleischqualität heute als gelungen zu bezeichnen.

Hinsichtlich der Merkmale der Schlachtleistung geht es heute nicht mehr um eine immer weiter steigende Erhöhung des Fleischanteils, sondern um eine Ausprägung einzelner Teilstücke des Schlachtkörpers, welche die Bezahlung nach teilstückorientierten Preismasken optimiert. Insgesamt ergibt sich dadurch, dass die Merkmale der Mastleistung (vornehmlich Zunahmen und Futterverwertung), sowie die Fruchtbarkeit wieder in den Fokus gerückt sind. Hinzu gekommen ist die Ausgeglichenheit, welche schon bei den Ferkeln eines Wurfes als Kriterium für das Überleben der Ferkel wichtig geworden ist und später als Ausgeglichenheit der Schlachtkörper bei der Bezahlung der Schlachtschweine in den Vordergrund tritt [5].

Im Gegensatz zum Milch- und Zweinutzungsrind, für das Daten zu genetischen Trends nahezu flächendeckend verfügbar sind, ist die Datenverfügbarkeit beim Schwein meist regional eingegrenzt bzw. beschränkt auf die Zuchtorganisation. Hinzu kommt, dass erzielte Zuchtfortschritte bei nicht genossenschaftlichen Zuchtorganisationen auch kaum für Merkmale publiziert werden, welche einen unterdurchschnittlichen Erfolg der züchterischen Arbeit gezeigt haben. Die Abbildungen 4 und 5 geben zwei Beispiele für genetische Trends aus völlig unterschiedlichen Populationen und für unterschiedliche Merkmale. Abb. 4 zeigt den genetischen Trend in der Fleischqualität bei der Rasse Pietrain in Bayern und belegt damit die schon erwähnte erfolgreiche Umzüchtung dieser Rasse.

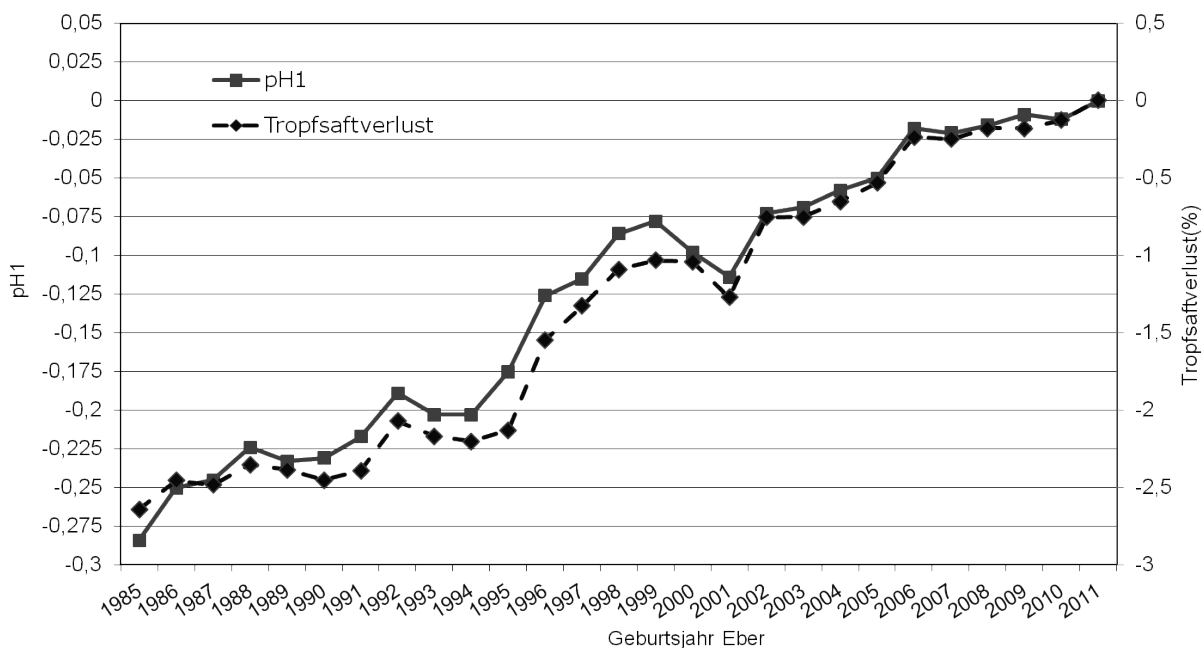


Abb. 4: Genetischer Trend in den Merkmalen pH1 und Tropfsaftverlust bei der Rasse Pietrain in Bayern [7] (positive Werte sind züchterisch erwünscht)

Abb. 5 demonstriert, dass es möglich ist, gleichzeitig sowohl die Zahl der geborenen Ferkel zu steigern, als auch die Mortalität der Ferkel zu senken. Für das niederländische TOPIGS-Zuchtprogramm wurde dies von Merks et al. [5] dokumentiert.

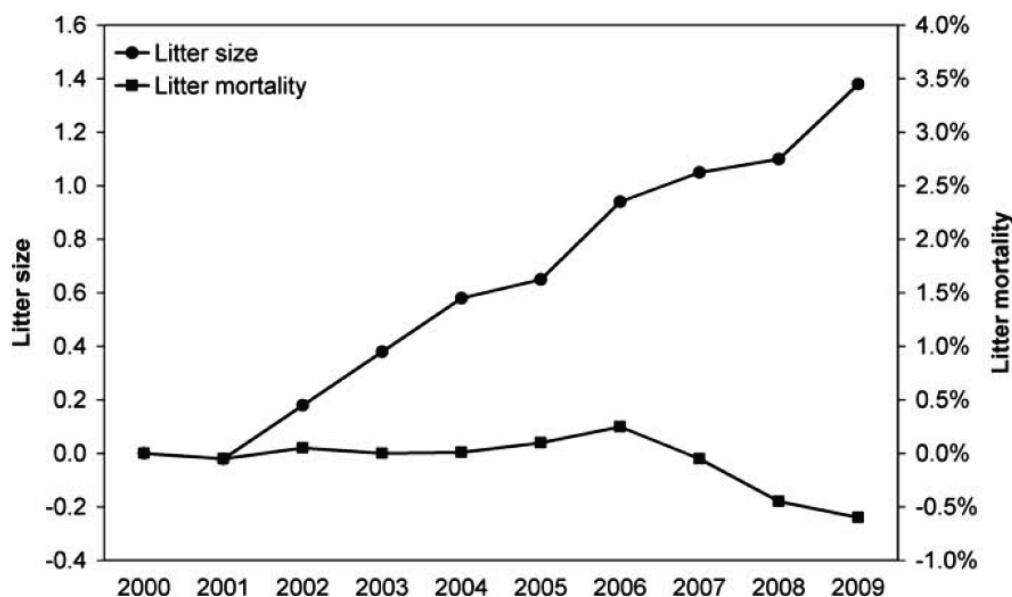


Abb. 5: Genetischer Fortschritt in Ferkelzahl und Ferkelmortalität im TOPIGS-Zuchtprogramm [5]

3 Derzeitige und zukünftige Aufgaben

In der neueren Literatur zur Ausrichtung der Zucht bei Rindern [8,9] und Schweinen sowie Geflügel [10] werden als züchterisch bedeutsame Merkmalskomplexe grundsätzlich die folgenden Komponenten genannt:

- Produktionsmerkmale (incl. Reproduktion)
- Tierwohl (incl. Gesundheit, Adaptationsfähigkeit, Tierverhalten)
- Futtereffizienz
- Reduktion der Umwelteinträge

Bislang sind in Zuchtprogrammen für Rinder und Schweine vornehmlich die Produktionsmerkmale und aus dem Komplex „Tierwohl“ insbesondere die Teilkomponenten „Gesundheit“, und „Fitness“ verankert. Bei Schwein (und Geflügel) hat auch bislang schon die Futtereffizienz in der Form der Futterverwertung einen hohen Stellenwert. Die Ausweitung der Zuchtziele auf weitere Komponenten des Tierwohls und des Tierverhaltens, sowie auf die Komplexe Futtereffizienz (auch beim Rind) und Reduktion der Umwelteinträge sind aber keineswegs lediglich im Interesse der Tierhalter, sondern stellen auch Anforderungen der Gesellschaft dar (vgl. Vortrag Götz, dieses Symposium).

3.1 Rind Gesundheitsmerkmale

Sowohl in Süddeutschland als auch in Norddeutschland gibt es mittlerweile eine Reihe von Projekten und auch Routineerfassungen von Daten zur Gesundheit von Kühen, wobei

die Gesundheit als Abwesenheit von Krankheiten interpretiert wird, d.h. Daten zu Diagnosen bzw. Behandlungen im Krankheitsfall gesammelt werden. Grundsätzlich sollten zwei Arten der Datensammlung unterschieden werden: Erstens die Sammlung von Diagnosen und Behandlungen bei den entdeckten Krankheitsfällen und zweitens die Befundung vollständiger Kohorten, z.B. der gesamten Herde, wobei für jedes Tier eine Beobachtung verzeichnet wird, so dass schließlich direkt erkannt gesunde Tiere gegenüber erkrankten Tieren in einer Kohorte verglichen werden können. Ein Beispiel sind Befundungen zur Gesundheit der Klaue beim Pflegeschnitt der ganzen Herde.

In der eigenen Arbeitsgruppe bestehen langjährige Erfahrungen aus Projekten beiderlei Art. Zwei wichtige Dinge unterscheiden „Gesundheitsdaten“ von herkömmlichen Daten der Leistungsprüfung (z.B. Milchmerkmale). Ganz grundsätzlich sind die Daten zu Erkrankungen im Vergleich der datenliefernden Betriebe nicht immer auch gleich informativ. Wenn eine bestimmte Krankheit betrachtet wird, so sind genau diejenigen Daten aus Betrieben, die kaum oder gar nicht von dieser Krankheit betroffen sind, aber auch diejenigen Daten, welche aus Betrieben stammen, die vollständig von dieser Krankheit „durchseucht“ sind, kaum informativ, da die Schätzung genetisch-bedingter Unterschiede zwischen Tieren aus der Ähnlichkeit verwandter Tiere einfach nicht mehr möglich ist. Weiter ist auch zu beachten, dass die Gefahr, starke Effekte einer Genotyp-Umwelt-Interaktion zu beobachten in Gesundheitsdaten weit höher ist als bei herkömmlichen Produktionsmerkmalen.

Im Einzelnen erstreckten sich die in der eigenen Arbeitsgruppe durchgeführten Projekte auf drei wesentliche Komplexe der Gesundheit der Milchkuh.

- Klauengesundheit basierend auf Erfassungen beim Klauenschnitt [11,12,13,14]. Wesentliche Ergebnisse sind a) die Erbllichkeit der Anfälligkeit gegenüber Klauenerkrankungen ist ausreichend hoch für eine züchterische Bearbeitung, b) die genetischen Korrelationen der Klauenerkrankungen untereinander und zu den Merkmalen des Exterieurs sind bestenfalls im moderaten Bereich, c) trotz der nur als ausreichend bezeichneten Heritabilitäten sind aufgrund der Größe der additiv-genetischen Varianz züchterische Maßnahmen aber dringend angezeigt.
- Eutergesundheit basierend auf Behandlungsdaten in Testherden [15]. Das Hauptergebnis ist, dass eine züchterische Bearbeitung der Eutergesundheit über das Hilfsmerkmal Zellzahl nicht ausreicht, vielmehr sollten Erkrankungs- bzw. Behandlungsdaten die Datengrundlage ergänzen.
- Kalbeverlauf und Totgeburten basierend auf Daten (incl. Geburtsgewichte) aus Testherden [16]. Das hervorstechendste Ergebnis ist, dass die Datenqualität in Testherden so gesteigert werden kann, dass teilweise Heritabilitäten für die maternale Komponente des Kalbeverlaufs geschätzt werden, welche im Bereich von 25 % liegen. Weiter zeigt sich, dass ein starker Antagonismus zwischen direkter und maternaler Komponente nicht ausgeschlossen werden kann, dieser jedoch nur dann erkennbar ist, wenn Totgeburten mit zu leichten oder zu schweren Kälbern getrennt betrachtet werden.

Mittlerweile sind auch international (vgl. [17]) eine Fülle ähnlich gelagerter Ansätze auf dem Weg dahin, in die Zucht umgesetzt zu werden bzw. werden schon umgesetzt. Bei großflächiger Datensammlung ergibt sich jedoch regelhaft das Problem, dass nur mit vergleichsweise geringen Heritabilitäten gerechnet werden kann und damit die Sicherheiten in der konventionellen Zuchtwertschätzung relativ gering sind. Eine Kopplung von

Phänotypdaten mit genomischen Daten im Sinne von Assoziationsstudien bzw. der Genomischen Selektion erscheint deshalb zwingend erforderlich. Es zeigt sich bereits, dass begrenzte, aber gut geplante und akkurate Datensammlungen im Feld in sehr vorteilhafter Weise in Assoziationsstudien genutzt werden können; in der eigenen Arbeitsgruppe wurde bereits ein Gen mit einem sehr wesentlichen Effekt auf die Krankheit der Klauenrehe identifiziert [18].

Erbfehlermanagement

Bislang wurde das Management von Erbfehlern, insbesondere von solchen mit rezessivem monogenen Erbgang, in Rinderzuchtprogrammen so betrieben, dass bei erkannten Phänotypen (Totgeburten, Missbildungen) die Herkunft der Schadallele im Pedigree der betroffenen Tiere geklärt wurde, danach ein molekulargenetischer Test entwickelt wurde und ab diesem Zeitpunkt Anlageträger von der Zucht ausgeschlossen werden konnten. Mit der Verfügbarkeit hochdichter Informationen zum Genom vieler Zuchttiere (SNP-Daten, Daten aus Re-Sequenzierungsprojekten) wurde nunmehr ein neuer Weg beschritten, der als vom Genom ausgehend bezeichnet werden kann. VanRaden et al. [19] und Fritz et al. [20] zeigten, dass in der Holsteinpopulation, aber auch in anderen Rinderpopulationen eine ganze Reihe von Haplotypen nicht in homozygoter Form auftauchen, mithin der Schluss gezogen werden kann, dass solche Genotypen nicht lebensfähig sind. Die Effekte auf herkömmliche Phänotypdaten sind dabei meistens – aber nicht immer – klein, d.h. Bullen, welche Anlageträger sind, zeigen lediglich einen verminderten Erfolg der Besamungen, welcher bislang einfach so abgetan wurde, dass es eben nicht zu einer Befruchtung gekommen war. Es ist offenbar, dass derartig „vom Genom zum Phänotyp“ festgestellte Erbfehler eine neue Qualität von Erbfehlern darstellen, da sie sich eben nicht als Tot- oder Missgeburt manifestieren. Weiter kann vermutet werden, dass die bislang aufgedeckten Fälle erst der Anfang einer langen Reihe von „bislang versteckten Erbfehlern“ sind. Es wird kaum möglich sein, immer sofort alle entdeckten Anlageträger von der Zucht auszuschließen, da damit u.U. die genetische Diversität einer Population gefährdet wäre. Es besteht somit ein großer Forschungsbedarf, wie solche Fälle zu behandeln sind, einfach nach dem Schaden auf der Phänotypebene, gemessen mit herkömmlichen Daten, oder durch eine gesteuerte Ausmerzung unter Beachtung des Erhalts genetischer Variation.

Zucht auf Hornlosigkeit

Die beiden wichtigsten Rinderrassen Deutschlands, das Fleckvieh und das Holstein, sind weit überwiegend horntragend. Die Vorteile der Haltung hornloser Rinder für den Schutz von Tier und Mensch sind offenbar, weshalb es auch eine übliche Praxis ist, Rinder zu enthornen. Dies wiederum stellt allerdings einen u.U. tierschutzrelevanten Eingriff in die Unversehrtheit des Tieres dar. Nur eine Zucht auf Hornlosigkeit würde ein nachhaltiges Ergebnis erbringen. Die Zucht hornloser Rinder hat eine lange Geschichte und es kann nachgewiesen werden, dass hornlose Rinder bereits 3000 Jahre v.Chr. vorkamen und beispielsweise im Alten Ägypten einen wesentlichen Teil der gehaltenen Rinder stellten [21]. Beim Fleckvieh gibt es mittlerweile zahlreiche Aktivitäten zur Vermehrung des Hornlos-Allels in der Population [22] und auch bei Holstein-Rind sind weltweit große Anstrengungen zu beobachten, das auch dort vorhandene Hornlos-Allel zu verbreiten. In der Holstein-Zucht geschieht die Verbreitung der Hornlosigkeit momentan vornehmlich dadurch, dass hornlose Bullen an horntragende, aber im Zuchtwert überragende Bullenmütter angepaart werden, um so Bullenkälber zu erhalten, welche aus genetisch hochwertigen Familien stammen. Insgesamt ist aber festzuhalten, dass die Organisation der Hornloszucht noch

weiter systematisiert werden müsste und letztlich auch in den Zuchtzielen der Rinderpopulationen verankert werden müsste.

Zyklusqualität

Seit langem ist bekannt, dass zwischen einzelnen Kühen eine erhebliche Variation im Wiedereinsetzen des Sexualzyklus nach der Kalbung und weiter in der Ausprägung des Sexualzyklus, wie sie beispielsweise über die Bestimmung des Progesterons gemessen werden kann, besteht [23,24]. Die durch geplante Versuche zur Messung des Progesteronspiegels ableitbaren Erblichkeitsgrade erreichen durchaus Werte von ca. 25 %, welche auch in einer eigenen Studie [25] bestätigt werden konnten. Auf diesem Gebiet ist weiterer Forschungsbedarf angezeigt, da die Verbesserung der Zyklusaktivität und -qualität der Kühe ein direkt auf den Betrieben nutzbarer Effekt wäre.

Futtereffizienz

Üblich ist in der Literatur die Einteilung des Futtermittelsverbrauchs (bei der Kuh gemessen als Nettoenergie) in einen Bedarf für Leistung und einen Bedarf für Erhaltung. Durch die enormen Steigerungen der Milch-, Fett- und Eiweißmengen je Kuh in den vergangenen vier Jahrzehnten, welche auch wesentlich auf züchterische Maßnahmen zurückgehen, hat sich die Futtereffizienz je kg Produkt beträchtlich gesteigert, da der Bedarf für Erhaltung annähernd konstant geblieben ist, der Output je Tier aber stark gesteigert wurde. Dieses Phänomen wird in der englischsprachigen Literatur [26] als 'dilution of maintenance' bezeichnet. Von Bauman et al. wurde aber schon 1985 [27] darauf hingewiesen, dass die Verbesserung (wesentlich auch die züchterische Verbesserung) der Futtereffizienz eben vornehmlich ein Ergebnis der Steigerung der Mengenleistungen war, während die Grenzeffizienz kaum verbessert wurde.

Ein tierzüchterischer Ansatz [28] ist die züchterische Bearbeitung der Futtereffizienz über die Definition der so genannten Restfutteraufnahme. Der Begriff der Restfutteraufnahme ist in Kreisen der Tierernährung weitgehend unbekannt bzw. unbeliebt, weil er pragmatisch als Differenz zwischen aktueller Energieaufnahme und der erwarteten Energieaufnahme für Erhaltung, Gewichtszunahme und Milchleistung definiert ist. Mithin ist die Restfutteraufnahme oder residual feed intake (RFI) eine Schätzgröße. Über viele Tiere hinweg betrachtet stellt man jedoch fest, dass erhebliche und nicht-zufallsbedingte Unterschiede in der RFI bestehen. Nach Connor et al. [29] kann man, auch bei Korrektur für das Körpergewicht, die Gewichtszunahme, die Milchzellzahl und die Energie-korrigierte Milch, Unterschiede im Trockenmasseverbrauch von bis zu 15 % zwischen Kühen feststellen. Von de Haas et al. [30] wird berichtet, dass die Heritabilität der RFI bei bis zu 40 % liegt. Mithin wäre eine züchterische Verbesserung der RFI durchaus möglich. Allerdings variiert die Erblichkeit der RFI im Verlauf der Laktation und auch mögliche Nebeneffekte einer Zucht auf veränderte RFI sind noch wenig erforscht [29]. Es kann sogar vermutet werden, dass eine Zucht auf eine verringerte RFI gerade die Futteraufnahme zu Beginn / zum Peak der Laktation, also zum Zeitpunkt des größten Energiedefizits senken würde und damit sehr kontraproduktiv für die Erhaltung der Gesundheit der Milchkuh wäre [30]. Auf diesem Gebiet besteht noch ein großer Forschungsbedarf.

Emissionsvermeidung

Nach Wall et al. [31] bestehen grundsätzlich drei Möglichkeiten für züchterische Maßnahmen zur Senkung von Emissionen, welche durch die Milchviehhaltung verursacht werden. Erstens führt eine Erhöhung der Produktivität des Einzeltieres im Sinne der schon oben erwähnten 'dilution of maintenance' zur Senkung der Emissionen je Produkteinheit

und führt gleichzeitig dazu, dass insgesamt weniger Tiere im Gesamtsystem gehalten werden müssen. Zweitens sollten Vergeudungen im Produktionssystem vermieden werden. In diesem Zusammenhang gilt es, die Nutzungsdauer zu erhöhen, das Auftreten von Krankheiten zu minimieren und den Reproduktionserfolg zu verbessern. Durch diese Maßnahmen wird gleichzeitig das Wohlergehen des Tieres selbst verbessert. Wall et al. geben eine mögliche Reduktion der Methanemission von -4,4 % bzw. eine Senkung der Lachgasemission von -3,7 % je Steigerung der Nutzungsdauer um ein halbes Jahr an. Nach Garnsworthy [32] würde 10 % weniger Methan emittiert, wenn die Fruchtbarkeit der Kühe in Großbritannien auf dem Stand von 1995 (verglichen mit dem Stand von 2003) wäre.

Drittens ist auch eine direkte Selektion zur Senkung von Emissionen möglich. Letzteres sollte vornehmlich über die züchterische Verbesserung des RFI erreicht werden, wobei aber die oben bereits geschilderten Restriktionen zu beachten sind. Nach de Haas et al. [30] ist die Heritabilität für den geschätzten Methanausstoß (predicted methane emission, PME) in der Größenordnung von 35 % anzusiedeln. Die genetische Korrelation zwischen RFI und PME wurde von de Haas et al. im Bereich von 0.18 bis 0.84 geschätzt, wobei sich die hohe Schwankungsbreite durch unterschiedliche Laktationsstadien erklärt. Es ist jedoch erforderlich, diese Schätzungen auch durch direkte Messungen der Methanemission am Einzeltier zu validieren. Falls sich die relativ hohen Korrelationen zwischen der Methanemission und dem RFI bestätigen lassen, wäre es u.U. auch aussichtsreich, den Methanausstoß z.B. durch einfache Messverfahren wie die Laserpistole [32] zu messen und züchterisch gleichzeitig für die Senkung des Methanausstoßes und die Senkung des RFI zu verwenden.

Methodische Aspekte

Es ist unbestritten, dass zukünftige züchterische Verfahren vornehmlich auf der Gewinnung von Daten auf der Genomebene basieren werden. Dies können sowohl Daten aus der Re-Sequenzierung, als auch SNP-Daten hochdichter Arrays sein. Nur in Ausnahmefällen, wie der schon erwähnten Erkennung von Erbfehlern, wird es aber möglich sein, von der Genomebene aus allein bereits Erfolge erzielen zu können. Die Gewinnung von Phänotypen ist auch im Zeitalter der Molekulargenetik stets das erste Ziel der Tierzucht. Aus den eigenen Projekten der letzten Jahre hat sich dabei die Gewinnung von exakten Phänotypdaten in großem Stil in Testherden als vorteilhaft erwiesen.

Es kann sich auch lohnen, neben innovativen Ansätzen auf dem Gebiet neuer Phänotypen (neue Technologien, Biomarker, etc.) auch die Daten herkömmlicher Leistungsprüfungen in innovativer Weise neu auszuwerten. Beispiele hierfür sind die Berechnung des Fett : Eiweißverhältnisses zu fixen Zeitpunkten am Beginn und etwas weiter in der Laktation [33], die sehr frühe Bestimmung der Zellzahl schon in der Kolostralphase, sowie die Kombination von Totgeburtenrate und Kalbeverlauf zu einem neuen Merkmal [16].

In der Umsetzung züchterischer Entscheidungen, also den Selektionsentscheidungen in einem Zuchtprogramm, sind molekulare Daten heute völlig unverzichtbar. Der Hauptvorteil ist zunächst, bei neuen Kandidaten keine Phänotyperfassung mehr abwarten zu müssen, sondern eine Selektionsentscheidung direkt bei der Geburt vornehmen zu können. Ein weiterer Vorteil der genombasierten Selektion ist die Unverzerrtheit, welche in der Vergangenheit bei Phänotypdaten häufig zu Problemen führte.

3.2 Schwein

Die beiden wichtigsten zuchtstrategischen Fragen in der Schweinezucht sind derzeit einerseits die Erzielung hoher Ferkelzahlen bei ausgeglichenen Würfen mit einer hohen Über-

lebenswahrscheinlichkeit der Ferkel, sowie die Verbesserung der Effizienz der Erzeugung von Schlachtschweinen. Letzterer Punkt betrifft genau wie beim Rind nicht nur die Senkung des Futtermittelsverbrauches je kg erzeugtes Fleisch als ökonomische Größe, sondern auch die Vermeidung von Umwelteinträgen und der Reduktion des Flächenverbrauchs für die Erzeugung von Futtermitteln. Als weiteres wichtiges Thema kommt auch beim Schwein die Sicherung und Verbesserung des Wohlbefindens der Tiere hinzu, welche auch eine Lösung von „Tierverhaltensproblemen“ (z.B. Schwanzbeißen) einschließt und auch Zusammenhänge mit weiteren Fragestellungen (z.B. Ebergeruch) aufweist.

Ferkelzahl und Mortalität

Wenn auch das unter 2.2 gezeigte Beispiel der Erhöhung der Ferkelzahl bei gleichzeitiger Senkung der Mortalität aufzeigt, dass beide Ziele in einem Zuchtprogramm vereinbar sind, so muss man sich doch fragen, wie beide Fragestellungen direkter und noch effizienter angegangen werden können als bisher. Ferkelverluste bis zum Absetzen entstehen einerseits bei der Geburt und andererseits vornehmlich im perinatalen Zeitraum. Ebenso wie bei allen anderen Nutztierarten auch sind sie genetisch sowohl durch eine maternale Komponente als auch durch eine direkte Komponente bedingt. Zur weiteren züchterischen Bearbeitung sind bessere Daten erforderlich, d.h. von jedem toten Ferkel muss der Zeitpunkt des Todes und auch das Geburtsgewicht erfasst werden. Insbesondere die Erfassung des Geburtsgewichtes ist eine wichtige Information [34]. Es ist offenbar, dass der Aufwand hierfür immens ist und keineswegs in herkömmlichen Feldprüfungen geleistet werden kann. Maximal ist eine derartige aufwändige Erfassung in Reinzuchtlinien von Zuchtorganisationen denkbar, wobei es das Ziel sein muss, genügend Daten für eine genombasierte Herangehensweise zu gewinnen. Wenn die genomische Selektion für die Merkmale der Ferkelzahl, des Überlebens und der Ferkelgewichte erst einmal etabliert ist, kann der weitere Erfassungsaufwand anschließend vermutlich reduziert werden. Auch würden Forschungsprojekte auf diesem Gebiet u.U. die Definition neuer, einfacher erfassbarer Merkmale liefern. In einer Reihe von Zuchtorganisationen werden schon heute diesbezügliche Anstrengungen gemacht.

Effizienz je erzeugte Produkteinheit

Nach Knap und Wang [36] ist mehr als ein Drittel der Variation in der Futteraufnahme von Faktoren abhängig, welche vom Wachstum und der Körperzusammensetzung unabhängig sind. Diese Faktoren sind der Erhaltungsbedarf für den basalen Metabolismus, der Protein-Austausch, die Thermoregulation, physische Aktivität, der Bedarf für die Funktion des Immunsystems, sowie für Verdauung und Absorption der Nährstoffe. Der basale Metabolismus betrifft vornehmlich die Gewinnung von Energie in den Mitochondrien. In diesem Stoffwechselfvorgang gibt es allerdings große Unterschiede in der Effizienz zwischen Individuen, deren Bedarfsunterschiede an Energie als Restfutteraufnahme (RFI) indirekt geschätzt werden können. Das Konzept der Restfutteraufnahme kommt also auch beim Schwein zur Anwendung. Nach Knap und Wang ist es hinsichtlich der züchterischen Bearbeitung der RFI aber möglich, diese vollständig aus schon vorhandenen Daten abzuleiten, wenn wenigstens die tägliche Futteraufnahme bekannt ist und die für dieses Merkmal geschätzten Zuchtwerte um die Zuchtwerte für das Wachstum und die Körperzusammensetzung korrigiert werden. In der Konsequenz bedeutet dies, dass eine Zucht für eine verminderte Restfutteraufnahme gleichzusetzen ist mit einer Zucht auf eine verminderte Futteraufnahme je Tag bei gleichzeitiger Restriktion, dass alle weiteren Merkmale im Zuchtziel sich nicht verändern. Letzteres ist natürlich kaum gewünscht, das Grundkonzept kann aber trotzdem angewendet werden.

Wohlbefinden

Zwei wesentliche Themen werden derzeit innerhalb dieses Komplexes in vielen Zuchtprogrammen intensiv bearbeitet: Einerseits die Zucht auf die Verringerung des Ebergeruches zur Ermöglichung der Ebermast und Vermeidung der Kastration männlicher Tiere und andererseits die Zucht auf ein Tierverhalten, welches z.B. die Häufigkeit des Schwanzbeißen drastisch senkt. Für das erste Thema besteht nach wie vor das Problem unerwünschter Nebeneffekte bei der züchterischen Selektion für den verminderten Ebergeruch. Beide Themen werden aufgrund der sehr aufwändigen Phänotypfeststellung auch mit genomischen Studien angegangen, um zukünftig möglicherweise eine sehr ausgeweitete Leistungsprüfung unnötig zu machen.

4 Diskussion

Grundsätzlich gleichen sich die züchterisch bedeutsamen Themen bei Rind und Schwein. Zukünftig wichtig sind balancierte Verbesserungen in den Produktionsmerkmalen (incl. Reproduktion), beim Tierwohl (incl. Gesundheit, Adaptationsfähigkeit, Tierverhalten), in der Futtereffizienz und in der Reduktion der Umwelteinträge. In vielen Zuchtorganisationen und insbesondere den global tätigen Zuchtunternehmen werden derzeit Anstrengungen unternommen, zu schon vorhandenen Aktivitäten auf den ersten beiden Gebieten auch Arbeiten auf den beiden letztgenannten Gebieten hinzuzufügen. Nach Neeteson-van Nieuwenhoven et al. (2013) [10] sind die Herausforderungen bei der Bewältigung dieser Aufgaben vornehmlich in den Fragen der Genotyp-Umwelt-Interaktion und dem Umgang mit genetischen Antagonismen zu sehen, während ein Erreichen von Selektionsplateaus bei Nutztieren in absehbarer Zeit nicht gesehen wird.

Die Frage der Genotyp-Umwelt-Interaktion stellt sich, wie oben schon erläutert, bereits bei der Leistungsprüfung, insbesondere derjenigen für Gesundheitsmerkmale, aber natürlich erneut beim Angebot von Zuchtprodukten für den globalen Raum. Der Umgang mit genetischen Antagonismen ist zunächst eine Sache der strengen Ausrichtung der Zucht nach den Grundsätzen der Indexselektion. Nur mit der Indexselektion kann sichergestellt werden, dass auch bei in antagonistischer Beziehung stehenden Merkmalen in allen wichtigen Merkmalen Zuchtfortschritt gemacht wird. Nachhaltiger wäre natürlich eine Aufhebung von genetisch-bedingten Antagonismen. Die Geschichte der Tierzucht hat ja mehrfach gezeigt, dass additiv-genetische Korrelationen in wenigen Generationen Zuchtarbeit drastisch geändert werden können. Dies traf jedoch meist dann zu, wenn sich auch die Zuchtziele drastisch geändert hatten. Neue Ansätze sind die Identifikation einzelner Gene, welche für antagonistische Beziehungen verantwortlich sind und die Favorisierung bestimmter Genotypen in der Selektion.

Der in den letzten Jahren durch die Genomische Selektion drastische Sprung in der zur Verfügung stehenden Technologie sowie die geschilderten Herausforderungen der Tierzucht auf neuen Gebieten führen zu einer sich immer mehr beschleunigenden Bestrebung nach Kooperation bzw. Fusion von Zuchtunternehmen. Ein Beispiel hierfür ist die Kooperation der Länder Deutschland, Niederlande, Frankreich sowie Dänemark/Schweden/Finnland in der Genomischen Selektion beim Holstein-Rind (um nur die ursprünglichen Mitglieder der Kooperation zu nennen). In der deutschen Holstein-Zucht wurde in diesem Jahr die Vergrößerung der MASTERRIND um die Weser-Ems-Union vollzogen (zusammen Vermarktung von 3 Mio. Portionen Sperma) und das Zusammengehen des Rinderzuchtverbandes Mecklenburg-Vorpommern mit dem Rinderzuchtver-

band Sachsen-Anhalt angekündigt. In Frankreich fusionierte in diesem Jahr die erst jüngst aus Fusionen entstandene Rinderzuchtorganisation CREAVIA mit AMELIS und formte damit die neue Organisation EVOLUTION mit einem Volumen von 4.9 Mio.verkauften Spermadosen je Jahr. Gerade im Bereich Rind entstehen also neue, sehr große Organisationen.

Mit Blick auf die anzuwendenden Methoden gilt der mittlerweile klassisch gewordenen Satz „In der Ära der Genomik ist der Phänotyp der König“; es gilt, insbesondere Anstrengungen auf der Phänotypseite zu unternehmen, da das genomische Handwerkzeug (z.B. SNP-Arrays, Re-Sequenzierung) mittlerweile etabliert ist.

5 Schlussfolgerungen

In der Rinder- und Schweinezucht wurden in der Vergangenheit große Verbesserungen auf dem Gebiet der Produktionsmerkmale, und teilweise auch auf den Gebieten der Produktqualitätsmerkmale, sowie der funktionalen Merkmale gemacht. Global zeigen sich neue Trends, die im Wesentlichen das Tierwohl (insbesondere Gesundheitsmerkmale), die Effizienz der Produktion und die Vermeidung von Umwelteinträgen betreffen. Diese neuen Themenfelder verlangen nach neuen Leistungsprüfungen, welche nicht unbedingt in der Fläche stattfinden müssen, aber geplant in der Kopplung mit Genotypisierungen eine ausreichende Größe haben sollten. Organisatorisch werden diese Aufgaben nur von sehr großen Zuchtunternehmen zu bewältigen sein, weshalb weitere Kooperationen und Fusionen von Zuchtorganisationen wahrscheinlich werden.

6 Literaturverzeichnis

- [1] FAO (2011): faostat.fao.org
- [2] www.interbull.org
- [3] www.asr-rind.de
- [4] www.holstein-dhv.de
- [5] Merks, J.W.M.; Mathur, P.K.; Knol, E.F. (2012): New phenotypes for new breeding goals in pigs. *Animal* 6(4): 535-543
- [6] Götz, K.-U. (2013): Zuchtziele und gesellschaftliche Verantwortung. „Tiere züchten – High Tech und Verantwortung“, Symposium zur Tierzucht in Bayern. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft
- [7] Eisenreich, R.; Dahinten, G.; Dodenhoff, J. (2012): Zuchtbericht Schwein 2012. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft
- [8] Amer, P.R. (2012): Turning science on robust cattle into improved genetic selection decisions. *Animal* 6(4): 551-556
- [9] Boichard, D.; Brochard, M. (2012): New phenotypes for new breeding goals in dairy cattle. *Animal* 6(4): 544-550
- [10] Neeteson-van Nieuwenhoven, A.-M.; Knap, P.; Avendano, S. (2013): The role of sustainable commercial pig and poultry breeding for food security. *Animal Frontiers* 3(1): 52-57

- [11] Pijl, R.; Swalve, H.H. (2006): An analysis of claw disorders diagnosed at claw trimming. Proc. 14th International Symposium and 6th Conference on Lameness in Ruminants, Colonia, Uruguay, November 8-11, 34-36; www.ivis.org
- [12] Swalve, H.H.; Alkhoder, H.; Pijl, R. (2008): Estimates of breeding values for sires based on diagnoses recorded at hoof trimming: Relationships with EBV for conformation traits. Interbull Meeting, Niagara Falls, NY, USA, June 16th – 19th, <https://journal.interbull.org/index.php/ib/index>
- [13] Swalve, H.H.; Alkhoder, H.; Pijl, R. (2011): Genetic background of disorders of the bovine hoof from data collected at hoof trimming. 16th Symposium and 8th Conference on Lameness in Ruminants, Rotorua, New Zealand, 28 Feb – 03 Mar; www.ivis.org
- [14] Schöpke, K.; Weidling, S.; Pijl, R.; Swalve, H.H. (2013): Relationships between bovine hoof disorders, body condition traits, and test-day yields. *J. Dairy Sci.* 96: 679-689.
- [15] Martin, G.; Wensch-Dorendorf, M.; Schafberg, R.; Swalve, H.H. (2013): A comparison of udder health traits definitions in German Holstein dairy cattle based on mastitis treatment data. *Livestock Science* 151: 219-227
- [16] Waurich, B. (2013): Genetische Parameter von Kalbmerkmalen beim Milchrind der Rasse Deutsche Holstein. Diss. Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.
- [17] Egger-Danner, C. (2013): Zucht auf Gesundheit und Robustheit. „Tiere züchten – High Tech und Verantwortung“, Symposium zur Tierzucht in Bayern. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft
- [18] Swalve, H.H.; Floren, C.; Wensch-Dorendorf, M.; Schöpke, K.; Pijl, R.; Wimmers, K.; Brenig, B. (2013). A study based on records taken at time of hoof trimming reveals a strong association between the IQGAP1 gene and sole hemorrhage in Holstein cattle. *J. Dairy Sci.*, im Druck
- [19] VanRaden, P.M.; Olson, K.M.; Null, D.J.; Hutchison, J.L. (2011): Harmful recessive effects on fertility detected by absence of homozygous haplotypes. *J. Dairy Sci.* 94: 6153-6161
- [20] Fritz, S.; Capitan, A.; Djari, A.; Rodriguez, S.C.; Barbat, A.; Baur, A.; Grohs, C.; Weiss, B.; Boussaha, M.; Esquerre, D.; Klopp, C.; Rocha, D.; Boichard, D. (2013): detection of haplotypes associated with prenatal death in dairy cattle and identification of deleterious mutations in GART, SHBG and SLC37A2. *PlosOne* 8, e65550: 1-8
- [21] Schafberg, R.; Swalve, H.H. (2013): The history of breeding for polled cattle. *Livest. Science*, submitted
- [22] Luntz, B. (2012): Hornlose Bullen haben Zukunft. Tagungsband Weltkongress Fleckvieh
- [23] Royal, M.D; Pryce, J.E.; Wooliams, J.A.; Flint, A.P.F. (2012): The genetic relationship between commencement of luteal activity and calving interval, body condition score, production, and linear type traits in Holstein-Friesian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 85: 3071-3080

-
- [24] Petersson, K.-J.; Berglund, B.; Strandberg, E.; Gustafsson, H.; Flint, A.P.F.; Wooliams, J.A.; Royal, M.D. (2007): Genetic analysis of postpartum measures of luteal activity. *J. Dairy Sci.* 90: 427-434
- [25] Martin, G.; Boldt, A.; Schlunke, T.; Schafberg, R.; Rosner, F.; Swalve, H.H. (2011): Analysen zum Beginn der lutealen Aktivität beim Rind auf der Grundlage von on-farm Progesteron-Messungen. Gemeinschaftstagung DGfZ/GfT, Freising-Weihenstephan, Vortrag C10
- [26] Capper, J.L.; Bauman, D.E. (2013): The role of productivity in improving the environmental sustainability of ruminant production systems. *Ann. Rev. Anim. Biosci.* 1: 469-489
- [27] Baumann, D.E.; McCutcheon, S.N.; Steinhour, W.D.; Eppard, P.J.; Sechen, S.J. (1985): Sources of variation and prospects for improvement of productive efficiency in the dairy cow: A review. *J Anim Sci* 60: 583-592
- [28] Van Arendonk, J.A.M.; Nieuwhof, G.J.; Vos, H.; Korver, S. (1991): Genetic aspects of feed intake and efficiency in lactating dairy heifers. *Livest. Prod. Sci.* 29: 263-275
- [29] Connor, E.E.; Hutchison, J.L.; Olson, K.M.; Norman, H.D. (2102): Opportunities for improving milk production efficiency in dairy cattle. *J. Anim. Sci.* 90: 1687-1694
- [30] de Haas, Y.; Windig, J.J.; Calus, M.P.L.; Dijkstra, J.; de Haan, M.; Bannink, A.; Veerkamp, R.F. (2011): Genetic parameters for predicted methane production and potential for reducing enteric emissions through genomic selection. *J. Dairy Sci.* 94: 6122-6134
- [31] Wall, E.; Simm, G.; Moran, D. (2009): Developing breeding schemes to assist mitigation of greenhouse gas emissions. *Animal* 4: 366-376
- [32] Garnsworthy, .PC. (2004): The environmental impact of fertility in dairy cows: a modeling approach to predict methane and ammonia emissions. *Anim. Feed Sci. Tech.* 112: 211- 223
- [32] Chagunda, M.G.G.; Ross, D.; Roberts, D.J. (2009) On the use of a laser methane detector in dairy cows. *Comput. Electron. Agric.* 68: 157-160
- [33] Bergk, N.; Swalve, H.H. (2011): Der Fett-Eiweiß-Quotient in der Frühlaktation als Indikator für den Verbleib von Erstkalbinnen in der Milchkuhherde. *Züchtungskunde* 83(2) S. 89–103.
- [34] Röhe, R.; Shresta, N.P.; Mekkawy, W.; Baxter, E.M.; Knap, P.W.; Smurthwaite, K.M.; Jarvis, S.; Lawrence, A.B.; Edwards, S.A. (2009): Genetic analyses of piglet survival and individual birth weight on first generation data of a selection experiment for piglet survival under outdoor conditions. *Livest. Sci.* 121: 173-181
- [36] Knap, P.W.; Wang, L. (2012): Pig breeding for improved feed efficiency. Chapter 8 in “Feed efficiency in swine”, Ed. by John F. Patience, Wageningen Academic Pub., Pages 167-181

Genomik: „Angewandte Grundlagenforschung“ für eine innovative und nachhaltige Tierzucht

R. Fries

Lehrstuhl für Tierzucht der Technischen Universität München

Zusammenfassung

Während zwanzig Jahren war die Genomik, die in den Achtzigerjahren des letzten Jahrhunderts begründet wurde, im Grundlagenbereich angesiedelt und spielte in der praktischen Tierzucht kaum eine Rolle. Seit wenigen Jahren kommt der Genomik jedoch eine eminente praktische Bedeutung zu. Inzwischen basiert der aktuelle tierzüchterische Ansatz vor allem beim Milchrind im Wesentlichen auf dieser Disziplin. Die seit kurzem mögliche Bestimmung der individuellen Genomsequenz einer größeren Zahl von Tieren erlaubt die schnelle Identifizierung von schädlichen Allelen und deren gezielte und schonende Eliminierung aus den betroffenen Populationen. Jüngste Erkenntnisse aus der Genomforschung zur genetischen Architektur von quantitativen Merkmalen eröffnen neue Perspektiven für die nachhaltige Nutzung tiergenetischer Ressourcen vor allem im Hinblick auf funktionale Merkmale. Genomische Information wird in Zukunft nicht mehr nur für die Selektion, sondern auch für eine optimale Fütterung, Haltung und medizinische Versorgung von Nutztieren von Bedeutung sein. Genomik und Tierzucht werden auch fortan von einer sehr direkten Interaktion geprägt sein.

1 Genomik – die Anfänge

„Genomik“ ist die Übersetzung des englischen „Genomics“, das offiziell mit der Gründung der gleichnamigen Zeitschrift im Jahre 1987 geprägt wurde. Im Editorial zur ersten Ausgabe [1] wird die neue Disziplin folgendermaßen charakterisiert: „The new discipline is born from the marriage of molecular and cell biology with classical genetics and is fostered by computational science.“ Gut hundert Jahre nach der Postulierung von Erbfaktoren durch Mendel hat die Genetik in ihrer Tochterdisziplin „Genomik“ einen molekularen Unterbau erhalten. Im Gründungs-Editorial wird darauf hingewiesen, dass eine Disziplin mit der Endung „ics“ im Gegensatz zum akademisch vornehmen „ology“ einen Ansatz zur Lösung konkreter Probleme des Lebens suggeriert. Während die in Achtzigerjahren ebenfalls noch junge „ics“-Disziplin Informatik und natürlich deren altherwürdigen Mutter, die Mathematik, in der Tierzuchtwissenschaft eine herausragende Rolle spielten, wurde die Genomik in Tierzuchtkreisen kaum oder im besten Falle kollegial wohlwollend als reine Grundlagenforschung wahrgenommen.

Tonangebend in der Tierzuchtforschung war eindeutig die quantitative Genetik, die das Infinitesimal-Modell der Vererbung quantitativer Merkmale als die reine Lehre erfolgreich (und ohne große Anstrengung) gegen alle molekulargenetischen Angriffe verteidigte. Von Tierzüchtern kaum wahrgenommen, wurde der Paradigmenwechsel der quantitativen Ge-

netik aber bereits in den Siebzigerjahren durch den deutschen Tierzuchtprofessor Hans Geldermann eingeleitet. Er hat das Konzept der „quantitative trait loci“ (QTL) etabliert [2][3]. QTL sind Loci, deren Effekte nicht unendlich klein sind, sondern eine Größenordnung aufweisen, die eine indirekte Erfassung über Markerloci ermöglicht.

Die effiziente Erfassung von QTL erfordert eine große Zahl von gleichmäßig über die Chromosomen verteilten Markerloci. Die wenigen immunogenetisch und über die Elektrophorese von Proteinen bestimmten Markerloci, die damals für die einzelnen Nutztierrarten vorlagen, reichten zwar für die Abstammungskontrolle, aber nicht für eine systematische QTL-Kartierung. Entscheidend für die Umsetzung des QTL-Konzeptes waren die Entdeckung von Methoden zur Darstellung von DNA-Varianten als sogenannte Restriktions-Fragment-Längen-Polymorphismen (RFLP) durch Botstein und Kollegen im Jahre 1980 [4]. Beckmann und Soller stellten 1983 Überlegungen an, wie die RFLP-Methodik in der Tier- und Pflanzenzucht eingesetzt werden kann [5]. Charles Smith prägte 1986 den Begriff „marker assisted selection“ und das entsprechende Akronym „MAS“ [6]. Ein methodischer Quantensprung und damit verbunden einer neuer Schub für die QTL-Kartierung und MAS war die Entdeckung von Mikrosatelliten-Markern [7]. Die klassische Version der MAS, die auf Untersuchung der Weitergabe von QTL-Allelen in Familien anhand nicht eng gekoppelter Marker basierte, hat aber für die praktische Zuchtwertschätzung kaum Bedeutung erlangt, obwohl die methodischen Voraussetzungen für die Einbeziehung von QTL-Information in die BLUP-basierte Zuchtwertschätzung erarbeitet worden waren [8].

Der genomische Ansatz der marker-basierten Klonierung von Genen („Reverse Genetics“ [9], „Positional Cloning“ [10]) hat jedoch durchaus zur Lösung von tierzüchterischen Problemen beigetragen. Hier ist vor allem das porcine Stress-Syndrom zu erwähnen. Die Entdeckung der für das Syndrom kausalen Mutation durch positionelle Klonierung [11] ermöglichte die Eradizierung des Gendefektes innerhalb weniger Jahre. Als weiterer Meilenstein der Nutztiergenomik kann auch die erstmalige molekulare Charakterisierung eines QTL beim Rind betrachtet werden. Winter et al. [12] und Grisart et al. [13] haben gezeigt, dass je nach Population bis zu 30% der genetischen Variation des Milchfettgehaltes durch eine Variante des DGAT1-Gens erklärt werden können.

Von einzelnen Ausnahmen abgesehen, ist die Genomforschung bei Nutztieren in den ersten 20 Jahren (1987-2007) der Grundlagenforschung zuzuordnen, die vor allem die Erstellung von Gen- und Markerkarten beinhaltete. Dabei konnte die hohe Konservierung der Nutztiergenome und des menschlichen Genoms gezeigt werden. Diese Konservierung ist die Basis für die Extrapolation von Information des bereits intensiv erforschten menschlichen Genoms auf die Nutztiere. Im Jahr 2001 erschienen zwei Publikationen, die auf den ersten Blick nichts miteinander zu tun hatten, die aber den Siegeszug der Genomik in der Tierzucht begründeten: einerseits ein Bericht über die initiale Referenzsequenz des Humangenoms [14] und andererseits der Vorschlag, die MAS durch die Verwendung von genomweiten, dichten Markerkarten zur Schätzung von Zuchtwerten weiter zu entwickeln [15]. Im letzteren Artikel haben Meuwissen et al. zum ersten Mal den Begriff „Genomische Selektion“ verwendet. Der Abschluss der Sequenzierung des Humangenoms signalisierte den Auftakt der Sequenzierung von Nutztierarten. Als „Nebenprodukt“ der Sequenzierung fielen so genannte Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) in großer Zahl an; die genomweite, dichte Markerkarte wurde Realität.

2 Der Durchbruch – die Genomik wird zu einer tragenden Säule der Tierzucht

Nachdem nun genomweite, dichte Markerkarten vorlagen, fehlten für die Umsetzung des von Meuwissen et al. [15] angedachten Konzeptes der genomischen Selektion in die Praxis nur noch Hochdurchsatz-Methoden zur Genotypisierung der Markerloci. Im Jahre 2006 brachte die Firma Affymetrix einen bovinen Genotypisierungs-Chip mit 10.000 (10K) SNPs auf den Markt. Diese Entwicklung veranlasste Larry Schaeffer konkrete Berechnungen zum Einsatz der genomweiten Selektion (GWS) beim Milchrind durchzuführen [16]. Er kommt zum Schluss, dass durch die GWS der Selektionserfolg pro Jahr verdoppelt werden kann. Da die Wartebullenhaltung weitgehend entfällt, sind Kosteneinsparungen von bis zu 90% möglich.

Weder der 10K noch ein neu entwickelter 25K Chip von Affymetrix eigneten sich jedoch für den praktischen Einsatz. Die Firma Illumina entwickelte zusammen mit dem US Landwirtschaftsministerium (USDA) einen 55K Chip, der in den USA ab Ende 2006 erfolgreich eingesetzt wurde. Dieser Chip konnte außerhalb der USA aber erst ab Ende 2007 erworben werden. Inzwischen wurde vom Wissenschaftlern des USDA eine effiziente Methodik zur Schätzung genomischer Zuchtwerte entwickelt [17], die bis heute standardmäßig angewendet wird.

Erste genomische Zuchtwerte für Holstein-Tiere wurden in den USA im Januar 2009 veröffentlicht [18]. Rasch folgten andere Länder. Die Einführung und die dynamische Entwicklung der GWS beim Rind und anderen Nutztierarten in Deutschland wird in anderen Beiträgen dieses Symposiums ausführlich dargestellt und diskutiert. Es ist jedenfalls bemerkenswert, dass die Genomik, die über fast ein Vierteljahrhundert im Grundlagenbereich angesiedelt war, sich innerhalb weniger Jahre zu einer tragenden Säule der Tierzucht entwickelt hat.

3 Genomweite Selektion und mehr

Nach der erfolgreichen Einführung der genomweiten Selektion und dem damit verbundenen Innovationsschub in der Tierzucht hätte man wieder eine längere Phase der genomischen Grundlagenforschung ohne direkte Auswirkungen auf die Praxis erwarten können. Ein weiterer Technologiesprung, der die Sequenzierung einer größeren Zahl von Individuen ermöglicht [19], führte aber vor allem beim Rind sehr schnell zu neuen Erkenntnissen mit einer besonderen Bedeutung für die praktische Tierzucht.

Im Rahmen des vom BMBF geförderten und von der Technischen Universität München (TUM) koordinierten Exzellenznetzwerkes „Synergistische Pflanzen- und Tierzucht (Synbreed)“ konnten innerhalb der letzten zwei Jahre mehr als 130 Schlüsselalben der Bayerischen Fleckviehzucht sequenziert werden. Damit kann bis zu 90% der genomischen Variation dieser Rasse abgegriffen werden. Die funktionelle Bedeutung der Variation wurde mit bioinformatischen Methoden ermittelt und katalogisiert [20]. Gleichzeitig konnten in sogenannten Assoziationsstudien auf der Basis von SNP-Genotypen, die routinemäßig für die genomweite Selektion erhoben wurden, QTL- und Defektallelenthaltende Loci präzise kartiert werden. Hubert Pausch vom Lehrstuhl für Tierzucht der TUM hat hier methodische Pionierarbeit geleistet [21][22]. So konnte ein auf den Stammbullen der Fleckviehzucht, Haxl, zurückgehendes und in der Fleckviehpopulation

weit verbreitetes Allel entdeckt werden, das im homozygoten Zustand zu einer dramatischen Reduktion der Befruchtungsfähigkeit von Spermien führt. Aufgrund der Sequenzdaten von Schlüsselalenen der Fleckviehpopulation [23] konnte die kausale Mutation umgehend festgestellt werden [24]. Ein entsprechender Gentest wurde sofort in der Praxis eingesetzt. Dies war besonders wichtig, da genomische Jungvererber frühestmöglich massiv eingesetzt und nicht wie in der vorgenomischen Tierzucht im Testeinsatz bei einer reduzierten Zahl von Besamungen auch auf Befruchtungsdefizite untersucht werden können.

Anhand der SNP-Daten konnten auch Regionen im Genom festgestellt werden, für die bestimmte Versionen nicht oder viel zu selten homozygot auftreten („missing homozygosity“ [25]). Beim Fleckvieh konnte z.B. in Zusammenarbeit mit Hermann Schwarzenbacher von der ZuchtData Wien Mitte Juli 2013 eine solche Region auf Chromosom 1 des Rindes festgestellt werden. Aufgrund der Sequenzdaten konnte sofort eruiert werden, dass Träger der im homozygoten Zustand stark reduziert auftretenden Haplotypenversion eine Mutation in einem Gen aufweisen, in dem auch beim Menschen Defekte auftreten. Diese Defekte führen zu Wachstumsstörungen. Es konnten dann tatsächlich Tiere aus Risikopaarungen festgestellt werden, die zwar ein normales Geburtsgewicht aufwiesen, aber später massive Wachstumsstörungen (Minderwuchs) zeigten. Eine DNA-Untersuchung bestätigte bei diesen Tieren Homozygotie des Defektallels. Zum ersten Mal konnte also rein auf der Basis von DNA-Variation ein Phänotyp vorhergesagt werden. Bemerkenswert ist hier auch wieder die Geschwindigkeit, mit der ein genomischer Befund in die Praxis umgesetzt wurde. Seit September 2013 werden Listen mit dem Trägerstatus aller Besamungsbullen veröffentlicht. Unter den Trägern des Defektallels ist auch der in der Fleckviehzucht in den letzten Jahren am stärksten eingesetzte Bulle.

Neben dem Befruchtungsdefekt von Bullen und dem Minderwuchssyndrom sind auf der Basis von Sequenz-Daten beim Fleckvieh auch die kausalen Mutationen einer Blutgerinnungsstörung, einer Hautkrankheit und eines Zwergwuchssyndroms identifiziert worden. Die Kenntnis der entscheidenden DNA-Varianten erlaubt nun ein nachhaltiges Management der Erbfehler. In erster Linie sollen Risikopaarungen, die zu kranken Tieren führen können, vermieden werden. Um den Zuchtfortschritt nicht zu beeinträchtigen, wird zunächst von der Merzung aller zur Zeit im Besamungseinsatz stehenden Träger von Defektallelen abgesehen. Mittel- und längerfristig soll die Frequenz der Defektallele reduziert werden, indem nur noch Nicht-Träger zum Einsatz kommen. Ein ideales Erbfehlermanagement wäre dann gewährleistet, wenn die weiblichen Tiere flächendeckend genotypisiert werden könnten. Es kann davon ausgegangen werden, dass die dazu nötigen kostengünstigen Methoden bald zur Verfügung stehen werden.

Eine klare Abgrenzung von Grundlagenforschung, Entwicklung und Anwendung in der Nutztiergenomik ist nicht mehr möglich. Eher der Grundlagenforschung zuzuordnen sind aber Untersuchungen zur genetischen Architektur von quantitativen Merkmalen. Beim Rind zeichnet sich ab, dass jeweils einige wenige Loci einen großen Teil der genetischen Variation eines quantitativen Merkmals erklären [26]. Solche Loci werden als „very important quantitative trait loci“ (viQTL, [27]) bezeichnet. Es wird zur Zeit untersucht, wie viQTL züchterisch eingesetzt werden können. Die Aussichten sind gut, dass auf der Basis von viQTL-Information der nicht-additive Teil der genetischen Variation (Dominanz, Epistasie) besser genutzt werden kann und eine differenzierte Selektion vor allem im Hinblick auf funktionale Merkmale möglich werden wird. Es ist auch abzusehen, dass genomische Information nicht mehr nur für Selektionsentscheidungen genutzt werden,

sondern auch für eine genotypengerechte Fütterung, Haltung sowie die medizinische Versorgung von Tieren eine wichtige Rolle spielen wird.

4 Literaturverzeichnis

- [1] McKusick V.A., Ruddle F.H. (1987): A new discipline, a new name, a new journal. *Genomics* 1, 1–2
- [2] Geldermann H. (1975): Investigations on inheritance of quantitative characters in animals by gene markers. 1. Methods. *Theoretical and Applied Genetics* 46, 319–330
- [3] Geldermann H. (1976): Investigations on inheritance of quantitative characters in animals by gene markers. 2. Expected effects. *Theoretical and Applied Genetics* 47, 1–4
- [4] Botstein D., White R.L., Skolnick M., Davis R.W. (1980): Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics* 32, 314–331
- [5] Beckmann J.S., Soller M. (1983): Restriction fragment length polymorphisms in genetic improvement: methodologies, mapping and costs. *Theoretical and Applied Genetics* 67, 35–43
- [6] Smith C., Simpson S.P. (1986): The use of genetic polymorphisms in livestock improvement. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 103, 205–217
- [7] Litt M., Luty J.A. (1989): A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. *American Journal of Human Genetics* 44, 397–401
- [8] Fernando R.L., Grossman M. (1989): Marker assisted selection using best linear unbiased prediction. *Genetics Selection Evolution* 21, 467
- [9] Ruddle F.H. (1984): The William Allan Memorial Award address: Reverse genetics and beyond. *American Journal of Human Genetics* 36, 944–953
- [10] Collins F.S. (1992): Positional cloning: Let's not call it reverse anymore. *Nature Genetics* 1, 3–6
- [11] Fujii J., Otsu K., Zorzato F., de Leon S., Khanna V.K., Weiler J.E., O'Brien P.J., MacLennan D.H. (1991): Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. *Science* 253, 448–451
- [12] Winter A., Krämer W., Werner F.A.O., Kollers S., Kata S., Durstewitz G., Buitkamp J., Womack J.E., Thaller G., Fries R. (2002): Association of a lysine-232/alanine polymorphism in a bovine gene encoding acyl-CoA:diacylglycerol acyltransferase (DGAT1) with variation at a quantitative trait locus for milk fat content. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 99, 9300–9305
- [13] Grisart B., Coppeters W., Farnir F., Karim L., Ford C., Berzi P., Cambisano N., Mni M., Reid S., Simon P., Spelman R., Georges M., et al. (2002): Positional

- candidate cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine DGAT1 gene with major effect on milk yield and composition. *Genome Research* 12, 222–231
- [14] Lander E.S., Linton L.M., Birren B., Nusbaum C., Zody M.C., Baldwin J., Devon K., Dewar K., Doyle M., FitzHugh W., Funke R., Gage D., et al. (2001): Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature* 409, 860–921
- [15] Meuwissen T.H., Hayes B.J., Goddard M.E. (2001): Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* 157, 1819–1829
- [16] Schaeffer L.R. (2006): Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 123, 218–223
- [17] VanRaden P.M. (2008): Efficient Methods to Compute Genomic Predictions. *Journal of Dairy Science* 91, 4414–4423
- [18] Dalton R. (2009): No bull: genes for better milk. *Nature* 457, 369
- [19] Durbin R.M., Abecasis G.R., Altshuler D.L., Auton A., Brooks L.D., Durbin R.M., Gibbs R.A., Hurles M.E., McVean G.A. (2010): A map of human genome variation from population-scale sequencing. *Nature* 467, 1061–1073
- [20] Eck S.H., Benet-Pagès A., Flisikowski K., Meitinger T., Fries R., Strom T.M. (2009): Whole genome sequencing of a single *Bos taurus* animal for single nucleotide polymorphism discovery. *Genome Biology* 10, R82–R82
- [21] Pausch H., Flisikowski K., Jung S., Emmerling R., Edel C., Götz K.-U., Fries R. (2011): Genome-wide association study identifies two major loci affecting calving ease and growth-related traits in cattle. *Genetics* 187, 289–297
- [22] Pausch H. (2013): Genome-wide analysis of complex traits in cattle. Dissertation Technische Universität München.
- [23] Jansen S., Aigner B., Pausch H., Wysocki M., Eck S., Benet-Pagès A., Graf E., Wieland T., Strom T.M., Meitinger T., Fries R. (2013): Assessment of the genomic variation in a cattle population by re-sequencing of key animals at low to medium coverage. *BMC genomics* 14, 446
- [24] Pausch H., Kölle S., Wurmser C., Schwarzenbacher H., Emmerling R., Jansen S., Trottmann M., Fürst C., Götz K.-U., Fries R. (2013): A nonsense mutation in TMEM95 encoding a nondescript transmembrane protein causes idiopathic male subfertility in cattle. *PLoS Genetics* 10.1371/journal.pgen.1004044
- [25] Vanraden P.M., Olson K.M., Null D.J., Hutchison J.L. (2011): Harmful recessive effects on fertility detected by absence of homozygous haplotypes. *Journal of Dairy Science* 94, 6153–6161
- [26] Wang X., Wurmser C., Pausch H., Jung S., Reinhardt F., Tetens J., Thaller G., Fries R. (2012): Identification and Dissection of Four Major QTL Affecting Milk Fat Content in the German Holstein-Friesian Population. *PLoS ONE* 7, e40711
- [27] Fries R., Pausch H. (2011): Individuelle Genomsequenzierung von Nutztieren - auf dem Weg zur Genomischen Selektion 2.0. *Züchtungskunde* 83, 371–381

Die Frage der Verantwortung bei der Zucht von Milchkühen – eine Notiz zu Hörnings Gutachten über Qualzuchten

P. Kunzmann

Ethikzentrum Jena, Friedrich-Schiller Universität Jena

In den letzten Monaten hat eine Schrift für Aufsehen gesorgt, und zugleich auch für viel Unmut in der Community, nämlich das Gutachten „Qualzucht bei Nutztieren – Probleme & Lösungsansätze“ von Bernhard Hörning [1]. Für Milchkühe behauptet es (Hörning 2013,6f.) einen Zusammenhang von Zucht mit reduzierter Nutzungsdauer – „Tierschützer sprechen von ‚Wegwerfkühen‘ (S.6) – und bestimmten Krankheiten, schlechtere Fruchtbarkeit, mit Erhöhung des Kraftfutterbedarfs und Reduktion der genetischen Vielfalt.

Ob dies, und wie genau dies alles zutreffen mag, ist hier nicht meine Frage. Es geht hier um die Zuschreibung von Verantwortung und um den moralischen Appell, der in dieser Schrift erhoben wird.

Adressaten dieses Appells bei Hörning sind „Landwirtschaft“ (hiermit dürfte im engeren Sinne die Halter landwirtschaftlicher Nutztiere gemeint sein), „Tierzucht“, „Verbraucher“ und die „Politik“. Das sind, salopp gesagt, die üblichen Verdächtigen, wobei Hörning selbst feststellt: „Die Verbraucher haben nur in begrenztem Umfang die Möglichkeit, durch Kaufentscheidungen Einfluss auf die o. g. Probleme zu nehmen“ (S.15). Wir stehen vor jenem Wust einer unklaren Zuschreibung von Verantwortung, wie sie im Bereich der ethischen Bewertung der Nutztierhaltung nicht selten vorkommt.

Um diesen Knoten zu schürzen, ist zunächst zu fragen, woraus eigentlich die Verantwortung entspringt. Es geht bei der Haltung von Milchkühen wie in den anderen zentralen Bereichen der Nutztierhaltung darum, gesunde und bezahlbare Lebensmittel mit möglichst geringen Belastungen für die Tiere und für die Umwelt herzustellen. In der avisierten Frage der „Qualzuchten“ geht es genauer um die Verantwortung für die Belastung der Tiere, eben nicht um Qualität und Sicherheit der gewonnenen Lebensmittel und, zumindest nicht unmittelbar, um ökologische Aspekte, obwohl auch diese bei genauerer Betrachtung mit einzubeziehen wären, denn auch der Ressourcenverbrauch in der Nutztierhaltung hängt von genetischen Faktoren der Leistungsfähigkeit der Tiere ab.

Die moralische Verantwortung, die hier adressiert wird, zielt indes auf die Tierschutzaspekte. Insofern zurecht, als dies den ethisch zentralen Punkt berührt: Mögliches Leiden bei Tieren ist nicht nur das ethische Kriterium für eine Bewertung unseres Handelns Tieren gegenüber – es erzwingt erst ein ethisches Verhältnis. Es ist die Leidensfähigkeit oder allgemeiner die Empfindungsfähigkeit von Tieren, die sie erst in den Lichtkegel ethischer Überlegungen rückt. Weil wir Tiere leiden lassen können und Leid als Böses zu meiden ist, kann uns das Befinden von Tieren nicht gleichgültig lassen. In der Behauptung der Empfindungsfähigkeit des Tieres wird ethisch zweierlei bedeutsam: der Grund für die Verantwortung dem Tier gegenüber und gleichzeitig das Maß der Verantwortung. Der Grund, weil uns die Empfindungsfähigkeit von Tieren nötigt, auf sie besondere Rücksicht

zu nehmen; und das Maß, weil die Vermeidung tierischen Leidens eine unhintergehbare Aufgabe ethisch legitimen Handelns darstellt.

Das kann und sollte in der Praxis anknüpfen an das, was man „evidenz-basierten“ Tierschutz nennt: „Die Beurteilung der Tätigkeit konkreter Haltungen oder ganzer Haltungsverfahren ist eine schwierige Aufgabe. ... [Wobei sich zeigt], dass die naive Vorstellung trägt, menschliches Mitgefühl reiche zur Beurteilung aus, genauso wie der ‚Meterstabtierschutz‘ in die Irre geht, der allein aufgrund technischer Parameter zu einer Entscheidung kommt“ [2]. Ausschlaggebend ist der „Output“, der sich am Tier zeigt, nicht der „Input“ der Haltungsform. „In diesem Sinne ist das Tier ... das Maß für die Beurteilung von Haltungen und Haltungssystemen. Aus den möglicherweise auftretenden oder ausbleibenden morphologischen, physiologischen oder ethologischen Schäden lassen sich dann Funktionsmaße oder physikalische Parameter ableiten, nicht umgekehrt“ [2]. Die Haltungsform allein verbürgt weder eine Garantie für tiergerechte Zustände, noch garantiert sie das Gegenteil. Eine ganze Reihe von zusätzlichen Faktoren bestimmen mit, ob diese tiergerechten Zustände erreicht werden oder nicht. Zunehmend von Belang ist in diesem Zusammenhang die genetische Ausstattung der Tiere. Immer schon war der Einfluss der menschlichen Akteure vor Ort; technisch „Management“ genannt, als ein Schlüssel für die Tiergerechtigkeit in einer konkreten Haltung bekannt, oder für deren Fehlen: „Kein Tierhaltungsverfahren ist so gut, dass es nicht im konkreten Einzelfall zu tierschutzrelevanten Zuständen entgleisen kann, und kaum ein Haltungsverfahren ist so schlecht, dass ein besonders guter Tierhalter es nicht doch so gestalten kann, dass es für die Tiere ganz vernünftige Bedingungen bietet“ [2]; Letzteres hielte ich für bestreitbar; Ersteres nicht. Man darf in jedem Falle festhalten: Wer moralische Maßstäbe in die Tierhaltung tragen will, ist auf eine Bewertung *konkreter* Sachverhalte verwiesen.

Für unser Thema ist dies insofern relevant, als es eben nicht die Genetik allein ist, die darüber bestimmt. Zum echten Tierschutzproblem, und damit auch zum moralischen Problem, wird es, wenn die konkreten Bedingungen von Tierernährung, Haltungssystem, Management, nicht zur genetischen Ausstattung passen.

Anders sieht es aus, wenn die genetische Ausstattung ein leidensfreies Leben der Tiere in sich überhaupt nicht mehr ermöglicht. Hier haben wir eine absolute Grenze des ethisch Unzulässigen. Ein wenig anderes scheint mir der Fall bei Milchkühen (noch) zu liegen: „Kontrovers wird diskutiert, ob Hochleistungskühe Kraftfutter brauchen, um gesund zu bleiben“ schreibt Hörning (S.13). Die hohe Leistung der Tiere setzt zugleich hohe Leistung der Tierhalter voraus, bei der Fütterung, bei der Aufstallung usw. Nur wenn sie alles richtig machen, bleibt die hohe Leistung der Tiere mit Blick auf die Tiere auch im moralischen Sinne gerechtfertigt, und das heißt: nicht durch vermeidbare Belastungen der Tiere erkaufte. Wenn sie alles richtig machen, ist die Leistung der Tiere allein kein negativer Indikator. Wenn Hörning (2013,3) schreibt: „Die Zuchtunternehmen haben einen entscheidenden Einfluss auf die Zuchtziele. Sie können Fitnessmerkmale im Gesamtzuchtwert höher gewichten oder Leistungen begrenzen“, dann rückt er dies als Antagonismus enger zusammen als es gehört.

Sind moderne Milchkühe also eine Risiko-Technologie? Und wenn ja, wie ist dies zu kontrollieren? Unter der Bedingung, dass Leistung nicht notwendig auf die Knochen der Tiere geht, kommt es hier wie überall in der Haltung von Nutztieren darauf an, die Verantwortung für das Tierwohl richtig zu organisieren. Hörning [1]: „Dies würde jedoch ein starkes Umdenken erfordern. Landwirte können nur teilweise auf andere Rassen oder andere Zuchttiere zurückgreifen (z.B. Zucht auf Lebensleistung, Ökologischer Gesamtzuchtwert).

Geringere Tierleistungen müssen zudem abgegolten werden.“ Sie müssen als solche gar nicht abgegolten oder vergolten werden – außer eben, die Reduktion der Leistung erbringt eindeutig eine Steigerung des Tierwohls, festgemacht und bezogen auf tierwohlbezogene Parameter, die dies konkret in jeder einzelnen Haltung nachweisen. Dann allerdings ist eine solche Reduktion der Leistung sogar moralisch geboten. Doch wie ist das durchzusetzen, wenn der Tierhalter unter Preisdruck eine Minderleistung seiner Tiere aus eigener Tasche zu zahlen hätte?

Vom anderen Ende der Kette ist hier zunächst nicht viel zu erwarten: „Verbraucher“, schreibt Hörning, „haben derzeit nur in begrenztem Umfang Möglichkeiten, Produkte von Tieren zu erwerben, welche nicht auf Höchstleistungen getrimmt wurden, z.B. Bioprodukte oder Geflügelfleisch aus bäuerlicher Auslauf- oder Freilandhaltung“ [1]. Wo immer Missstände in der Nutztier-Haltung inkriminiert werden, ist der Verbraucher der letzte Dominostein, der fällt. Die typische Kette der Verweise verläuft wie folgt: Die Reihe beginnt bei der konkreten Anklage gegen bestimmte Zustände. Der Tierhalter verteidigt sich, er würde seinen Tieren ja gerne Besseres gewähren, wenn er es denn bezahlt bekäme. Aber der Landwirt sieht sich unter ökonomischem Druck durch den Handel, der seinerseits auf den Einzelhandel verweist, und dieser wiederum auf den Verbraucher: Wäre der Verbraucher nur ein wenig einsichtiger und verantwortungsbewusster, gäbe er nur ein wenig mehr aus – alles wäre gut. Genau hier ist die Verantwortung schon verpufft, denn diejenigen, die unmittelbar ins Geschehen eingreifen, sind schon als diejenigen entschuldigt, die eigentlich Opfer der Umstände geworden sind. Die Verantwortung scheint bei dem zu liegen, der eigentlich am weitesten von der moralisch belasteten Situation entfernt agiert. Die Logik dieser Zuschreibung von Verantwortung läuft der Kausalität der Handlungen strikt entgegen, denn sie setzt darauf: Diesen letzten Dominostein, das Verhalten des Konsumenten, müssen wir wieder aufrichten, und alles kommt ins Lot!

Bei der Zucht wird es nicht funktionieren, beim Verbraucher anzusetzen: „Festzuhalten bleibt, dass zwar bereits in einigen Fällen praktikable Alternativen für den Verbraucher bestehen. An den genannten Problemen wird dies jedoch mittelfristig nur wenig ändern. Die Zuchtproblematik dürfte vielen Verbrauchern deutlich weniger bewusst sein als die Frage artgerechter Haltungsverfahren. Ferner ist eine Aufpreisbereitschaft oft nur gering ausgeprägt“ ([1], S. 15). Wie viele Verbraucher könnten in irgendeiner Weise qualifiziert zum Zusammenhang von Züchtung und Tierwohl urteilen? Und daraus Konsequenzen ziehen?

Der Schlüssel wird an anderer Stelle zu suchen sein: Das Ziel ist, wie gesagt, die Reduktion der Belastung der Tiere, nicht der Leistung. Entsprechend müssen wir Wege finden, das Mehr an Tierwohl zu honorieren.

Eine Form, in der eine echte Partizipation des Verbrauchers an den Zuständen in den Ställen zustande kommen kann, ist ein Tierwohllabel. Kurz gefasst soll zertifiziert werden, dass einzelne Haltungen einen erhöhten Standard von Tierwohl garantieren; das Label soll ihnen ermöglichen, dafür einen höheren Preis zu erzielen. Dies wiederum bietet einzelnen Verbrauchern die Möglichkeit, Tierschutz finanziell zu honorieren. Aber gerade die Zucht ist vom Verbraucher am weitesten entfernt und am schwersten einsehbar. Was es bräuchte, wäre ein Honorierungssystem, das mit einem kleinen Obolus als durchlaufender Posten durch die ganze Kette hindurch letztlich belohnt, was eine echte Verbesserung dort bringt, wo wir sie wirklich wollen, nämlich bei den konkreten Lebensumständen des tierlichen Individuums. Am besten wäre etwas wie eine Branchenlösung, die gegenüber dem Label den Vorteil hat, dass sie nicht nur einigen „Elite-Tieren“ zugute kommt.

Wenn eine entsprechende Prämierung gelänge, würde es *en passant* noch ein zweites Problem sachgerecht auflösen: Dass nämlich die Zucht allein selten das Problem darstellt, sondern das Zusammenspiel zwischen Tieren von bestimmter genetischer Ausstattung mit den jeweils besonderen Umständen, unter denen sie leben und leben müssen. Passt dies zusammen, ist gegen die hohe Leistung nichts zu sagen. Geht dies nicht zusammen und wird zu einer Belastung für die Tiere, würde ein entsprechendes Honorierungssystem Abschläge für den Tierhalter bewirken, was ihn dazu veranlassen könnte, weniger anspruchsvolle Linien und robustere Tiere nachzufragen. Die schwierige Frage, welchen Einfluss Züchtung auf den moralisch entscheidenden Faktor nimmt, nämlich das Wohlergehen der Tiere, wäre dann unter den konkreten Umständen zu beantworten. Es würde da ansetzen, wo unser aller moralische Verpflichtung gegenüber den Nutztieren seinen Kern hat, nämlich ihnen als empfindenden Wesen, als „*experiencing subjects of a life*“ (T. Regan) ein möglichst leidensfreies und ihnen zuträgliches Leben zu ermöglichen.

Literaturverzeichnis

- [1] Hörning, B. (2013): ‚Qualzucht‘ bei Nutztieren.
[http://f-ostendorff.de/fileadmin/datensammlung/dateien/Qualzucht bei Nutztieren Hoerning 15 8 .pdf](http://f-ostendorff.de/fileadmin/datensammlung/dateien/Qualzucht_bei_Nutztieren_Hoerning_15_8_.pdf)
- [2] Richter, T. (2006): Krankheitsursache Haltung. Enke Verlag, Stuttgart

Zuchtziele und gesellschaftliche Verantwortung

Kay-Uwe Götz

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Tierzucht

Zusammenfassung

Zuchtziele haben sich schon immer den gesellschaftlichen Entwicklungen angepasst. Geschah die früher hauptsächlich im Hinblick auf die Nachfrage, kommen heute auch ethische Aspekte, Klimaschutz und Biodiversität hinzu. Zuchtziele an sich sind allerdings nur ein schwaches Steuerungsinstrument, stärker wirkt die (internationale) Nachfrage nach Zuchtprodukten. Die Züchter wünschen sich ebenso wie die Gesellschaft eine stärkere Berücksichtigung von Gesundheit, Robustheit, Nutzungsdauer und „Workability“. Hierzu fehlen aber oft die geeigneten Leistungsprüfungssysteme, denn eine züchterische Bearbeitung ist nur für Merkmale möglich, die auch regelmäßig und in ausreichender Breite gemessen werden. Um dieses Dilemma zu überwinden, müssen Automatisierungspotenziale bei klassischen Leistungsprüfungen konsequent genutzt werden und der Umfang zusätzlicher Leistungsprüfungen durch den intelligenten Einsatz genomischer Verfahren möglichst klein gehalten werden. Eine verstärkte Förderung solcher innovativer und gesellschaftlich wünschenswerter Leistungsprüfungen ist dringend erforderlich.

1 Einleitung

Plötzlich mischen sich Gesellschaft und Medien ein! Diesen Gedanken hat in den vergangenen Jahren sicherlich so mancher Landwirt und auch so mancher Verantwortliche in Zucht und Besamung gehabt. Jahrelang war man als Tierzüchter unter sich und das Leben war schon kompliziert genug. Ein scharfer Wettbewerb sorgte dafür, dass das eigentliche Zuchtgeschäft unter immer weniger Bauern aufgeteilt wurde und immer neue Merkmale im Gesamtzuchtwert machten es immer schwieriger, Tiere zu züchten, die nicht irgendwo eine Schwäche aufwiesen.

Und jetzt auf einmal behaupten die Medien, man hätte alles falsch gemacht und Politiker diskutieren die Einführung von Leistungsbegrenzungen für Nutztiere. Die Bevölkerung demonstriert gegen neue Ställe und in der Schule werden die Kinder über „Massentierhaltung“ aufgeklärt. Politiker, aber auch wissenschaftliche Gutachter stellen Forderungen auf, die teilweise völlig unrealistisch sind, teilweise aber auch schon lange in die Zuchtarbeit integriert sind. Biobetriebe werden als die Alternative dargestellt in völliger Unkenntnis darüber, dass diese weitestgehend dieselben Rassen und Methoden nutzen wie konventionelle Betriebe.

Diese kritische Betrachtung der Aussagen von Medien und Politikern soll nicht in Frage stellen, dass es durchaus viele Bereiche in der Tierzucht und –haltung gibt, in denen Verbesserungen notwendig sind. Dies sehen auch viele Landwirte so und richtig ist auch, dass die moderne Tierzucht einen gewissen Beitrag dazu leisten kann. Genetik ist aber keine

Wunderwaffe und sie kann keinesfalls schlechte Haltungsbedingungen, unzureichende Futterrationen oder einen hohen Keimdruck ausgleichen.

Hehre Ziele alleine bewirken noch gar nichts, vielmehr müssen auch die Rahmenbedingungen zur Erreichung dieser Ziele hergestellt werden und am Ende muss der Verbraucher die neuen, „ethisch höherwertigen“ Produkte nachfragen. Wir werden uns deshalb in diesem Artikel damit beschäftigen, was Zuchtziele eigentlich bewirken können, wie sich die Zuchtziele in den vergangenen Jahren bereits verändert haben, was in den kommenden Jahren möglich wird und welche Folgen das womöglich für die gesellschaftliche Akzeptanz der Nutztierhaltung haben wird.

2 Fachlicher Hintergrund

2.1 Theoretische Grundlagen

Zuchtziele lassen sich in zwei Kategorien einteilen. Zum einen gibt es die „politischen“ Zuchtziele, die sich in nahezu jeder Zuchtbuchordnung finden. Leider werden sie vom Gesetzgeber immer noch gefordert, obwohl sie einen meist unerreichbaren Idealtypus beschreiben und die Zweckmäßigkeit der Zuchtarbeit im Hinblick auf die Erreichung des Zuchtziels wissenschaftlich nicht zu beurteilen ist. Aus diesem Grund gehen viele Websites von Zuchtverbänden mittlerweile dazu über, diese Beschreibungen als Rasseprofil zu bezeichnen. Was den Züchtern wichtig ist und in welchen Relationen die einzelnen Merkmale stehen sollten, versucht man zunehmend über Befragungen herauszufinden [1], leider gibt es bislang keine Befragungen der allgemeinen Bevölkerung, die man den Wünschen der Züchter gegenüberstellen könnte.

Die eigentlichen Zuchtziele sind im 21. Jahrhundert mathematische Funktionen, die es in Verbindung mit den genetischen Parametern einer Rasse und dem Zuchtprogramm ermöglichen, die Selektionserfolge in den züchterisch bearbeiteten, aber auch in den nur erfassten Merkmalen vorherzusagen und die in der Regel als Gesamtzuchtwert bezeichnet werden. Diese Bezeichnung geht zurück auf Hazel (1943) [2], der die mathematische Funktion

$$H = a_1G_1 + a_2G_2 + \dots + a_nG_n$$

als „aggregate Genotype“ bezeichnete. Dabei sind die a_i die Grenznutzen der einzelnen Merkmale und die G_i die wahren Zuchtwerte in den verschiedenen Merkmalen des Zuchtziels. Dieses Zuchtziel gibt vor, in welchen Relationen und in welcher Richtung sich die einzelnen Merkmale verändern. Allerdings umfasst die Vorhersage nur diejenigen Merkmale, die auch im Zuchtziel vorkommen. Für andere Merkmale können die sog. korrelierten Selektionserfolge ebenfalls vorhergesagt werden, allerdings nur unter der Bedingung, dass für diese Merkmale genetische Parameter bekannt sind, was in aller Regel das Vorhandensein einer Leistungsprüfung voraussetzt.

Das Zuchtziel selbst hat keinen Einfluss darauf, wie schnell sich die Merkmale verändern, dies ergibt sich vielmehr aus der Intensität, mit der das Zuchtprogramm durchgeführt wird [3]. Es versteht sich auch von selbst, dass ein Zuchtziel nicht dazu gedacht sein kann, durch Selektion Defizite in Haltung, Fütterung oder Management auszugleichen. Zum einen wäre dies häufig ineffizient und zum anderen ethisch bedenklich.

2.2 Abweichungen vom Optimum

So einleuchtend die Theorie des Selektionsindex bzw. Gesamtzuchtwerts auch ist, so wenig erfolgt in der Praxis die Zucht mit den optimalen Zuchtzielen. Dies liegt zum einen daran, dass das ökonomisch optimale Zuchtziel „keine Moral kennt“. Schon lange bevor sich die Gesellschaft einmischte, haben Rinderzüchter z.B. „optimale“ Zuchtziele abgelehnt, die eine hohe Milchleistungssteigerung auf Kosten von Fruchtbarkeit und Eutergesundheit bewirkt hätten. Diese Abweichungen können entweder objektiv in Form von restringierten Selektionsindizes [4] erfolgen, vielfach werden sie aber auch im Rahmen intensiver Diskussionen von Wissenschaft und Praxis empirisch festgelegt.

Andererseits weichen auch viele Züchtervereinigungen auf Grund von Konkurrenzsituationen vom Optimum ab. So haben beispielsweise in den vergangenen 10 Jahren die meisten Schweinezuchtorganisationen das ökonomische Gewicht auf die Fruchtbarkeitsleistung teilweise um den Faktor drei bis vier erhöht, um den Rückstand zur scheinbar übermächtigen dänischen Konkurrenz auszugleichen. Inzwischen diskutieren auch Fachleute, ob man bei der Fruchtbarkeitsleistung von Schweinen nicht bereits über das Ziel hinausgeschossen ist.

Dieses Beispiel verdeutlicht auch sehr schön die Ambivalenz des Nutztierhalters. Zwar wird auch von Landwirten häufig die Forderung erhoben, die Züchtung solle sich mehr um Gesundheit, Fitness und Langlebigkeit kümmern, betrachtet man aber die Nachfrage nach Samen, dann dominieren nach wie vor leistungsbetonte Vatertiere. Beispielsweise wiesen 2012 die zehn am stärksten eingesetzten Fleckviehbullen in Deutschland einen mittleren Milchwert von 118 und einen mittleren Fitnesswert von 114 auf. Das sieht zwar recht ausgewogen aus und in der Tat hätten die 10 besten Bullen nach Milchwert einen Durchschnitt von 135 in der Milch und nur 104 in der Fitness aufgewiesen. Aber hätte man stattdessen die 10 besten Bullen nach Fitnesswert eingesetzt, hätten diese ebenfalls einen mittleren Zuchtwert von 118 in der Milch gezeigt, aber 134 in der Fitness.

Diese Betrachtung zeigt darüberhinaus, wie filigran die heute geführten Diskussionen eigentlich sind. Alle drei Rankings hätten sowohl zu Verbesserungen in der Milchleistung geführt, als auch zu Verbesserungen der Fitness. Es geht also letztlich nur um graduelle Verschiebungen, wenn man einmal davon absieht, dass die Milch „zu viel“ werden könnte.

2.3 Rechtlicher Rahmen

Die staatlichen Einflussmöglichkeiten auf die Zuchtzielsetzung sind seit der letzten Novelle des Tierzuchtgesetzes äußerst gering. Zwar müssen die Züchtervereinigungen ihrem Antrag auf Anerkennung ein Zuchtziel angeben, allerdings nur ein „politisches“. Es ist der zuständigen Behörde praktisch nicht möglich, eine Anerkennung wegen eines „falschen“ Zuchtziels zu verweigern. In extremen Fällen könnte hilfsweise der §11b des Tierschutzgesetzes herangezogen werden, der „Qualzucht“ verbietet.

Festzuhalten bleibt also, dass der Staat auf die Zuchtzielsetzung nur über die Förderung einwirken kann. Dies ist ein erklärtes Ziel des Paragraphen 1, Abs. 2 des Tierzuchtgesetzes, nämlich „die Leistungsfähigkeit unter Berücksichtigung der Tiergesundheit zu erhalten und zu verbessern“. De facto fördern aber nur noch wenige Bundesländer die Tierzucht in einem wirkungsvollen Umfang. Dies zwingt die dortigen Zuchtverbände dazu, bei Entscheidungen über das Zuchtziel vorrangig den Markt im Auge zu haben und reduziert die Spielräume für wünschenswerte, aber nicht entlohnte Zuchtzielkomponenten.

Glücklicherweise kommen extreme Zuchtziele in der Praxis kaum vor. Dies liegt daran, dass in Deutschland die meisten Zuchtorganisationen noch in bäuerlicher Hand sind und entgegen der öffentlichen Meinung wollen Landwirte keine extremen Tiere, sondern solche, mit denen sich gut arbeiten lässt. Es gibt aber auch Negativbeispiele: In der dänischen Schweinezucht hat es ab dem Ende der neunziger Jahre einen extremen Druck auf Fruchtbarkeit gegeben, der z.B. dazu geführt hat, dass die Wurfgröße in den Jahren 2007 bis 2011 um 1,6 Ferkel angestiegen ist [5]. Inzwischen liegt die mittlere Wurfgröße bei beiden dänischen Mutterrassen über 15 Ferkeln [5], was bedeutet, dass regelmäßig mehr Ferkel als Zitzen da sind.

3 Ansprüche der Gesellschaft

Die Ansprüche der Gesellschaft werden im Detail nur selten ermittelt. Bekannter sind die Forderungen, die von Tierschutzorganisationen, Umweltschützern und anderen Aktivisten aufgestellt und von den Medien transportiert werden. Aus diesem Grund hat die Deutsche Agrarforschungsallianz die Einbeziehung der Gesellschaft in Zieldiskussionen und Denkprozesse auch ausdrücklich gefordert und widmet ihr einen eigenen Forschungscluster [6].

Die Anforderungen der Gesellschaft an eine akzeptable Nutztierhaltung sind vielfältig [7], haben aber nur zum Teil einen Bezug zu den Zuchtzielen. So stößt sich die Mehrheit der Bevölkerung vorrangig an der Größe moderner Tierhaltungen und der sich daraus nach ihrer Meinung ergebenden geringeren Wertschätzung für das einzelne Tier [7] und einer mangelnden Betreuung. Umweltbelastungen durch die Tierhaltung sind ein weiteres Thema, zu dem die Zucht zwar durch verbesserte Ressourceneffizienz beitragen kann, was aber gleichzeitig einen Zielkonflikt mit den Bedenken hinsichtlich der Leistungshöhe darstellt.

Gesundheit und Wohlbefinden der Tiere sind ein weiteres Anliegen der Gesellschaft. Methoden zur züchterischen Verbesserung der Tiergesundheit im engeren Sinne stehen bislang hauptsächlich theoretisch zur Verfügung. Wir wissen zwar, wie man es prinzipiell machen sollte, aber die dazu erforderlichen flächendeckenden Datenerfassungssysteme sind derzeit noch im Aufbau („Was man nicht misst, kann man nicht steuern!“). Eine züchterische Verbesserung des Wohlbefindens wäre theoretisch zwar denkbar, ist aber ethisch in den meisten Fällen kaum vertretbar, denn seitens der Gesellschaft besteht die klare Forderung, dass Tiere nicht durch Zucht an suboptimale Haltungsverfahren angepasst werden sollten.

Man könnte das gesellschaftliche Ziel also so formulieren, dass Zucht und Haltungstechnik gemeinsam resiliente Systeme schaffen sollen, in denen Tiere zwar krank werden können, in denen sie sich aber auch ohne massive Bestandsbehandlungen wieder erholen können.

Die gesellschaftlichen Zielkonflikte können nicht auf wissenschaftlicher Ebene gelöst werden. Beispielsweise wünscht die Gesellschaft gleichzeitig „bäuerliche“ Bestandsgrößen und moderate Leistungen, steht aber dem Landwirt auch ein ausreichendes Einkommen zu [7]. Extensive Produktion wird positiv beurteilt, gleichzeitig hat aber auch der Klimaschutz eine hohe Priorität. Diese Konflikte können nur im permanenten gesellschaftlichen Diskurs bearbeitet werden.

In diesem Zusammenhang ist auch die Frage nach der Rückholbarkeit von Produktivitätsfortschritten von Interesse. Ist ein Produktivitätsfortschritt in Form von (relativ) geringe-

ren Preisen erst einmal beim Verbraucher angekommen, nimmt er ihn als selbstverständlich hin und ist nicht bereit, ihn ohne Protest wieder aufzugeben. Man erinnere sich an die Medienpanik im Jahr 2007, als der Butterpreis vorübergehend um 50% anstieg [8]. International führt kein Weg hinter das gegenwärtige Produktivitätsniveau zurück, national kann man es zumindest versuchen und regional hat man in Regionen mit geringer Tierhaltungsdichte durchaus positive Perspektiven, dem Kunden einen Mehrwert plausibel zu machen.

4 Entwicklungen in der jüngeren Vergangenheit

Entgegen der medialen Darstellung hat sich in der jüngeren Vergangenheit enorm viel getan im Hinblick auf die Verbesserung von Gesundheit und Wohlbefinden der Tiere. Bei der Bewertung dieser Entwicklungen muss man anerkennen, dass die Tierhalter in dieser Zeit unter einem großen und tendenziell zunehmenden Wettbewerbsdruck in Folge der Globalisierung standen. Dennoch wurden bemerkenswerte Fortschritte erzielt.

Bereits Mitte der neunziger Jahre wurden in der deutschen Rinderzucht die ersten Zuchtwertschätzungen für Fruchtbarkeit, Kalbeverlauf und Totgeburten eingeführt. Eine konsequente lineare Beschreibung der Nachkommenschaften von Bullen hat nicht nur zu einem verbesserten Körperbau geführt, sondern auch tierwohlrelevante Exterieurmängel wie hessige Stellung, lose Schulter oder Rollklaue mit erfasst. Anfang des Jahrtausends wurde dann mit der Einführung der Zuchtwertschätzung Nutzungsdauer ein wichtiger Durchbruch erzielt, der den jahrzehntelangen schleichenden Rückgang der Nutzungsdauer wirksam stoppen konnte (Abb. 1).

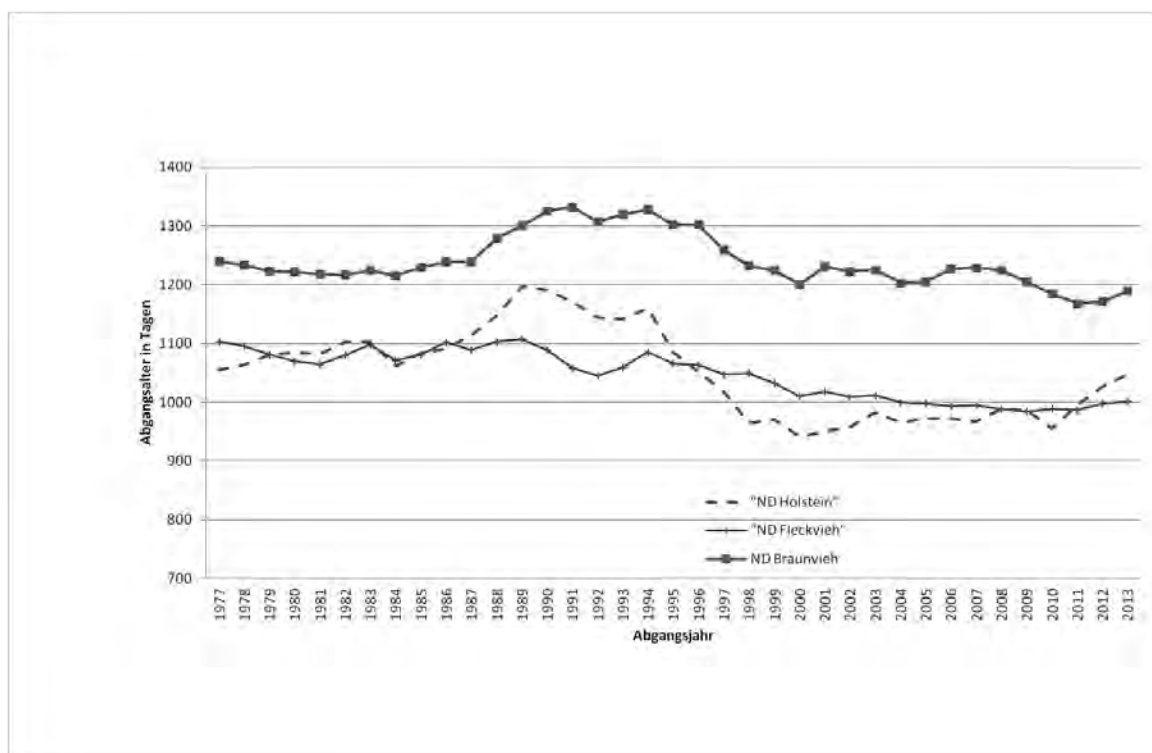


Abbildung 1: Entwicklung der Nutzungsdauer der drei wichtigsten Rassen in Bayern (Quelle: LKV Bayern)

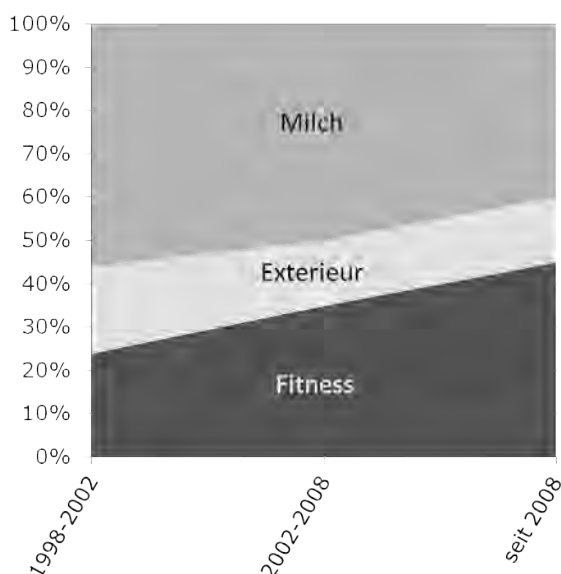


Abbildung 2: Entwicklung des Anteils Fitness im RZG der Rasse Dt. Holsteins

Seit 2009 wurde in Österreich ein Gesundheitsmonitoring in Rinderbeständen eingeführt und seit Ende 2010 gibt es Gesundheitszuchtwerte für österreichische Besamungsbullen in den Merkmalen Mastitis, frühe Fruchtbarkeitsstörungen, Milchfieber und Zysten. Bayern und Baden-Württemberg bauen derzeit ihre Gesundheitsmonitoringsysteme auf. Wie alle Fitnessmerkmale zeigen auch die Gesundheitsmerkmale eine niedrige Heritabilität, d.h. eine breite und stabile Datengrundlage ist für den Erfolg äußerst wichtig.

Neben der Tatsache, dass Zuchtwerte in Fitnessmerkmalen geschätzt werden ist ebenso von Bedeutung, wie hoch diese im Gesamtzuchtwert gewichtet sind. Abb. 2 zeigt den Anteil der Fitness im Gesamtzuchtwert (RZG) der Deutschen Holsteins seit 1998. In dieser Zeit ist der Leistungsanteil von 56% auf 45% gesunken und der der unmittelbaren Fitnessmerkmale von 24% auf 45% gestiegen. Berücksichtigt man, dass auch die Exterieurmerkmale fitnessrelevant sind, kann man diesen Gesamtzuchtwert durchaus als „fitnessbetont“ bezeichnen. Ganz ähnlich ist die Situation bei Fleckvieh und Braunvieh.

In der Schweinezucht gibt es zwar ebenfalls positive Entwicklungen, aber eine intensive züchterische Bearbeitung wird dadurch erschwert, dass die kleinen Zuchtstufen in der Schweinezucht einfach nicht genügend Daten liefern, um sichere Zuchtwerte schätzen zu können. Ein flächendeckendes System von Identifikation und Abstammungsaufzeichnungen wäre deshalb dringend wünschenswert, wenn wir auf den gesellschaftlich relevanten Feldern vorankommen wollen. Ein wichtiger Schritt war die Stresssanierung der Mutterrassen Mitte der neunziger Jahre und die Zucht stressresistenter Pietrainschweine. Damit konnten stressempfindliche Mastschweine quasi auf Null reduziert werden und gleichzeitig ergab sich eine signifikante Verbesserung der Fleischqualität. Der konsequente Abschluss der Stresssanierung bei der Rasse Pietrain wäre unbedingt wünschenswert im Hinblick auf die gesellschaftliche Akzeptanz.

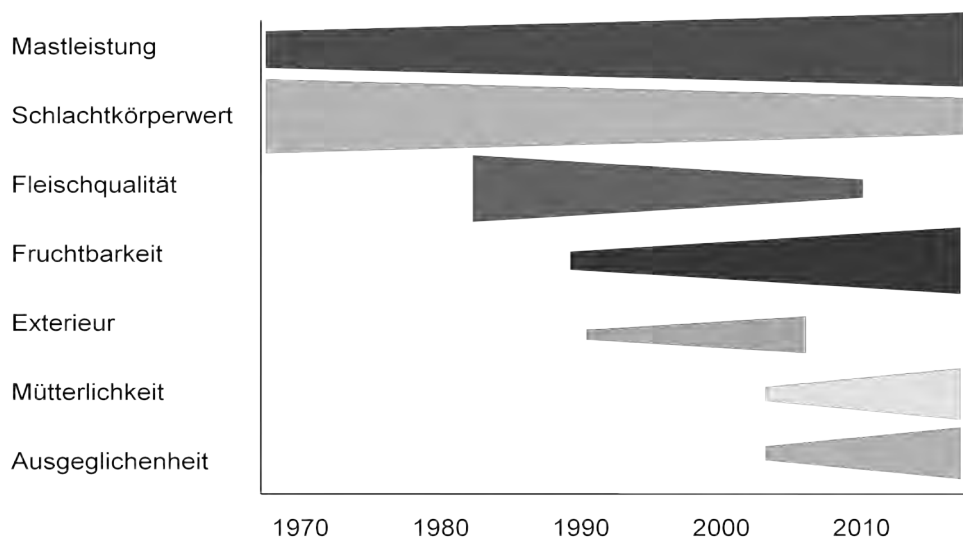


Abbildung 3: Schematische Darstellung der Entwicklung der Bedeutung von Merkmalskomplexen in Zuchtzielen für Schweine (Götz, 2009)

Neuere Entwicklungen bringen eine Reihe von weiteren züchterischen Herausforderungen mit sich. So erfordert z.B. die absehbare Zunahme der Mast intakter männlicher Tiere intensive Forschungsarbeiten im Hinblick auf die Merkmale Ebergeruch und Eberverhalten. Ähnlich sieht es mit anderen Verhaltensauffälligkeiten wie z.B. Schwanzbeißen aus. Mütterliches Verhalten von Sauen und Federpicken beim Geflügel sind weitere Aufgaben im Bereich der Verhaltensmerkmale. Charakteristisch ist für diese Merkmale, dass sie zum einen sehr aufwändig zu erheben sind und zum anderen komplizierte statistische Modelle erfordern [9]. Andere Verhaltensmerkmale wie Umgänglichkeit/Nervosität sind derzeit in der Entwicklung.

Eine große Herausforderung stellt das Erbfehlermanagement dar. Durch die neuen technischen Möglichkeiten der Genomanalyse in Verbindung mit hochinformativen Sequenzdaten wächst den Tierzüchtern auch eine erhöhte Verantwortung für das züchterische Management von Erbfehlern und tierwohlrelevanten Einzelgenorten zu. Die heutigen Möglichkeiten haben zum einen eine enorme Geschwindigkeit der Aufklärung der genetischen Ursachen zur Folge und zum anderen eine wesentlich bessere Differenzierung. Phänotypen, die man früher als umweltbedingt klassifiziert hat, weil sich bei Segregationsanalysen kein klarer Erbgang ergab, lassen sich heute in mehrere ursächliche Einzelgenorte unterscheiden [10, 11].

Die Entwicklungslinien sind bei Rind und Schwein derzeit noch unterschiedlich. Während beim Rind mittlerweile zahlreiche Einzelgenorte bekannt sind und alle KB-Bullen untersucht wurden, arbeitet man beim Schwein nach wie vor mit Nachkommenprüfungsergebnissen. Der kürzlich eingeführte Anomalienwert [12] verbessert zwar die Bekämpfung, aber klar ist auch, dass mittelfristig auch beim Schwein derselbe Weg eingeschlagen werden wird wie beim Rind.

5 Diskussion

Betrachtet man die obigen Aussagen muss man zunächst einmal feststellen, dass es den deutschen Tierzüchtern nicht gelungen ist, im gesellschaftlichen Dialog die vielfältigen Verbesserungen angemessen zu vermitteln. Moderne Zuchtziele berücksichtigen Tierwohlaspekte in vielfältiger Weise und fast alle aktuellen Methodenentwicklungen beschäftigen sich mit Merkmalen, die eine Verbesserung der gesellschaftlichen Akzeptanz bewirken können. Auch die Züchter wünschen sich problemlose Tiere, die dauerhaft angemessene Leistungen erbringen können [1], allein die Methodenentwicklung und vor allem der Aufbau geeigneter Datenerfassungssysteme braucht Zeit und Fördermittel.

Unstrittig ist, dass wenn wir die Erwartungen der Gesellschaft an eine akzeptable Nutztierhaltung erfüllen wollen, wir mehr messen müssen! Dabei kann es aber nicht um entweder/oder gehen. Wir brauchen die klassischen Leistungsmerkmale, denn auch diese sind tierwohlrelevant. Wenn wir also zusätzliche Merkmale benötigen, entstehen zusätzliche Kosten, die im Wettbewerb kurz- und mittelfristig wohl nicht entlohnt werden. Staatliche Förderungen sollten deshalb durchaus stärker auf Gesundheit und Robustheit konzentriert werden. Dies kann aber nicht überfallartig geschehen, denn zunächst müssen die Rationalisierungspotenziale in den klassischen Leistungsprüfungen ausgeschöpft werden, damit neue Spielräume entstehen. Diese Rationalisierungspotenziale bestehen in einer zunehmenden Automatisierung und einer sich fortentwickelnden Sensorik, aber auch in der Überprüfung der Notwendigkeit bzw. Substituierbarkeit vorhandener Leistungsprüfungen.

Gesellschaftliche Verantwortung im Hinblick auf die Zuchtziele beschränkt sich jedoch nicht allein auf das Tierwohl. Umwelt- und Klimaschutz und der Erhalt unserer Kulturlandschaft sind ebenfalls Werte von hoher gesellschaftlicher Bedeutung. Im globalen Maßstab besteht die Verantwortung auch darin, tierische Erzeugnisse dort zu erzeugen, wo die höchste Effizienz besteht. Dies ist umweltökonomisch aber nur dann vorteilhaft, wenn enge staatliche Leitplanken ein ungehemmtes Wachstum verhindern (Jevons' Paradox [13]).

Insgesamt ist also die Politik gefragt, sich nach Jahren der Liberalisierung wieder stärker in die Tierzucht einzubringen. Das Ziel müssen dabei gesellschaftlich relevante Verbesserungen sein, ohne dass die Produktion ins Ausland verdrängt wird. Dies kann über unmittelbare Förderungen geschehen, es bedarf aber auch einer intensiven Forschungsförderung. Industrielle Tierzucht ist noch in keinem Fall ein Musterbeispiel für gesellschaftliche Rücksichtnahme und Umweltverantwortung gewesen. Dennoch wird ein weiteres laissez-faire dazu führen, dass nach dem Geflügel auch der Schweinesektor züchterisch in der Hand weniger internationaler Konzerne konzentriert wird. Langfristig droht das auch der Rinderzucht, es bedarf nur eines relevanten Technologieschritts.

Den Tierzüchtern fällt die Aufgabe zu, den gesellschaftlichen Dialog zu intensivieren. Dies ist besonders deshalb eine Herausforderung, weil die medienwirksamsten Gegner moderner Tierhaltungen in die Kategorie der Totalverweigerer einzuordnen sind. Ein Dialog mit ihnen ist sinnlos, weil diesen keine Genetik und keine Haltungsförmung zufriedenstellend erscheinen. Die Strategie sollte daher darin bestehen, die schweigende vernünftige Mehrheit überzeugend aufzuklären. Dabei muss aber berücksichtigt werden, dass sich auch deren Werte im Wandel befinden und dass sich Zuchtziele daran zu orientieren haben. Welche Werte welche Bedeutung haben und wie sie sich im Verhältnis zu den großen Zielkonflikten darstellen, ist noch intensiv zu erforschen.

6 Schlussfolgerungen

Viele drängende Konflikte zwischen Tierhaltern und Gesellschaft sind nicht durch Züchtung lösbar. Dennoch haben die Tierzüchter ihre eigenen Bereiche, in denen gesellschaftliche Konflikte drohen. Das sind zum einen (scheinbar) überzogene Leistungsniveaus, zum anderen aber auch die relativ kurze Nutzungsdauer von Tieren oder gesundheitliche Probleme. Zukünftige Zuchtziele werden deshalb fitnessbetonte Gesamtzuchtwerte sein, die strengen Rahmenbedingungen im Hinblick auf das Erbfehlermanagement unterliegen werden. Sie werden ergänzt durch eine straffere Kontrolle über das Zuchtgeschehen, die erforderlich ist, wenn alle vier Teilziele Leistung, Fitness, Erbfehlerkontrolle und Inzuchtkontrolle erreicht werden sollen.

7 Literaturverzeichnis

- [1] Steininger, F.; Fürst-Waltl, B.; Egger-Danner, C. (2013): Welche Anforderungen stellen Züchter an die Kühe?. in: Die beste Kuh für's Gras, Salzburg, 21.03.2013. Hrsg. Zentrale Arbeitsgemeinschaft österr. Rinderzuchtorganisationen.
<http://www.zar.at/filemanager/download/23788/>
- [2] Hazel, L.N. (1943): The genetic basis for constructing selection indices. *Genetics* 28: 476
- [3] König, S.; Swalve, H.H. (2009): Application of selection index calculations to determine selection strategies in genomic breeding programs. *J Dairy Sci* 92: 5292
- [4] Kempthorne, O.; Nordskog, A. (1959): Restricted selection indices. *Biometrics* 15: 10
- [5] Danish Pig Research Center (2012): Annual Report 2011. ISBN 87-91460-22-0
- [6] Deutsche Agrarforschungsallianz (2012): Fachforum Nutztiere - Wissenschaft, Wirtschaft, Gesellschaft – gemeinsam für eine bessere Tierhaltung.
http://www.dafa.de/fileadmin/dam_uploads/images/Fachforen/Brosch-DAFA-FFNutztiereWeb.pdf
- [7] Kayser, M; Schlieker, K.; Spiller, A. (2012): Gesellschaftlich keine Unterstützung. *Fleischwirtschaft* 2/2012: 8.
- [8] N.N. (2013): Entwicklung der Lebensmittelpreise in Nordrhein-Westfalen seit 1995.
http://www.it.nrw.de/statistik/querschnittsveroeffentlichungen/Statistik_kompakt/ausgabe1_2013/index.html
- [9] Turner, S.P. (2011): Breeding against harmful social behaviours in pigs and chickens: State of the art and the way forward. *Appl Anim Behav Sci* 134:1.
- [10] Buitkamp, J.; Semmer, J.; Götz, K.-U. (2011): Arachnomelia syndrome in Simmental cattle is caused by a homozygous 2-bp deletion in the molybdenum co-factor synthesis step 1 gene (MOCS1). *BMC Genetics* 12:11.
- [11] Drögemüller, C.; Tetens, J; Sigurdsson ,S.; Gentile, A.; Testoni, S. et al. (2010): Identification of the Bovine Arachnomelia Mutation by Massively Parallel Se-

quencing Implicates Sulfite Oxidase (SUOX) in Bone Development. PLoS Genet 6(8): e1001079. doi:10.1371/journal.pgen.1001079

- [12] Dodenhoff, J. (2013): Anomalien hinausdrängen. BLW 42:42.
- [13] Polimeni, J.; Mayumi, K.; Giampietro, M.; Alcott, B. (2008): The Jevons Paradox and the Myth of Ressource Efficiency Improvements. Earthscan, New York.

Internationale genomische Zuchtprogramme beim Rind

R. Emmerling, C. Edel, K.-U. Götz

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Tierzucht

Zusammenfassung

Die Rassen Fleckvieh und Braunvieh werden in Bayern intensiv im Rahmen von Zuchtprogrammen züchterisch bearbeitet. Bei beiden Rassen wurde in den letzten 20 Jahren verstärkt auf die Zusammenarbeit bei Leistungsprüfung, Zuchtwertschätzung und Zuchtprogrammen über Ländergrenzen hinweg gesetzt. Seit 2002 gibt es eine sehr erfolgreiche Zusammenarbeit zwischen Bayern, Baden-Württemberg und Österreich im Rahmen einer länderübergreifenden Zuchtwertschätzung für Deutschland und Österreich. In 2011 wurde diese Zusammenarbeit auf die genomische Zuchtwertschätzung ausgeweitet. Als Ergebnis stehen den Zuchtprogrammen beider Rassen direkt vergleichbare Zuchtwerte für alle Bullen und Kühe der gemeinsamen Population zur Verfügung. In weiteren Entwicklungsstufen erfolgt beim Fleckvieh eine Ausweitung der Zusammenarbeit auf Tschechien und Italien, so dass die Grundlagen zu einer engen Zusammenarbeit zwischen den wichtigsten Teilpopulation der Doppelnutzungsrasse Fleckvieh gelegt sind. Die Rasse Braunvieh hat über die internationale Zuchtwertschätzung bei Interbull die Möglichkeit, die besten internationalen Braunviehbullen für ihr Zuchtprogramm einzusetzen. Die Zusammenarbeit im Projekt InterGenomics ermöglicht darüber hinaus einen unkomplizierten Austausch von Genotypen unter den wichtigsten Braunviehpopulationen weltweit.

Die aufgebauten länderübergreifenden Verfahren zur Genomischen Selektion in Deutschland und Österreich liefern grundlegende Informationen zur Selektion im Rahmen der Zuchtprogramme. Insgesamt wurden im Jahr 2013 schon 9.900 Selektionskandidaten genotypisiert und genomisch optimierte Zuchtwerte geschätzt. Aus diesen Kandidaten werden die zukünftigen Besamungsbullen selektiert, wobei Selektionsquoten von etwa 1:18 bei beiden Rassen aktuell angewendet werden. Durch den breiten Einsatz genomischer Jungvererber in der Population ohne vorgeschalteten Nachkommenprüfungseinsatz kann das Generationsintervall auf den väterlichen Selektionspfaden deutlich verkürzt und damit der genetische Fortschritt der Populationen erhöht werden. Die Genotypisierung von weiblichen Tieren wird zukünftig eine größere Rolle spielen. Neben den genomischen Zuchtwerten werden die Genotypen auch in Bezug auf die Selektion von genetischen Besonderheiten, wie der natürlichen Hornlosigkeit, und die Berücksichtigung von Erbfehlern in den Zuchtprogrammen an Bedeutung gewinnen.

1 Einleitung

Die Rassen Fleckvieh und Braunvieh werden in Bayern im Rahmen von Zuchtprogrammen züchterisch intensiv bearbeitet. Die beiden Rassen liegen mit gut 25 und 5 Prozent Rasseanteil an den gesamtdeutschen Herdbuchkühen auf Rang 2 und 3 hinter der Rasse Holstein (Schwarz- und Rotbunt). Die Anzahl der Herdbuchkühe in Bayern beträgt

591.000 Fleckvieh- und 121.000 Braunviehkühe und repräsentiert somit 86 bzw. 79 Prozent des gesamten Herdbuchbestands dieser Rassen in Deutschland. Der Gestaltung der bayerischen Zuchtprogramme kommt daher im Hinblick auf die züchterische Fortentwicklung von Fleckvieh und Braunvieh eine große Bedeutung zu.

Die Grundlage der Zuchtprogramme bilden umfangreiche Leistungsprüfungen und eine leistungsfähige Zuchtwertschätzung. Auf beiden Gebieten hat es enorme Weiterentwicklungen in den letzten Jahrzehnten gegeben, was vor allem auf dem Gebiet der Zuchtwertschätzung zu einer intensiveren internationalen Verknüpfung der Populationen geführt hat. Diese Entwicklungen werden und wurden durch die wissenschaftlich gesicherte Erkenntnis gefördert, dass eine Selektion innerhalb größerer Populationen in der Regel auch zu Vorteilen im erzielbaren Zuchtfortschritt führt. Mit dem Einzug von Besamungszuchtprogrammen Mitte der 1960er wurde die Grundlage für den in den letzten Jahrzehnten vorherrschenden intensiven Spermaaustausch von Besamungsbullen geschaffen. Insbesondere die internationale Verbreitung der Rasse Holstein hat zu einer zunehmenden weltweiten Vermarktung von Besamungsbullen geführt. Auch die intensive Einkreuzung von Brown Swiss ab Ende der 1960er Jahre in die europäischen Braunviehpopulationen kann als Beispiel für einen regen Austausch genetischen Materials zwischen verschiedenen Populationen und den daraus resultierenden Einflüssen auf die nationalen Zuchtprogramme dienen.

Der internationale Austausch von Bullengenetik mit der Nutzung in den nationalen Zuchtprogrammen hatte zwei unterschiedliche Entwicklungen zur Folge: 1) In einer wesentlich von den Besamungsorganisationen vorangetriebenen Entwicklung wurde Interbull gegründet und eine Mehrländer-Zuchtwertschätzung (MACE= multiple accross country evaluation) für Besamungsbullen Mitte der 1990er Jahre eingeführt. Ziel ist, eine Reihung der international verfügbaren Besamungsbullen nach Vererbungsleistung zu ermöglichen. 2) Eine deutlich weitergehende Entwicklung stellt die seit dem Jahr 2002 in Deutschland und Österreich länderübergreifend durchgeführte Zuchtwertschätzung für die Rassen Fleckvieh und Braunvieh dar, die direkt basierend auf den Daten weitgehend harmonisierter Leistungsprüfungen durchgeführt wird.

Beide Entwicklungen hatten einen deutlichen Einfluss auf die Zuchtprogramme. Mit der Einführung der Genomischen Selektion in der Rinderzucht mussten beide Vorgehensweisen in den letzten Jahren wiederum weiterentwickelt werden, um die Zusatzinformationen basierend auf den molekulargenetischen Daten möglichst optimal nutzen zu können.

Anhand der Rassen Fleckvieh und Braunvieh sollen im Folgenden die Entwicklungen und aktuellen Umsetzungen von länderübergreifenden Strategien bei der Zuchtwertschätzung als Grundlage der Zuchtprogramme beschrieben werden.

2 Länderübergreifende Zuchtwertschätzung als Grundlage von Zuchtprogrammen

Interbull-MACE Zuchtwertschätzung

Die Grundlage der Selektion innerhalb von modernen Zuchtprogrammen bilden die geschätzten Zuchtwerte als Vorhersage der Vererbungsleistung einzelner Tiere. Bei rein nationalen Zuchtwertschätzverfahren werden komplexe statistische Modelle verwendet, um Ergebnisse der Leistungsprüfung möglichst vollständig um Umwelteinflüsse zu korrigieren und die Zuchtwerte möglichst gut zu schätzen. Das von Interbull im Jahr 1994 eingeführte MACE-Verfahren [1] führt die national geschätzten Bullenzuchtwerte aus den teil-

nehmenden Ländern zusammen und berücksichtigt dabei die verwandtschaftlichen Beziehungen der Bullen und die genetische Korrelation zwischen den Leistungserfassungen desselben Merkmals in den verschiedenen Ländern. Diese Korrelationen sind dabei ein Hinweis auf die Vergleichbarkeit der betrachteten Merkmale in den Ländern und hängen direkt mit den zugrundeliegenden Leistungsprüfungsdaten zusammen. Als Ergebnis werden alle zusammengeführten Bullen in einer gemeinsamen Rangierung auf dem Niveau eines jeden Landes zurückgeliefert. Um die Vergleichbarkeit der nationalen Zuchtwertschätzergebnisse zwischen den Ländern besser abzusichern, wurden aufwendige Euro-Testeinsätze von Bullen simultan in unterschiedlichen Ländern durchgeführt [2].

Für die nationalen Zuchtprogramme ist es mit MACE-Zuchtwerten möglich, die besten Bullen weltweit zu selektieren und so im eigenen Zuchtprogramm zu nutzen. Für die Besamungsorganisationen stellen die MACE-Zuchtwerte nach wie vor eine wichtige Grundlage zur weltweiten Vermarktung von nachkommengeprüften Bullen dar. Die Ergebnisse der MACE-Zuchtwertschätzung werden bislang sehr intensiv bei den Rassen Holstein, Jersey, Guernsey, Red Dairy Cattle und auch beim Braunvieh genutzt. So nehmen beispielsweise aktuell 31 Länder an der MACE-Zuchtwertschätzung der Rasse Holstein in den Milchleistungsmerkmalen teil. Bei den Rassen Braunvieh und Fleckvieh sind es aktuell 10 bzw. 11 Länder [3]. Interbull bietet den Service für insgesamt sieben Merkmalskomplexe an drei Terminen jährlich an. Die deutsche Braunviehpopulation nimmt in allen verfügbaren Merkmalen an der MACE-Zuchtwertschätzung teil, während Fleckvieh nur bei den Milchleistungsmerkmalen und bei der Zellzahl teilnimmt.

Für Fleckvieh und Braunvieh hat die internationale MACE-Zuchtwertschätzung in den Jahren 1997 bis 2002 die Grundlage für eine engere Zusammenarbeit der nationalen Zuchtprogramme in Deutschland und Österreich gelegt. Jedoch sind insbesondere bei Merkmalen mit niedriger Erblichkeit und heterogener Leistungserfassung in den teilnehmenden Ländern dem MACE-Verfahren klare Grenzen gesetzt. Besonders im Bereich der funktionalen Merkmale sind national komplexe Verfahren zur Zuchtwertschätzung etabliert worden, deren Ergebnisse über Ländergrenzen hinweg nur schwer vergleichbar sind. Durch die notwendigen approximativen Annahmen im MACE-Verfahren verlieren die Ergebnisse dann einiges an Trennschärfe zur Rangierung der Bullen im Rahmen der nationalen Zuchtprogramme. Zudem gibt es für einen Teil der national definierten Selektionsmerkmale keine MACE-Zuchtwertschätzverfahren. Für die deutsch-österreichischen Populationen von Fleckvieh und Braunvieh sind das die Merkmale Persistenz, Totgeburtensrate, einige Exterieurmerkmale und die gesamten Fleischleistungsmerkmale.

Ein weiterer wesentlicher Nachteil der MACE-Zuchtwertschätzung ist die Beschränkung auf Bullenzuchtwerte. Kuhzuchtwerte können zwar mit Hilfe von Regressionsgleichungen, basierend auf Bullen mit töchterbasierten Zuchtwerten in mehreren Ländern aus MACE abgeleitet werden. Die Ergebnisse einer solchen Umrechnung sind jedoch für Kühe noch stark abhängig von den angewendeten Zuchtwertschätzverfahren des Herkunftslandes und deshalb nur eingeschränkt vergleichbar. Beispielhaft könnte man hier die Verfahren zur Korrektur von heterogenen Varianzstrukturen zwischen verschiedenen Herden nennen, die einen starken Einfluss auf die Rangierung der Bullenmütter haben [4], jedoch in verschiedenen Ländern gar nicht oder nur eingeschränkt angewendet werden.

Länderübergreifende Zuchtwertschätzung basierend auf Leistungsdaten

Bei der bayerischen Fleckvieh- und Braunviehpopulation verfolgt man nun schon seit fast 20 Jahren einen deutlich erweiterten Ansatz zur Verbesserung der Daten- und Selektionsbasis für die Zuchtwertschätzung und die darauf basierenden Zuchtprogramme. Seit 1995 arbeiten Bayern und Baden-Württemberg im Rahmen einer gemeinsamen Zuchtwertschätzung basierend auf den kombinierten Leistungsprüfungsdaten beider Länder sehr eng zusammen. Im Vergleich zum MACE Verfahren werden in dieser Schätzung die Umwelteinflüsse und Zuchtwerte für alle Tiere, Bullen und Kühe, simultan in einem Zuchtwertschätzverfahren geschätzt. Eine einheitliche Modellierung der Daten mit einheitlichen genetischen Parametern garantiert die volle Vergleichbarkeit aller geschätzten Zuchtwerte. Als Ergebnis können alle Bullen und Kühe objektiv verglichen und die besten Tiere für die Zuchtprogramme länderübergreifend selektiert werden.

Im Jahr 2000 wurde diese Zusammenarbeit um die Fleckvieh- und Braunviehpopulationen in Österreich erweitert. Diese weltweit erste große länderübergreifende Zuchtwertschätzung wurde für alle Merkmale der Zuchtwertschätzung bis zum Jahr 2002 umgesetzt. Die gute genetische Verknüpfung der beiden Populationen mit einer sehr gut harmonisierten Leistungsprüfung in vielen Merkmalskomplexen bot gute Grundvoraussetzungen für eine gemeinsame Zuchtwertschätzung. Neben der Einführung des Rinderdatenverbundes in Österreich, Bayern und Baden-Württemberg in der Haltung der Leistungsprüfungs- und Abstammungsdaten haben auch die vielen länderübergreifenden Exterieurschulungen zu einer merklichen Vereinheitlichung der Leistungsprüfungsdaten geführt.

Als Ergebnis stehen den Zuchtorganisationen seit über 10 Jahren direkt vergleichbare Ergebnisse aus einheitlichen Zuchtwertschätzmodellen für über 40 Einzelmerkmale bei beiden Rassen zur Verfügung. Über die gemeinsame Zuchtwertschätzung der Einzelmerkmale hinaus wird seit 2002 auch ein länderübergreifender Gesamtzucht-, Milch-, Fleisch- und Fitnesswert berechnet.

Die in Tabelle 1 aufgeführten Verknüpfungen zwischen den Populationen in Bayern, Baden-Württemberg und Österreich zeigen die praktischen Auswirkungen der intensiven Zusammenarbeit auf die Abstammung der Besamungsbullen, dem wichtigsten Selektionspfad im Zuchtprogramm. Durch die enge Zusammenarbeit in den letzten beiden Dekaden kommt es zu einer starken Nutzung der Genetik über Landesgrenzen hinweg. Während die bayerische Fleckviehgenetik einen deutlichen Einfluss auf die in Baden-Württemberg und Österreich geborenen Besamungsbullen hat, fällt beim Braunvieh die nach wie vor starke Verknüpfung zur Brown-Swiss Population in den USA auf.

Tab. 1: Herkunft der Väter und Muttersväter von Bullen der Geburtsjahre 2000 bis 2008 an Besamungsstationen in Deutschland und Österreich aufgetrennt nach Geburtsland der Besamungsbullen.

Geburtsland KB-Bulle	Anzahl	Herkunft Vater						Herkunft Muttersvater					
		BY	BW	AUT	US A	IT A	CH E	BY	BW	AU T	US A	IT A	CH E
Fleckvieh													
Bayern	4279	85,3	2,3	12,4				90,7	2,9	5,4			
B.-W.	419	74,0	17,2	8,8				64,4	31,3	0,7			
Österreich	1144	59,5	2,0	38,5				41,8	1,7	49,4			
Braunvieh													
Bayern	818	46,8	9,2	0,9	31,8	5,5	5,9	45,4	10,4	0,1	34,6	6,7	2,8
B.-W.	132	25,8	17,4	0,0	41,7	12,1	3,0	11,4	25,0	0,0	48,5	14,4	0,0
Österreich	226	15,9	4,0	6,6	59,7	6,2	7,5	13,3	2,7	14,6	60,2	5,3	4,0

Das Konzept der länderübergreifenden Zuchtwertschätzung DEU-AUT hat für die beiden Rassen Fleckvieh und Braunvieh einen unterschiedlichen Stellenwert. Beiden Rassen gemeinsam kommt zugute, dass durch die gemeinsame Zuchtwertschätzung eine deutlich breitere Datenbasis für die Zuchtwertschätzung und die Zuchtprogramme verwendet wird. Die Selektionsbasis für Bullen und Kühe ist somit größer und Vorteile im genetischen Fortschritt der gemeinsamen Rinderpopulationen sind nachweisbar. Die gemeinsame Population in Deutschland und Österreich umfasst beim Fleckvieh einen großen Teil der weltweit verfügbaren Kernpopulation der Doppelnutzungsrasse und durch die bereits laufende Ausweitung der Zuchtwertschätzung auf die Fleckviehpopulation in Tschechien nimmt die Bedeutung der MACE-Zuchtwertschätzung beim Fleckvieh weiter ab. Die Entwicklungen bei den Rassen Swiss-Fleckvieh (Schweiz) und Montbéliard (Frankreich) haben diese Rassen in den letzten Jahren sehr deutlich vom Doppelnutzungstyp entfernt und die Nutzung von Bullen aus diesen Populationen in den deutsch-österreichischen Zuchtprogrammen ist derzeit unbedeutend.

Anders ist die Situation bei der Rasse Braunvieh. Hier erfolgt nach wie vor eine starke Nutzung von US-Genetik in den deutschen und österreichischen Zuchtprogrammen. Durch die guten Zuchtfortschritte im bayerischen Braunviehzuchtprogramm kommt es in den letzten Jahren auch zu einem umgekehrten Genfluss aus Bayern in Richtung der Braunviehpopulationen weltweit. Das bedeutet wiederum, dass die MACE-Zuchtwertschätzung eher an Stellenwert für die bayerischen Braunviehorganisationen gewinnt.

3 Zeitalter der genomischen Selektion

Seit im Jahr 2006 erstmalig anhand einfacher Planungsrechnungen der Nutzen von genomischen Zuchtwerten in Form einer deutlichen Zunahme des genetischen Fortschrittes bei gleichzeitiger Einsparung von Kosten im Zuchtprogramm skizziert wurde [5] ist weitgehend unbestritten, dass die genomischen Zuchtwerte eine wesentliche Rolle in Zuchtprogrammen beim Rind spielen können. Im Vordergrund steht dabei eine Verkürzung des Generationsintervalls auf dem Bullenvaterpfad durch den Wegfall der Prüfeinsatzperiode von Besamungsbullen. Junge Selektionskandidaten können anhand ihrer genomischen Zuchtwerte direkt als Bullenväter selektiert werden und müssen nicht mehr zwangsweise die dreieinhalbjährige Nachkommenprüfung durchlaufen. Zudem entfallen die Kosten der Wartebullenhaltung, da die jungen Vererber direkt breit in der Population eingesetzt werden können.

Bei den Rassen Fleckvieh und Braunvieh wurde die genomische Zuchtwertschätzung als zusätzliches Selektionswerkzeug im Jahr 2011 eingeführt [6][7]. Die Grundvoraussetzungen zur Entwicklung von genomischen Zuchtwertschätzverfahren waren für beide Rassen günstig. Das Prinzip dieser Verfahren besteht in der Verknüpfung von molekulargenetischen Daten aus der Hochdurchsatztypisierung (SNP-Marker) mit Zuchtwerten von sicher nachkommen-geprüften Bullen (Kalibrierungsschritt). Diese Verknüpfungen werden dann zur Vorhersage der Vererbungsleistung von jungen Selektionskandidaten verwendet, für die ausschließlich SNP-Markerdaten zur Verfügung stehen (Vorhersageschritt). Für den Kalibrierungsschritt sind Zuchtwerte aus möglichst genauen Zuchtwertschätzverfahren notwendig und diese wiederum sind abhängig von den zugrundeliegenden Daten der Leistungsprüfung. Beide Bereiche, Zuchtwertschätzung und Leistungsprüfung, waren durch die Zusammenarbeit von Deutschland und Österreich auf dem Gebiet der konventionellen Zuchtwertschätzung bereits vereinheitlicht und standen somit für die Entwicklung einer genomischen Zuchtwertschätzung unmittelbar zur Verfügung.

Entscheidend für die Höhe der Zuchtwertsicherheit und damit für die Qualität der Zuchtwertvorhersage junger Selektionskandidaten ist die Anzahl der Bullen im Kalibrierungsschritt. Generell gilt, dass eine größere Kalibrierungsgruppe zu einer höheren Sicherheit der genomischen Zuchtwerte führt [8]. In den ersten praktischen Arbeiten zur Genomischen Selektion wurde eine Größenordnung von mindestens 2.000 Bullen für die Entwicklung einer genomischen Zuchtwertschätzung, deren Ergebnisse auch in Zuchtprogrammen eingesetzt werden können, gefordert. Bei den Rassen Fleckvieh und Braunvieh wurde deshalb ab 2009 an einer länderübergreifenden gemeinsamen Nutzung von Genotypisierungsergebnissen (Genotypenpool) gearbeitet, um möglichst viele Genotypen von nachkommengeprüften Bullen für die genomische Zuchtwertschätzung zu sammeln. Es konnten hierfür Genotypen aus mehreren Forschungsprojekten gewonnen werden, welche durch Bundes- und Landesmittel, Mittel der Forschungsförderung und durch die Zuchtorganisationen in Deutschland und Österreich gefördert wurden.

Beim Fleckvieh konnten auf diese Weise bis zur Einführung der länderübergreifenden genomischen Zuchtwertschätzung im August 2011 Genotypen von über 6.000 Besamungsbullen für die Kalibrierungsschichtprobe gewonnen werden. Auch im Bereich der genomischen Zuchtwertschätzung wurde eine Zusammenarbeit mit der tschechischen Fleckviehpopulation vereinbart und die Genotypen italienischer Fleckviehbullen werden in der Zuchtwertschätzung für Exterieurmerkmale mit einbezogen. Diese Zusammenarbeit der Kernzuchtländer der Doppelnutzungsrasse Fleckvieh ermöglicht durch die weitgehen-

de Vereinheitlichung von Leistungsprüfung, Zuchtwertschätzung und Ausrichtung der nationalen Zuchtprogramme eine sehr eigenständige Entwicklung. Weiterentwicklungen in der Leistungsprüfung, Zuchtwertschätzung und Zuchtprogrammen können zudem im engen Kreis der Fleckviehpartnerländer relativ leicht abgestimmt und eingeführt werden.

Die Ausgangslage für die Genomische Selektion beim Braunvieh in Deutschland und Österreich war im Bezug auf die Anzahl verfügbarer Genotypen von nachkommegeprüften Bullen deutlich ungünstiger. Länderübergreifend wurden in den Bullenjahrgängen zwischen 1998 und 2008 im Mittel knapp 130 Bullen jährlich einem Nachkommenprüfeinsatz unterzogen. In einem ersten Schritt konnten insgesamt 1.900 Genotypen aus verschiedenen Forschungsvorhaben in Bayern und Österreich für die Entwicklung der genomischen Selektion gewonnen werden. Begünstigt durch die genetische Verknüpfung der internationalen Braunviehpopulationen konnten durch bilaterale Tauschvereinbarungen bis Juli 2011 zusätzliche 1.800 Genotypen aus den USA, der Schweiz und Italien für die Entwicklungsarbeiten in Deutschland und Österreich gewonnen werden. Bei der offiziellen Einführung der genomischen Zuchtwertschätzung für Braunvieh in Deutschland und Österreich lagen somit insgesamt 4.091 Genotypen von potentiellen Kalibrierungstieren (KB-Bullen) vor, von denen 3.400 Bullen schon Nachkommenleistungen in den Milchleistungsmerkmalen hatten und somit in der Kalibrierung für diese Merkmale verwendet wurden.

Die beim Braunvieh notwendige Ausweitung der Kalibrierungsgruppe auf internationale Besamungsbullen hatte zur Folge, dass beim Braunvieh MACE-Zuchtwerte aus der Interbull-Zuchtwertschätzung als Phänotypen verwendet werden müssen, mit allen in Abschnitt 2 beschriebenen möglichen Schwächen dieser Zuchtwerte. Dieses Vorgehen ist analog zu vielen Holsteinländern, wo durch die Bildung von Genotypenpools eine Vergrößerung der Kalibrierungsgruppe zur genomischen Zuchtwertschätzung erreicht werden konnte. Beispiele sind die Zusammenarbeit der Nordamerikanischen Holsteinpopulationen (USA und Canada) mit Italien oder der europäische Zusammenschluss EuroGenomics, in dem sich die Holsteinpopulationen aus Deutschland, Holland, Frankreich, Skandinavien, Spanien und Polen zusammengeschlossen haben [9]. Das primäre Ziel dieser Zusammenschlüsse ist es, die Qualität der Zuchtwertvorhersage für eigene junge Selektionskandidaten zu steigern. Für die internationale Vermarktung der genomischen Jungvererber ist allerdings wiederum eine internationale Zusammenfassung nationaler genomischer Zuchtwerte notwendig. Dieses sogenannte GMACE-Verfahren wird aktuell bei Interbull entwickelt und erprobt und soll in 2014 in den Routinebetrieb gehen [10].

Beim Braunvieh geht man noch einen Schritt weiter. Von den europäischen Braunviehzuchtverbänden wurde die Interbull Zuchtwertschätzstelle in Uppsala, Schweden, mit der Entwicklung einer internationalen genomischen Zuchtwertschätzung für Braunvieh beauftragt. Unter dem Projektnamen ‚InterGenomics‘ wurden die verfügbaren Genotypen von nachkommegeprüften Bullen in den teilnehmenden Ländern (Deutschland/Österreich, Schweiz, Italien, USA, Frankreich und Slowenien) gebündelt, um auf der Grundlage der bei Interbull berechneten MACE-Zuchtwerte genomische Zuchtwerte zu schätzen [11]. Als Ergebnis erhält jedes teilnehmende Land genomische Zuchtwerte für alle genotypisierten Bullen auf der jeweiligen Länderskala. InterGenomics bietet somit Ländern ohne eigene nationale genomische Zuchtwertschätzverfahren (ITA, FRA, SLO) den Service einer genomischen Zuchtwertschätzung, basierend auf einer großen internationalen Kalibrierung. Für Länder mit eigenen genomischen Zuchtwertschätzverfahren (DEU/AUT, CHE und USA) bringt das Projekt InterGenomics den Vorteil, dass im Rah-

men von InterGenomics bei Interbull eine einheitliche Plattform zum Genotypenaustausch eingerichtet wurde. Bislang konnten so schon insgesamt 1.808 zusätzliche Genotypen von ausländischen Braunviehbullen in das deutsch-österreichische Zuchtwertschätzsystem eingebracht werden. In der Zuchtwertschätzung August 2012 konnte so die Kalibrierungsgruppe beim Braunvieh auf insgesamt 6.129 Besamungsbullen gesteigert werden, von denen aktuell 4.230 Bullen mit sicheren Nachkommenleistungen in die genomische Zuchtwertschätzung für Milchleistungsmerkmale einbezogen werden.

Die internationale Zusammenarbeit bei InterGenomics wird in den nächsten Monaten noch erweitert. Unter der Bezeichnung ‚InterGenomics 2.0‘ soll der Genotypenaustausch zwischen den teilnehmenden Braunviehpopulationen noch einmal deutlich ausgeweitet werden [12]. Es ist geplant, alle Genotypen von männlichen Tieren mit mindestens 8 Monaten Alter ohne Einschränkungen auszutauschen. So soll vor allem gesichert werden, dass auch genotypisierte junge Besamungsbullen in allen Ländern mit eigener genomischer Zuchtwertschätzung verfügbar sind. Der Arbeitsaufwand für zusätzliche bilaterale Austauschaktionen kann so eingespart werden und es stehen direkt vergleichbare genomische Zuchtwerte auch für ausländische Bullen national zur Verfügung. Das klingt revolutionär, insbesondere, wenn man diesen jetzt sehr offenen Ansatz zum Austausch von Genotypen mit der sehr reservierten Haltung vor noch 2-3 Jahren vergleicht.

4 Nutzung der genomischen Selektion in den Zuchtprogrammen

Die Verfahren zur genomischen Selektion wurden im Jahr 2011 bei beiden Rassen offiziell eingeführt. Für die Zuchtprogramme der beiden Hauptrassen in Bayern stehen seitdem genomisch optimierte Zuchtwerte für über 40 Merkmale als Selektionswerkzeug zur Verfügung. Für den praktischen Ablauf wurde eine aufwendige Logistik von der Probennahme, über die DNA-Präparation und Genotypisierung bis hin zur genomischen Zuchtwertschätzung und Ergebnisrücklieferung in Zusammenarbeit von ASR, GeneControl GmbH, LKV-Bayern und dem Institut für Tierzucht in enger Abstimmung mit den Kooperationspartnern in Österreich und Baden-Württemberg aufgebaut. Mit dem vom LKV-Bayern aufgebauten Onlineverfahren zur Auftragsauslösung, Probenverfolgung und Ergebnisrücklieferung wird gewährleistet, dass die Abläufe möglichst automatisch und mit hoher Transparenz ablaufen können.

Im Rahmen der Zuchtprogramme der beiden Rassen werden die genomischen Zuchtwerte bereits sehr stark in zwei Bereichen eingesetzt: 1) Selektion von männlichen Kandidaten für die Besamung und 2) Besamungseinsatz von genomischen Jungvererbern ohne Ergebnis aus der Nachkommenprüfung.

Über die Onlinebeauftragung der Zuchtverbände wurden in den monatlichen Kandidatenläufen von Februar bis Dezember 2013 insgesamt über 9.900 Genotypisierungen beauftragt. Mit 87 Prozent wurden vorwiegend männliche Selektionskandidaten genotypisiert. Dies ist gegenüber dem ersten Jahr 2012 nach der Einführung der Genomischen Selektion eine Steigerung um 33 Prozent. Zwei Drittel der Fleckviehkandidaten und drei Viertel der Braunviehkandidaten wurden aus Deutschland beauftragt. Beim Fleckvieh gingen 2013 auch schon 283 Kandidaten aus Tschechien und 130 Kandidaten aus Italien mit in die genomische Zuchtwertschätzung ein.

In Tabelle 2 sind die genetischen Herkünfte (Väter, Muttersväter) der männlichen Kandidaten aus den drei Ländern Bayern, Baden-Württemberg und Österreich detailliert dargestellt. Hier wird die aktuelle Verknüpfung der Zuchtprogramme über Ländergrenzen hinweg offensichtlich. Bei den aus Baden-Württemberg und Österreich genotypisierten Kandidaten fällt wie schon in Tabelle 1 auf, dass stark auf die Genetik der bayerischen Fleckviehpopulation zurückgegriffen wird. Beim Braunvieh wird zwar auch auf Genetik aus der USA, Schweiz und Italien zurückgegriffen, allerdings in erheblich geringerem Umfang als bei den geprüften Bullen in Tab. 1.

Tab. 2: Überblick über die in Bayern, Baden-Württemberg und Österreich beauftragten Kandidatengenotypisierungen (männl, Zeitraum Feb.-Nov. 2013) nach Herkunft des Vaters und Muttersvaters.

Herkunft Kandidat	Anzahl	Herkunft Vater						Herkunft Muttersvater					
		BY	BW	AU T	US A	IT A	CH E	BY	B W	AU T	US A	IT A	CH E
Fleckvieh													
Bayern	4239	84,1	4,9	10,2				85,8	0,9	13,0			
B.-W.	331	63,7	22,4	12,7				68,9	21,1	8,5			
Österreich	1683	58,2	8,8	31,8				55,7	2,5	39,6			
Braunvieh													
Bayern	923	65,3	7,7	10,8	4,8	4,8	6,1	83,2	2,3	0,8	9,3	1,8	2,6
B.-W.	232	39,2	31,0	19,0	6,0	4,3	0,4	71,6	9,5	0,4	15,5	0,4	1,3
Österreich	240	26,7	10,4	17,5	19,6	8,3	15,8	42,9	1,3	10,8	26,7	2,1	16,3

Aus den genotypisierten Kandidaten werden von den Stationen die Besamungsbullen selektiert. Die ersten Auswertungen der in 2011 bis Mitte 2012 genotypisierten Kandidaten zeigen eine Selektionsquote von 1 zu 10 in Bayern, d.h. aus zehn genotypisierten wurde ein Kandidat für den Besamungseinsatz selektiert. Gleichzeitig wurde die Anzahl eingestellter Besamungsbullen in Deutschland und Österreich bei Fleckvieh und Braunvieh deutlich reduziert. Während aus den Geburtsjahrgängen 2000 bis 2009 im Mittel 612 Fleckvieh- und 130 Braunviehbullen bei den Besamungsstationen eingestellt wurden, sind aus den beiden jüngsten Jahrgängen 2011 und 2012 nur noch 356 Fleckvieh- und 78 Braunviehbullen von den Stationen angekauft worden. Für den jüngsten Kandidatenjahrgang bedeutet dies, dass die Selektionsquote bei beiden Rassen auf etwa 1:18 bei zukünftig gleichbleibender Anzahl angekaufter Besamungsbullen ansteigen wird.

Neben der höheren Selektionsintensität bei den Besamungsbullen wird vor allem vom breiten Einsatz von genomischen Jungvererbern in der Fleckvieh- und Braunviehpopulati-

on ein deutlicher Effekt auf den Zuchtfortschritt der Population erwartet. Der aktuelle Anteil von genomischen Jungvererbern an den durchgeführten Besamungen in Bayern beträgt etwa 35 Prozent beim Fleckvieh und knapp 60 Prozent beim Braunvieh. Besonders beim Fleckvieh gibt es eine sehr große Spannweite von 20 bis 55 Prozent, je nach betrachtetem Einsatzgebiet der einzelnen Stationen. Allgemein kann beobachtet werden, dass bei züchterisch interessanten Kühen der Anteil genomischer Jungvererber noch etwas höher liegt, was von erheblicher Bedeutung für den Zuchtfortschritt ist. Darüber hinaus kann festgestellt werden, dass der Anteil an Besamungen mit genomischen Jungvererbern auch davon abhängig ist, wie konkurrenzfähig die angebotenen Bullen mit Nachkommenleistungen sind. Dies dürfte ein Grund für den deutlich höheren Anteil beim Braunvieh sein, da hier die verfügbaren Altbullen im Zweiteinsatz im Durchschnitt deutlich niedrigere Zuchtwerte als die Jungvererber aufweisen.

5 Zukünftige Perspektiven in den Zuchtprogrammen

Neben der verbesserten Selektion bei den Bullenvätern und den Kuhvätern liefern die genomischen Zuchtwerte auch wertvolle Zusatzinformationen für die Selektion von weiblichen Tieren. Während bislang in der Fleckvieh- und Braunviehpopulation der Anteil der weiblichen Tieren nur etwas über 10 Prozent der beauftragten Tiere beträgt, wird bei vielen Holsteinpopulationen der genomische Zuchtwert auch schon stark bei der Selektion von Bullenmüttern eingesetzt. Bei den aktuellen Kandidatenläufen für deutsche Holsteins beträgt der Anteil weiblicher Tiere bereits etwa 50 Prozent bei einer Genotypisierung von gut 2.500 Tieren im Monat November 2013. Noch deutlich breiter wird beispielsweise in der Holstein-Population in den USA genotypisiert, hier wurden schon insgesamt 230.000 Kühe mit unterschiedlichen SNP-Chipdichten genotypisiert [13] und an genomisch basierten Anpaarungssystemen wird aktuell gearbeitet [14].

Eine breite Genotypisierung der Kuhpopulation hätte zudem den Vorteil, auch Bullenmütter zu identifizieren, die aufgrund ihrer phänotypischen Leistungen unauffällig sind, jedoch eine deutlich überdurchschnittliche Vererbungsleistung aufweisen. Diese könnten dann in den Zuchtprogrammen zur gezielten Erzeugung von Kandidaten im Rahmen innovativer Zuchtprogramme herangezogen werden. Derartige Zuchtprogramme mit möglichst kurzem Generationsintervall und hohen Selektionsintensitäten sind beispielsweise notwendig, um auf dem Gebiet der natürlichen Hornlosigkeit zukünftig verstärkt wettbewerbsfähige Genetik für einen breiten Einsatz in der Fleckvieh- und Braunviehpopulation anbieten zu können. Hierzu wurde vor Kurzem ein Projekt zur Untersuchung der Genotypisierung von Rinderembryonen u.a. im Zusammenhang mit der Nutzung der Genomischen Selektion auf dem Gebiet der natürlichen Hornlosigkeit am Institut für Tierzucht begonnen.

Neben der Hornlosigkeit als genetische Besonderheit wurden in den vergangenen Monaten bei den Rassen Fleckvieh und Braunvieh insgesamt sechs neue genetische Besonderheiten („Erbfehler“) veröffentlicht. Ausgangspunkt waren beobachtete Abnormalitäten bei Tieren, die mit Hilfe umfangreicher genomischer Daten aus dem Forschungsprojekt Synbreed („Synergistic plant and animal breeding“) und dem deutsch-österreichischen Genotypenpool von der Forschergruppe von Prof. Fries (TU München) und unter intensiver Zusammenarbeit mit der ZuchtData GmbH in Wien genetisch charakterisiert werden konnten. Resultierend auf diesen Arbeiten wurden sog. Haplotypen definiert, über die eine relativ sichere Aussage zum Trägerstatus der genotypisierten Tiere möglich ist. Dies er-

möglicht die Berücksichtigung dieser Information im Rahmen der Zuchtprogramme, um die Häufigkeit entsprechender nachteiliger Genvarianten in der Population zu senken.

Neben der Nutzung aller genetischen Ressourcen der heimischen Fleckvieh- und Braunviehpopulation wird es zukünftig weiter in Richtung Internationalisierung der Zuchtprogramme gehen. Es liegen bereits Anfragen zur Teilnahme weiterer Länder am genomischen Zuchtwertschätzsystem der Rasse Fleckvieh vor. An den Entwicklungen der letzten Jahre wird deutlich, dass nicht die Labortechnik über die Wettbewerbsfähigkeit einer Zuchtpopulation entscheidet, sondern die Methoden, die Qualität und Einheitlichkeit der Leistungsprüfungen und das Gesamtverwertungssystem entscheidend ist. Dies unterstreicht die Wichtigkeit fachlicher Kompetenz und der zugrundeliegenden Leistungsprüfung, denn auch (oder besser: gerade) im Zeitalter der Genomischen Selektion entscheidet die Qualität der verfügbaren Leistungsinformationen über die Möglichkeiten einer züchterischen Bearbeitung einer Population im Rahmen von Zuchtwertschätzverfahren und Zuchtprogrammen.

6 Literaturverzeichnis

- [1] Schaeffer, L.R. (1994): Multiple-country comparison of dairy sires. *J. Dairy Sci.*, 77, 2671–2678.
- [2] Dodenhoff, J., Egger-Danner, C., Mattalia, S. (2003): Results from a joint progeny testing program in Simmental. *Interbull Annual Meeting, Rome, Italy, Bulletin No 31.*
- [3] Dürr, J. (2013): Impact of genomics on international cooperation for dairy genetics. *EAAP, Nantes, France, Book of Abstracts, 98.*
- [4] Lidauer, M., Mäntysaari, E.A., Emmerling, R., Strandén, I. (2002): Effect of heterogeneous variance adjustment in an across country evaluation of Brown Swiss. *Interbull Annual Meeting, Interlaaken, Switzerland, Bulletin No 29.*
- [5] Schaeffer, L. R. (2006): Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *J. Anim. Breed. Genet.* 123:218–223.
- [6] Edel, C., Emmerling, R., Neuner, S., Götz, K.-U. (2011): Genomische Selektion: Stand der Implementierung beim Fleckvieh. *Züchtungskunde* 83, 257-265.
- [7] Neuner, S.; Emmerling, R.; Edel, C. und K.-U. Götz (2011): Genomische Selektion - Stand der Implementierung beim Braunvieh. *Züchtungskunde* 83, 266–271.
- [8] Goddard, M. (2009): Genomic selection: prediction of accuracy and maximization of long term response. *Genetica* 136 (2), 245-257.
- [9] Liu Z. Liu, Aamand, G. P., Fritz, S., Schrooten. Ch. (2013): Comparison of national genomic predictions of EuroGenomics exchanged young bulls. *Interbull Annual Meeting, Nantes, France, Bulletin No 47.*
- [10] Sullivan, P.G., Jakobsen, J.H. (2012): Robust GMACE for young bulls - methodology. *Interbull Technical Workshop, Verona, Italy, Bulletin No 45.*
- [11] Santus, E. (2011): Intergenomics: business rules and transition into services. *Interbull Technical Workshop, Guelph, Canada, Bulletin No 43.*

- [12] Santus, E. (2013): How the Genomic era is shaping the dairy industry in BSW breed. EAAP, Nantes, France, Book of Abstracts, 97.
- [13] Cole, J. (2013): New tools for genomic selection in dairy cattle. Presentation at Purdue University, USA. URL vom 05.11.2013:
http://aipl.arsusda.gov/publish/presentations/MISC13/Purdue_2013_jbc.pptx
- [14] Sun, C., Van Raden, P.M. (2013): Mating programs including genomic relationships. J. Dairy Sci. 96(E-Suppl. 1), 653.

Zucht auf Fitness und Robustheit

Christa Egger-Danner

ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, Dresdner Straße 89/19, 1200 Wien,
egger-danner@zuchtdata.at, www.zuchtdata.at

Zusammenfassung

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. Pryce und Daetwyler, 2011) [1]. Zuchtziele, Zuchtprogramme und die Möglichkeiten der Leistungsprüfung werden überarbeitet. Das Interesse an neuen Merkmalen nimmt weltweit zu. Große Bedeutung kommt hier den direkten Gesundheitsmerkmalen, aber auch Merkmalen zur Verbesserung der Robustheit und Effizienz zu. Auslöser, um Zuchtziele zu überdenken, sind zum einen 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. Mit dem erwarteten Anstieg der Weltbevölkerung von derzeit ca. 7,2 Mrd. Menschen auf 9,6 Mrd. Menschen in 2050 (UN, 2013) [2] wird der Druck auf die Ressourcen steigen und höhere Kosten für Energie und Kraftfutter sind zu erwarten. Daher werden in der Zucht auch Aspekte der Effizienz an Bedeutung gewinnen. Für die Landwirte wird die wirtschaftliche, gesunde und robuste Kuh immer wichtiger. Das zeigen Umfragen aus Österreich und Deutschland, aber auch internationale Entwicklungen. Die Erhöhung der Gewichtung der Fitnessmerkmale im Gesamtzuchtwert ist international zu beobachten. Forschung und Weiterentwicklung im Bereich der Erfassung und züchterischen Bearbeitung von neuen Merkmalen sind weltweit ein Thema. Die Limitierungen bei der Zucht auf bessere Fitness und Robustheit sind die Phänotypen.

1 Einleitung

Zuchtfortschritte von bis zu 100 kg Milch pro Jahr über die letzten 10 Jahre waren ein großer Erfolg und für die Wirtschaftlichkeit der Milcherzeugung wichtig. Ökonomisch ist aber nicht nur die Milchleistung, sondern sind in starkem Ausmaß auch die Fruchtbarkeit, Eutergesundheit, Nutzungsdauer und andere Fitness- und Gesundheitsmerkmale von Bedeutung. Auch für die öffentliche Meinung bezüglich Zucht werden Aspekte wie Gesundheit (gesunde Lebensmittel von gesunden Tieren) und Lebensmittelsicherheit immer wichtiger.

Mit zunehmend größeren Beständen wird auch die verfügbare Zeit für die Betreuung des Einzeltieres weniger. Unkomplizierte, robuste Tiere, die in der Herde nicht auffallen, sind erwünscht. Züchterumfragen zeigen, dass die Bedeutung von Fitness- und Gesundheit im Zuchtziel steigt [3] und sich Landwirte echte Verbesserungen bei der Fruchtbarkeit,

Eutergesundheit und im Klauenbereich erwarten ([4], Abbildungen 1-4). Themen wie Stoffwechselstabilität, Effizienz, etc. werden zunehmend wichtiger. In Österreich wurde 1999 eine ähnliche Züchterumfrage wie 2013 zum Zuchtziel durchgeführt. In diesem Zeitraum ist das relative Gewicht bei den Milchmerkmalen um 8% gesunken und für die Fitnessmerkmale um 10% gestiegen. Aktuell liegt die erwünschte persönliche Gewichtung der Fitness im Zuchtziel bei Fleckvieh in Österreich bei 29% und in Bayern bei 26% (Abbildung 2).

Um die entsprechenden Zuchtfortschritte dann auch erzielen zu können, sind eine Leistungsprüfung für diese Merkmale, die Berücksichtigung in der Zuchtwertschätzung und die Optimierung der Selektionsschritte im Zuchtprogramm die Voraussetzung. Der vorliegende Artikel gibt einen Überblick über den aktuellen Stand der Zucht auf Fitness und Robustheit in Österreich und Deutschland, stellt die Herausforderungen und mögliche Verbesserungsmöglichkeiten dar und zeigt auf, welche Weiterentwicklungen aktuell in diesem Bereich in Österreich, Bayern und Baden-Württemberg laufen.

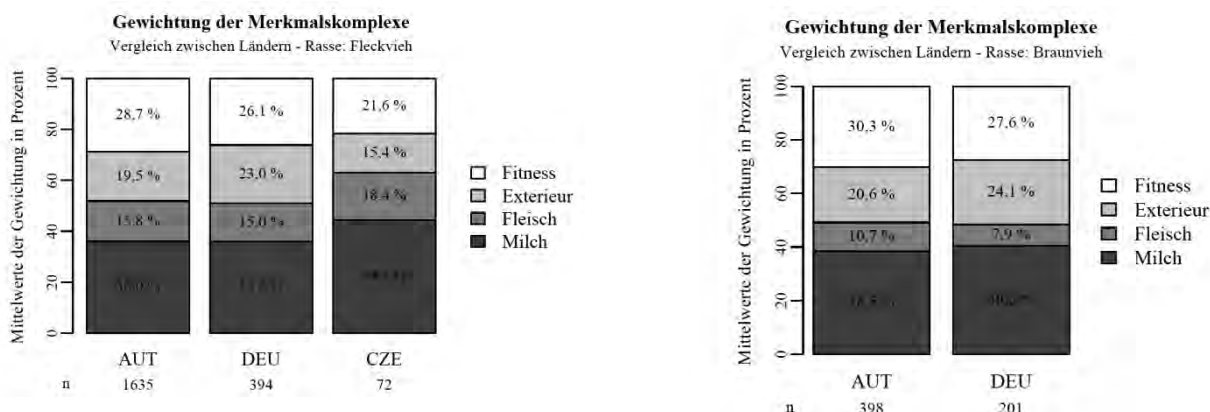


Abb. 1 und 2: Vergleich der Gewichtung der Merkmalskomplexe zwischen Österreich, Deutschland und Tschechien bei Fleckvieh und Österreich und Deutschland bei Braunvieh [4]

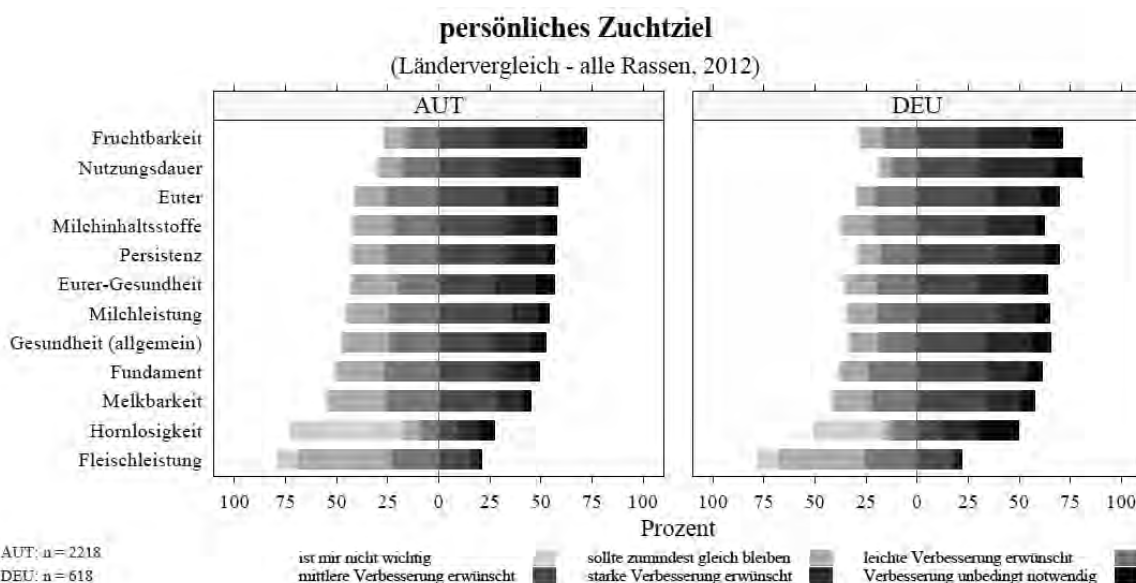


Abb. 3: Ranking der wichtigsten Merkmale im persönlichen Zuchtziel über alle Rassen hinweg im Vergleich Österreich und Deutschland [4]

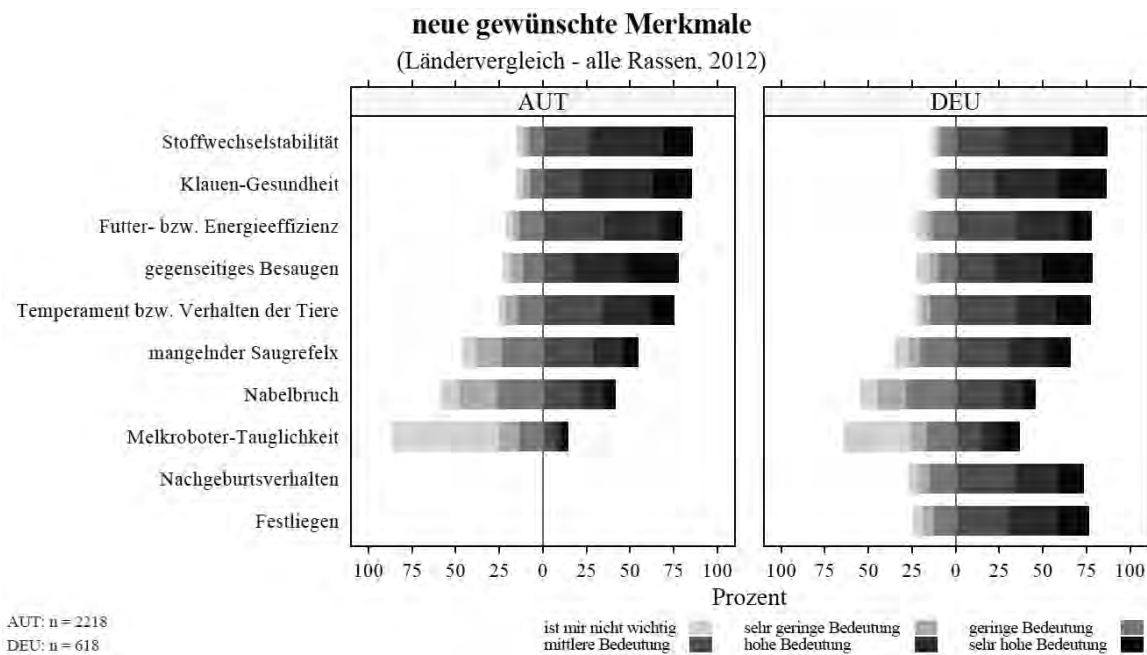


Abb. 4: Ranking der gewünschten neuen Merkmale für die Zuchtwertschätzung in Österreich und Deutschland [4]

2 Aktueller Stand

International ist zu beobachten, dass das wirtschaftliche Gewicht der Fitnessmerkmale im Gesamtzuchtwert in den letzten Jahren deutlich gestiegen ist [5]. Der ökonomische Gesamtzuchtwert (GZW) zielt auf die Maximierung des wirtschaftlichen Gesamtnutzens ab und stellt das primäre Selektionskriterium bei Stieren und Kühen dar. Der Gesamtzuchtwert bei Fleckvieh in Deutschland und Österreich (DEA) setzt sich aus Milchwert mit 37,8%, Fleischwert mit 16,5%, Fitnesswert mit 45,6% und Melkbarkeit mit 2% Gewichtung zusammen. Bei Braunvieh beträgt der Anteil vom Milchwert 48%, der Anteil vom Fleischwert 5%, der Fitnesswert 45% und der Melkbarkeit 2%. Das Gewicht für den Fitnessblock liegt bei den Rassen Pinzgauer, Grauvieh und Gelbvieh bei 46, 48 und 44%.

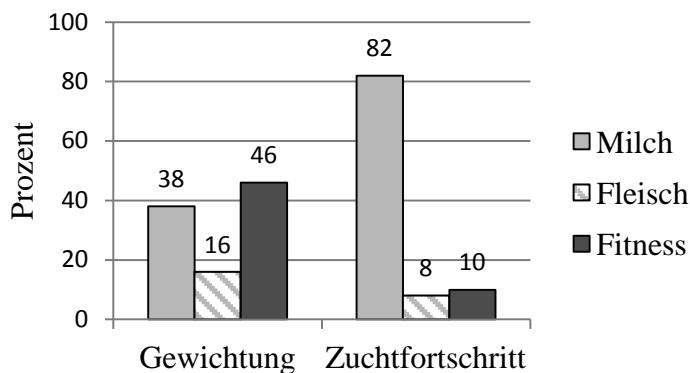


Abb. 5: Gewichtung der Merkmalsblöcke Milch, Fleisch und Fitness im Gesamtzuchtwert bei Fleckvieh und Verteilung der zu erzielenden Zuchtfortschritte [7]

Trotz der hohen Gewichtung der Fitness im Gesamtzuchtwert wird z. B. bei Fleckvieh nach wie vor ca. 80% des Zuchtfortschrittes bei der Milch und nur rund 10% bei den Fitnessmerkmalen erzielt (Abbildung 5). Wenn direkte Gesundheitsmerkmale aus umfassender Leistungsprüfung berücksichtigt werden, so kann der Fitnessanteil gestärkt werden [9].

Die Gesundheits-Zuchtwerte, die für Fleckvieh seit 2010 und für Braunvieh seit August 2013 im Rahmen der gemeinsamen Zuchtwertschätzung zur Verfügung stehen, werden aktuell über den Fruchtbarkeits- und Eutergesundheitswert bereits im Gesamtzuchtwert berücksichtigt [10]. Abbildung 6 zeigt am Beispiel Fleckvieh, dass es trotz niedriger Erblichkeiten große genetische Unterschiede zwischen den Stieren im Anteil Töchter mit Diagnosen gibt.

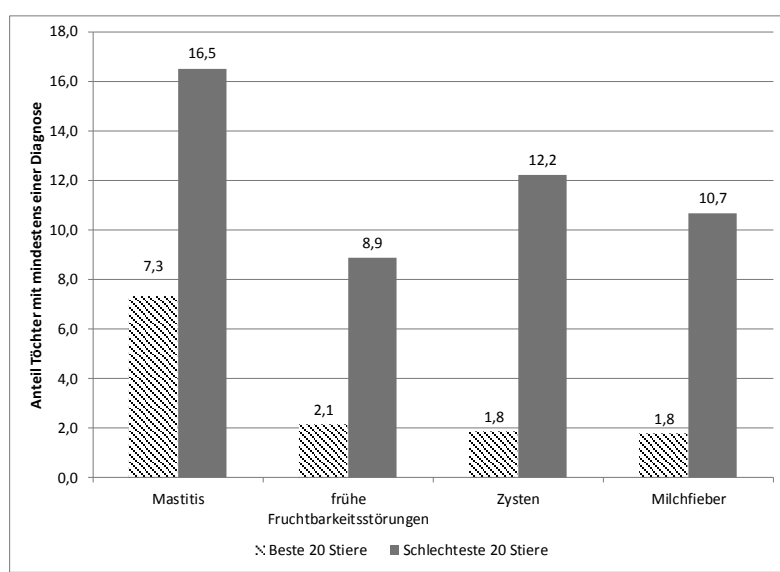


Abb. 6: Anteil Töchter mit Diagnosen von den besten und schlechtesten Stieren nach Gesundheits-Zuchtwerten

Genetische Trends – Zuchtfortschritte aktuell

Abbildungen 7-10 zeigen die genetischen Trends für die Fleckvieh- und Braunvieh-Stiere aus Österreich und Deutschland für die Geburtsjahrgänge 1985-2012. Aktuell sind die genetischen Trends bei den Stieren für den Großteil der Fitnessmerkmale stabil. Bei den aktuellen Geburtsjahrgängen, den genomischen Jungvererbern, konnte ein positiver Trend erzielt werden. Die genetischen Trends bei der Fruchtbarkeit waren in den letzten Jahren meist leicht negativ.

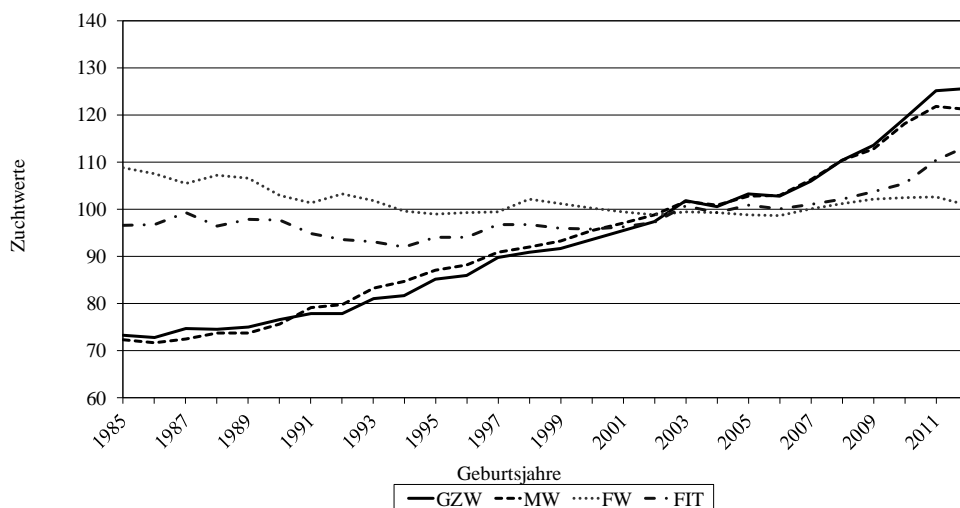


Abb. 7: Genetische Trends für Gesamtzuchtwert (GZW), Milchwert (MW), Fleischwert (FW) und Fitnesswert (FIT) bei Fleckvieh-Stieren aus Österreich und Deutschland [11]

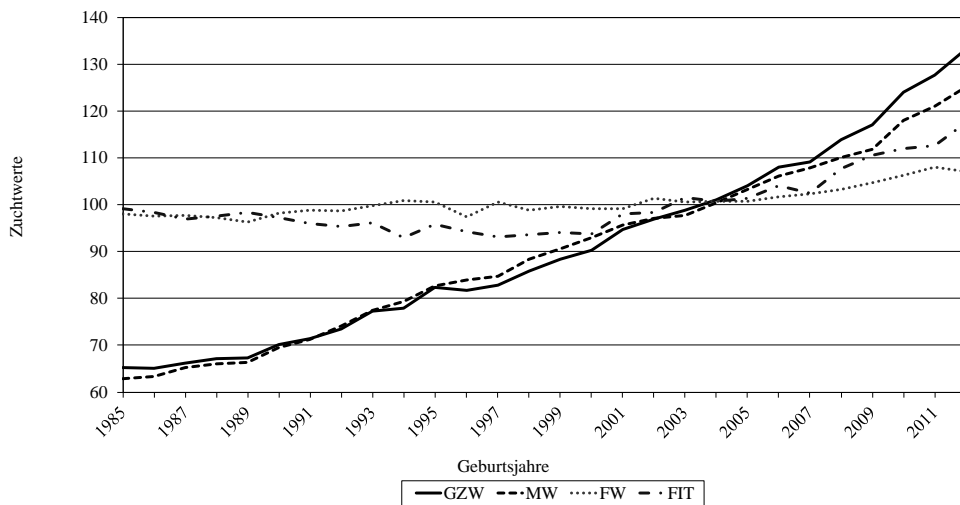


Abb. 8: Genetische Trends für Gesamtzuchtwert (GZW), Milchwert (MW), Fleischwert (FW) und Fitnesswert (FIT) bei Braunvieh-Stieren aus Österreich und Deutschland [11]

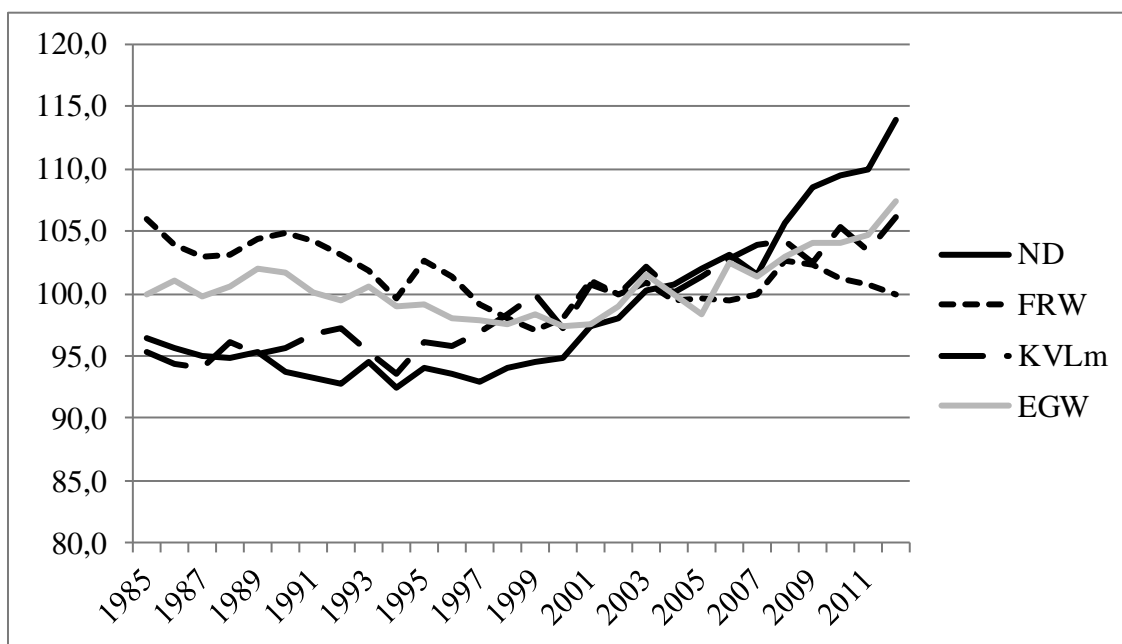


Abb. 9: Genetische Trends für Nutzungsdauer (ND), Fruchtbarkeitswert (FRW), Kalbeverlauf maternal (KVLm) und Eutergesundheitswert (EGW) bei Fleckvieh-Stieren aus Österreich und Deutschland [11]

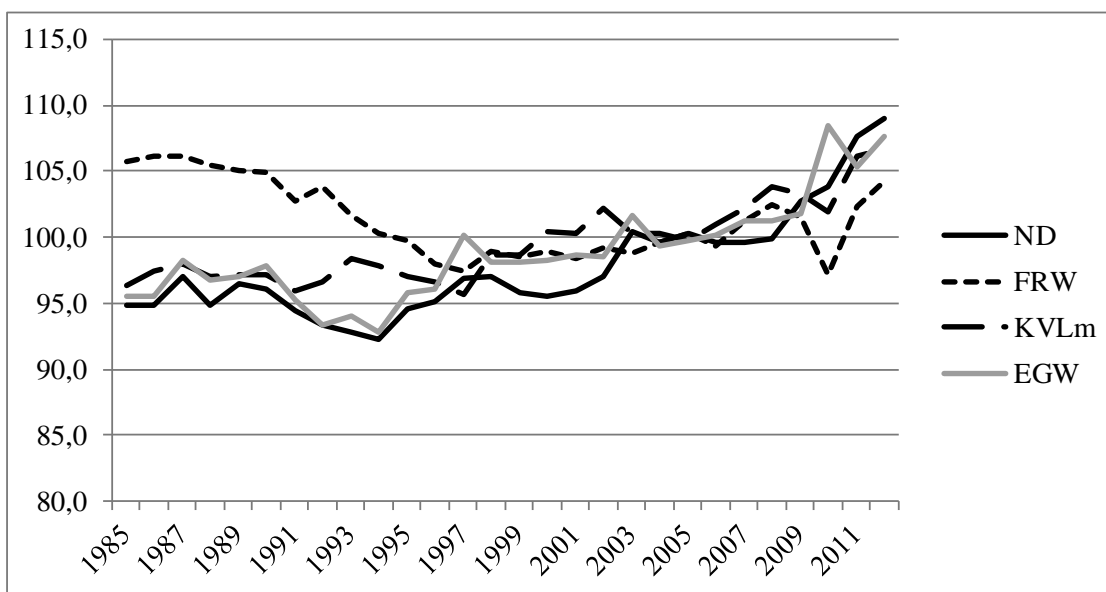


Abb. 10: Genetische Trends für Nutzungsdauer (ND), Fruchtbarkeitswert (FRW), Kalbeverlauf maternal (KVLm) und Eutergesundheitswert (EGW) bei Braunvieh-Stieren aus Österreich und Deutschland [11]

Die positiven Entwicklungen der genetischen Trends bei den Fitnessmerkmalen in den letzten Jahren hängen sehr stark mit der Auswahl der Stiere für den Besamungseinsatz zusammen. Es ist ein sehr hohes Niveau bei den Fitnesswerten zu beobachten. In Österreich wurden im Kontrolljahr 2013 beim Fleckvieh die Kühe mit Jungstieren mit einem durchschnittlichen GZW von 131,8, einem Milchwert von 121,9 und einem Fitnesswert von 120,3 besamt. Die vergleichbaren Zuchtwerte der Besamungen mit nachkommengeprüften

Stieren liegen beim GZW bei 126,9, beim MW bei 118,6 und beim Fitnesswert bei 115,3. Beim Braunvieh liegt der GZW der Besamungen in Österreich bei den Jungstieren im Schnitt bei 124,2 und beim Fitnesswert bei 113,1 und bei den NKP-Stieren bei 114,4 bzw. 110,5 [11].

In Bayern liegt der durchschnittliche GZW der Besamungen von Januar - Juli 2013 beim Fleckvieh bei 131,0 bei den Jungstieren und bei 126,6 bei den NKP-Stieren, beim Braunvieh liegen die Werte bei den Jungstieren bei 127,8 und bei 119,9 bei den NKP-Stieren [12].

Durch die Möglichkeiten der genomischen Selektion konnten in der letzten Zeit Erbfehler sehr schnell entdeckt und bestätigt werden [13]. Diese Informationen bieten die Möglichkeit, dass bei der Anpaarung Risikopaarungen vermieden werden bzw. Trägartiere nicht in der Zucht verwendet werden. In wieweit sich die Erbfehlermanagementstrategien dann auch auf den zu erzielenden Zuchtfortschritt auswirken wird, ist abzuwarten.

3 Herausforderungen der Zucht auf Fitness und Robustheit

Genetische Merkmalsantagonismen und niedrige Erblichkeiten

Durch die negativen genetischen Zusammenhänge von Fitness- und Milchleistungsmerkmalen ist bei steigender Milchleistung eine Zunahme von Problemen im Gesundheitsbereich zu erwarten. Der negative genetische Zusammenhang zwischen Milchmenge und leistungsunabhängiger Nutzungsdauer liegt bei -0,10, zwischen Milchmenge und Fruchtbarkeit bei -0,30 bis -0,60 und zwischen Milch kg und Zellzahl (Mastitis) bei ca. -0,20 bis -0,30. Zudem sind die Erblichkeiten von Fitness und Gesundheitsmerkmalen niedrig (ca. 2-15%).

Bei der aktuellen Zusammensetzung der Merkmale im Gesamtzuchtwert konnten trotz jährlicher Zuchtfortschritte von bis zu 100 Milch-kg die Fitnessmerkmale weitgehend stabil gehalten bzw. wie die genetischen Trends zeigen (siehe Abbildungen 7-10) auch verbessert werden. Große Verbesserungen bei den phänotypischen Werten wurden bislang jedoch nicht erzielt. Aktuell liegt die durchschnittliche Zellzahl in Bayern/Österreich bei 190.000/202.000 oder die Non-Return-Rate 90 bei 55/61% [14,15]. Diese Werte weisen auf bestehende Verbesserungspotentiale hin.

Leistungsprüfung

Verschiedene wissenschaftliche Arbeiten zeigen, dass die züchterische Verbesserung der Tiergesundheit effektiver erreicht werden kann, wenn die direkten Gesundheitsmerkmale wie Mastitis oder andere Merkmale basierend auf Erkrankungsinformationen herangezogen werden können (u.a. [16, 17]). Bei der Fruchtbarkeit standen bislang nur Besamungen und Abkalbungen als Maßzahl für die Reproduktion zur Verfügung. Nun gibt es mit den Diagnosedaten zur Nachgeburtshaltung und anderen früheren Fruchtbarkeitsstörungen oder Zysten genauere Informationen. Bei der Eutergesundheit ist die Mastitis das hauptsächliche Zielmerkmal. Die Zellzahl ist vor allem ein Hilfsmerkmal, das besonders für die chronischen Eutererkrankungen wichtig ist. Die akuten Mastitiden können über die Zellzahl nur ungenügend erfasst werden, da sich die Zellzahl nach der Behandlung bis zur nächsten Milchleistungskontrolle oftmals schon wieder normalisiert hat.

Auch für die Verbesserung der Klauengesundheit ist es effizienter, die Klauenpflegedaten zu nutzen als Merkmale aus der linearen Nachzuchtbeschreibung oder Informationen zu Lahmheiten zu nutzen (u.a. [18]). Die Herausforderung besteht im Implementieren von Systemen, mit denen kostengünstig in der Breite solche Daten erfasst werden können. Es ist zu prüfen, inwieweit mit Hilfsmerkmalen gearbeitet werden kann. Potential bieten verschiedene Daten aus den Automatisierungen auf den Betrieben z.B. Aktivitätsmessungen und verschiedene andere Informationen aus automatischen Melksystemen oder auch die intensivere Nutzung von schon bestehenden Datenquellen z.B. Mid-Infrared-Spectroscopy (MIR) [19, 20, 21].

Bei neuen Merkmalen wie den Gesundheitsmerkmalen besteht die Herausforderung, dass es genügend Stiere mit zuverlässigen Gesundheits-Zuchtwerten in der Lernstichprobe gibt. Nur dann können auch genomische Gesundheits-Zuchtwerte mit ausreichenden Sicherheiten bereitgestellt werden. Die Genotypisierung von Kühen mit zuverlässiger Gesundheitsdatenerfassung könnte hier einen wichtigen Impuls bringen. Langfristig ist es jedoch unabdingbar, dass die Gesundheitsdaten vergleichbar mit Besamungen oder Informationen zum Kalbeverlauf flächendeckend im Zuge der Leistungsprüfung erfasst werden. Für eine effizientere Zucht auf Fitness und Gesundheit sind zuverlässige Phänotypen aus der Leistungsprüfung die Voraussetzung.

Stärkere Gewichtung im GZW

Soll die Fitness und Gesundheit effektiv verbessert werden, so wird eine stärkere Gewichtung im Gesamtzuchtwert notwendig sein. Fürst (2013) [8] führte zur Veranschaulichung der Unterschiede und möglicher Auswirkungen auf den Zuchtfortschritt von verschiedenen GZW-Varianten einfache Modellrechnungen durch. Bei den dargestellten Varianten wurden die wirtschaftlichen Gewichte innerhalb des GZW am Beispiel Fleckvieh speziell im Hinblick auf die Verbesserung der Fitness mehr oder weniger willkürlich verschoben, um Auswirkungen auf den Zuchtfortschritt abschätzen zu können.

Im Vergleich zum GZW wurde bei den Varianten Fit+50% und Fit+100% das Gewicht für alle Fitnessmerkmale (außer Melkbarkeit) um 50% bzw. 100% erhöht.

In Tabelle 1 sind die relativen wirtschaftlichen Gewichte für die Merkmalsblöcke Milch, Fleisch und Fitness bei den einzelnen GZW-Varianten dargestellt.

Tab. 1: Relative wirtschaftliche Gewichte bei den einzelnen GZW-Varianten beim Fleckvieh [8]

	GZW	Fit+50%	Fit+100%
Milch	38	31	26
Fleisch	16	14	12
Fitness	46	55	62

Tab. 2: *Relativer monetärer Selektionserfolg pro Generation bei Selektion nach verschiedenen GZW-Varianten im Vergleich zum aktuellen GZW beim Fleckvieh [8]*

	GZW	Fit+50%	Fit+100%
Relativ zu GZW	100	97	91
Milch	79	68	58
Fleisch	8	7	6
Fitness	13	25	36

In Tabelle 2 sind die wichtigsten Ergebnisse aus diesen einfachen Modellrechnungen hinsichtlich des monetären Selektionserfolges dargestellt. Bei der Variante mit Erhöhung der Fitnessgewichte um 50% (Fit+50%) geht der gesamte Selektionserfolg im Vergleich zur Ausgangsvariante GZW nur um 3% zurück. Bei Verdoppelung der Fitnessgewichte (Fit+100%) beträgt der Selektionserfolg allerdings nur mehr 91% der Ausgangsvariante, wenn man unterstellt, dass die Gewichte im GZW die korrekten Gewichte sind. Der Zuchtfortschritt in den einzelnen Merkmalsblöcken verschiebt sich weiter Richtung Fitnessmerkmale, trotzdem wird der größte Zuchtfortschritt immer noch in den Milchmerkmalen erzielt. International ist eine Erhöhung der Gewichte für Fitness im Gesamtzuchtwert zu beobachten (Miglior et al. 2012) [5].

4 Aktuelle Weiterentwicklungen

Gesundheitsprojekte (GMON (AUT, BW), ProGesund, GKUH, GKUH+)

Im Rahmen des Projektes „Gesundheitsmonitoring Rind“ wurde seit 2006 Österreich-weit eine Diagnosedatenerfassung nach skandinavischem Vorbild aufgebaut. Das Projekt wurde 2010 in die Routine übergeführt [6]. Seit Dezember 2010 werden im Rahmen der gemeinsamen Zuchtwertschätzung in DEA in der Routine Gesundheitszuchtwerte für Mastitis, frühe Fruchtbarkeitsstörungen, Zysten und Milchfieber veröffentlicht [22]. Seit August 2013 sind diese Merkmale auch im Gesamtzuchtwert integriert. Im Jahr 2010 wurden auch in Bayern und Baden-Württemberg ähnliche Projekte gestartet, ebenso mit Fokus auf tierärztliche Diagnosen. Die Gesundheitsdaten aus dem Projekt „Gesundheitsmonitoring“ in Baden-Württemberg gehen seit August 2013 in die Routine-Zuchtwertschätzung bei Fleckvieh und Braunvieh ein [10, 23].

Unter Federführung des bayerischen Projektes „ProGesund“ wird gemeinsam mit den RDV-Partnern aus Bayern, Baden-Württemberg und Österreich neben den züchterischen Maßnahmen auch an einer EDV-Unterstützung für Tierärzte im Bereich Herdenmanagement und Tiergesundheit gearbeitet.

In anderen Bundesländern in Deutschland liegt der Fokus bei der Datenerhebung im Gesundheitsbereich eher auf den Beobachtungen von Landwirten. Im Projekt GKUH+ [24] sollen die Daten aus den verschiedenen Projekten in Deutschland zusammengeführt, ausgeweitet und für die Zuchtwertschätzung genutzt werden.

In Frankreich werden seit 2012 Zuchtwerte für Mastitis veröffentlicht, Kanada folgte im Dezember 2013. Die Schweiz hat 2013 mit der Erfassung von Gesundheitsdaten begon-

nen. In verschiedenen Ländern sind Maßnahmen und Projekte in Zusammenhang mit dem Monitoring des Arzneimiteleinsatzes zu beobachten. Des Weiteren wird an der Verknüpfung von weiteren relevanten Quellen von Gesundheitsdaten gearbeitet bzw. wurden Projekte eingereicht (Österreich: Projekt Advancement of Dairying in Austria (ADDA); Bayern: KuhWohl@Basis)

In der Veröffentlichung der ICAR 2013 Health Data Conference [25] sind Informationen zu den aktuellen Entwicklungen in anderen Ländern zusammengefasst.

Optimierung der züchterischen Entwicklung unserer Rinderrassen unter besonderer Berücksichtigung der Gesundheitsmerkmale und der genomischen Selektion (OptiGene)

Die Möglichkeiten der genomischen Selektion bewirken in der Rinderzucht weltweit große Veränderungen. Um auf diese neuen Herausforderungen zu reagieren und die Zuchtprogramme auch in Zukunft optimal zu gestalten, wurde Ende 2011 mit Unterstützung des Lebensministeriums in Österreich ein Projekt zur Optimierung der langfristigen züchterischen Entwicklung der österreichischen Rinderrassen unter besonderer Berücksichtigung der Gesundheit und der genomischen Selektion gestartet. Eine Aufgabe dieses Projektes liegt darin, die aktuellen Zuchtziele der Zuchtprogramme der Rinderrassen Fleckvieh, Braunvieh, Holstein, Pinzgauer und Grauvieh zu beleuchten und Vorschläge für Verbesserungen auszuarbeiten. Zur Überprüfung der Zuchtziele wurde in Österreich, Bayern, Baden-Württemberg und Tschechien eine Züchterbefragung durchgeführt, deren Ergebnisse bereits vorliegen ([4], siehe auch Abb. 1-4). Weitere wesentliche Schritte sind die Einbeziehung der Gesundheitszuchtwerte in den GZW und die Optimierung der Berechnungsmethodik des GZW. Zuchtplanungsrechnungen zur Optimierung der Zuchtprogramme insbesondere mit Berücksichtigung der genomischen Selektion werden durchgeführt [26]. Ein weiterer Punkt ist die Untersuchung der Optimum Gene Contribution-Methode, mit der hohe Zuchtfortschritte bei gleichzeitiger Kontrolle des Inzuchtanstieges erreicht werden sollen. Projektträger ist die RINDERZUCHT AUSTRIA. Das Projekt wird in Zusammenarbeit von ZuchtData, Universität für Bodenkultur, den Rassenarbeitsgemeinschaften und in Abstimmung mit dem Zuchtwertschätz-Team Deutschland-Österreich durchgeführt.

Produktionseffizienz und Umweltwirkung in der Rinderzucht

International wird intensiv an der Vermeidung von Emissionen und Maßnahmen zur Steigerung der Fütterungseffizienz geforscht. Wie auch alle anderen Bereiche wird auch die Rinderwirtschaft gefordert sein, ihren Beitrag zum Klimaschutz zu leisten. Um die züchterischen Potentiale zu analysieren und Möglichkeiten und Wege auszuarbeiten, wurde 2012 unter Federführung der RINDERZUCHT AUSTRIA (ZAR) in Österreich das Projekt „Efficient cow“ gestartet.

Es ist das Ziel, dass einerseits die Effizienz der Nährstoffverwertung als auch die Umweltwirkung der Milcherzeugung analysiert wird. Kernthema ist die Analyse der züchterischen Möglichkeiten im Bereich Produktionseffizienz. Neben den bisherigen umfassenden Informationen aus der Leistungsprüfung (Milch, Fleisch, Fitness und Gesundheit), werden weitere Informationen zu Körpergewicht, Mobilisierung, Stoffwechsel, Klauen und Fütterung berücksichtigt werden.

Projektpartner sind das LFZ Raumberg-Gumpenstein, die Universität für Bodenkultur Wien, die Veterinärmedizinische Universität Wien, die ZuchtData und die ZAR mit ihren Mitgliedsorganisationen. In Bayern wurde zum Thema Ressourceneffizienz unter Führung von Dr. Spiekers (LfL Tierernährung) ein Projekt mit dem Titel „OptiKuh“ beantragt.

Gene2Farm

Komplexe Forschungsfelder wie der Genombereich erfordern internationale Vernetzung und Zusammenarbeit. Das geschieht in bewährter Weise im Rahmen der gemeinsamen Zuchtwertschätzung Österreich und Deutschland, aber auch im Rahmen von internationalen Kooperationen und Projekten. Im Rahmen der genomischen Zuchtwertschätzung bei Braunvieh ist Intergenomics zu nennen. Die ZuchtData, der Tschechische Fleckviehzuchtverband, die Europäische Braunvieh- und die europäische Fleckviehvereinigung, (ANAPRI, ANARB), u.a. sind Partner im EU-Projekt Gene2Farm (www.gene2farm.eu).

Der Fokus liegt auf der Nutzung von Sequenzinformationen, der Analyse der Möglichkeiten der genomischen Selektion für kleinere Rinderrassen aber auch auf neuen Merkmalen. Die Genotypisierung von Kühen aus Österreich aus dem Projekt „Efficient cow“ ist bei Fleckvieh und Braunvieh vorgesehen.

5 Schlussfolgerungen

Anforderungen der Züchter, Konsumenten, aber auch der globalen Rahmenbedingungen verlangen eine stetige Weiterentwicklung der Rinderzucht in enger Zusammenarbeit von Wissenschaft und Praxis. Merkmale der Tiergesundheit, Robustheit, der Lebensmittelsicherheit, aber auch der Effizienz und Schonung der Ressourcen gewinnen zunehmend an Bedeutung. Durch die negativen genetischen Zusammenhänge von Milchleistung, Fitness und Gesundheit sind die Landwirte bei sehr hohem Milchleistungsniveau immer stärker gefordert, das Herdenmanagement zu optimieren, um Fitness und Gesundheit im Gleichgewicht zu halten. Zuverlässige Gesundheitsdaten sind die Voraussetzungen für züchterische Verbesserungen. Die Zucht auf Fitness und Gesundheit ist effektiver, wenn direkte Merkmale für diese Merkmale verwendet werden können. Um größere Verbesserungen im Bereich Fitness und Robustheit zu erfüllen, sind jedoch umfassende Daten aus der Leistungsprüfung für diese Merkmale die Voraussetzung. Möglichkeiten der Nutzung von Hilfsmerkmalen sind zu prüfen. Die Erfassung von Fitness- und Gesundheitsdaten muss im Stellenwert wachsen. So wie es undenkbar ist, dass bei einer Milchleistungskontrolle die Erfassung der Milchmenge vergessen wird, so muss es selbstverständlich sein, dass im Zuge der Leistungsprüfung Gesundheitsdaten erfasst werden. Um neue Merkmale auch in der genomischen Selektion nutzen zu können, wird die Genotypisierung von Kühen mit zuverlässigen Phänotypen an Bedeutung gewinnen.

Verbesserungen der Zuchtwertschätzmethode und Optimierung der Selektionsschritte im Zuchtprogramm können Verbesserungen bewirken. Für eine effektive Verbesserung der Fitnessmerkmale wird ein höheres Gewicht im Gesamtzuchtwert notwendig sein.

6 Literaturverzeichnis

- [1] Pryce, J.E., Daetwyler, H.D. (2011): Designing dairy cattle breeding schemes under genomic selection: a review of international research. *Animal Production Science*, <http://dx.doi.org/10.1071/AN11098>.
- [2] UN (2013): UN report: World Population Prospects: the 2012 Revision. <http://www.un.org/apps/news/story.asp?NewsID=45165>.
- [3] RößLER, R., HEROLD, P., WEIDELE, A., ZÁRATE, A.V. (2013): Definition nutzerspezifischer Zuchtziele für Braunvieh und Hinterwälder Rind in Baden-Württemberg. *Züchtungskunde* 2013 85: 173-187.
- [4] Steininger, F., Fürst-Waltl, B., Egger-Danner, C. (2013): Welche Anforderungen stellen die Züchter an die Kühe? In: Die beste Kuh für's Gras. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg.
- [5] Miglior, F., Chesnais, J., Van Doormaal, B.J. (2012): Genetic improvement: a major component of increased dairy farm profitability. ICAR-Conference, Cork, 2012. http://www.icar.org/cork_2012/Manuscripts/Published/Miglior%20A1.pdf.
- [6] Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl, B., Obritzhauser, W., Fuerst, C., Schwarzenbacher, H., Grassauer, B., Mayerhofer, M., Koeck, A. (2012c): Recording of direct health traits in Austria – Experience report with emphasis on aspects of availability for breeding purposes. *J. Dairy Sci.* 95:2765–2777.
- [7] Fuerst, C., Koeck, A., Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl, B. (2011): Routine genetic evaluation for direct health traits in Austria and Germany. Interbull Meeting, August, 26-28, 2011, Stavanger, Norway.
- [8] Fürst, C. (2013b): Brauchen wir unterschiedliche Zuchtziele und Zuchtprogramme?. In: Die beste Kuh für's Gras. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg.
- [9] Egger-Danner, C., Willam, A., Fuerst, C., Schwarzenbacher, H., Fuerst-Waltl, B. (2012b): Effect of breeding strategies using genomic information on fitness and health. *J. Dairy Sci.* 95: 4600-4609.
- [10] Fürst, C., Egger-Danner, C. (2013a): FRW und EGW - Gesundheitsmerkmale jetzt im Gesamtzuchtwert! *Mitteilungen der Arbeitsgemeinschaft österreichischer Fleckviehzüchter*, 3/2013.
- [11] ZuchtData (2013): ZuchtData-Jahresbericht. 2013. Vorläufige Auswertung.
- [12] Emmerling, R. (2013): Persönliche Mitteilungen.
- [13] Swalve, H. (2013): Globale Tendenzen in der Rinder- und Schweinezucht. Zuchtziele und gesellschaftliche Verantwortung. „Tiere züchten – High Tech und Verantwortung“, Symposium zur Tierzucht in Bayern. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft.
- [14] LKV (Landeskuratorium der Erzeugerringe für tierische Veredelung) Bayern e.V. (2012): Jahresbericht 2012. http://www.lkv.bayern.de/media/mlp_jahresbericht2012.pdf

- [15] ZuchtData (2012): ZuchtData-Jahresbericht. 2012. <http://www.zuchtdata.at/article/archive/25>.
- [16] Odegård, J., Klemetsdal, G., Heringstad, B. (2003): Genetic improvement of mastitis resistance: validation of somatic cell score and clinical mastitis as selection criteria. *J. Dairy Sci.* 86, 4129-4136.
- [17] Heringstad, B., Klemetsdal, G., Steine, T. (2007): Selection responses for disease resistance in two selection experiments with Norwegian red cows. *J. Dairy Sci.* 90: 2419-2426.
- [18] Koenig, S., Swalve, H.H. (2006): Modelkalkulationen zu züchterischen Möglichkeiten auf Klauengesundheit beim Milchrind. *Züchtungskunde* 78: 345-356.
- [19] Gengler, N., Berry, D.P., Bastin, C. (2013): Use of automated systems for recording of direct and indirect data with special emphasis on the use of MIR milk spectra (OptiMIR project). ICAR Technical Series No 17. ISBN: 92-95014-13-8, 55-62.
- [20] Fogh, A., Aamand, G. P., Hjørto, L., Lauritsen, U. (2013): Recording of data and identification issues. ICAR-Technical Workshop 2013, Aarhus, Denmark.
- [21] Egger-Danner, C., Hansen, O.K., Stock, K., Pryce, J. Cole, J., Gengler, N., Heringstad, B. (2013a): Challenges and benefits of health data recording in the context of food chain quality, management and breeding. ICAR Technical Series No 17. ISBN: 92-95014-13-8.
- [22] Fürst, C., Dodenhoff, J., Egger-Danner, C., Emmerling, R., Hamann, H., Krogmeier, D., Schwarzenbacher, H. (2013d): Zuchtwertschätzung beim Rind – Grundlagen, Methoden und Interpretationen. <http://www.zar.at/download/ZWS/ZWS.pdf>.
- [23] Fürst C, Egger-Danner C, Hamann H, Herold P, Götz K- U (2013c): Einbeziehung von direkten Gesundheitsmerkmalen in den Gesamtzuchtwert bei Fleckvieh und Braunvieh. Vortragstagung der DGfZ und GfT am 4./5. September 2013 in Göttingen.
- [24] Stock, K. (2013): Vernetzung / Zusammenarbeit im Bereich Gesundheitsmonitoring. Sitzung der DLQ Arbeitsgruppe Gesundheitsdaten am 16. September 2013 in Kassel.
- [25] Egger-Danner, C., Cole, J.B., Pryce, J.E., Gengler, N., Heringstad, B., Bradley, A., Stock, K.F. (2013b): Which phenotypes will be available in the near future? Joint Session EAAP and Interbull in Nantes, August, 2013. http://interbull2.slu.se/www/v1/images/stories/nantes/JOINT-PDF/S10_3_Egger-Danner.pdf
- [26] Egger-Danner, C., Willam, A. (2012a): Zuchtprogramme und genomische Selektion: Fokus Tiergesundheit. In: 3-Länder-/ZAR-Seminar, <http://www.zar.at/download/Seminar2012.pdf>

Perspektiven der Genomik in der Schweinezucht

Jörg Dodenhoff

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Tierzucht

Zusammenfassung

In der Rinderzucht ist die genomische Selektion wegen des großen Einsparpotentials bei den Züchtungskosten relativ schnell in die Praxis umgesetzt worden. Beim Schwein gibt es in wesentlichen Elementen der Zuchtprogramme deutliche Unterschiede zum Rind. Die genomische Selektion beim Schwein führt daher sogar zu höheren Züchtungskosten. Als Vorteile sind daher in erster Linie höhere Zuchtfortschritte zu nennen, die dann auch die Investitionen refinanzieren müssen. Dennoch haben mittlerweile die meisten Zuchtunternehmen die genomische Selektion in ihre Zuchtprogramme integriert. Auch in Bayern sind praxisreife Anwendungen der genomischen Selektion entwickelt worden. Dabei konnte der Vorteil einer umfangreichen Leistungsprüfung genutzt werden. Die Genomik bietet aber über die genomische Selektion hinaus weitere interessante Perspektiven für die Schweinezucht.

1 Einleitung

Über viele Jahre haben Rinder- und Schweinezüchter dieselben Methoden angewendet, um in den jeweils relevanten Merkmalen züchterische Fortschritte zu erzielen. Zwar gab und gibt es Unterschiede hinsichtlich der Organisation der Leistungsprüfung, aber die Weiterentwicklungen im Bereich der Zuchtwertschätzung waren sehr ähnlich. In einem allerdings kurzen Zeitraum war die Schweinezucht sogar fortschrittlicher, als nämlich relativ frühzeitig und intensiver als beim Rind die markergestützte Selektion (Marker Assisted Selection, MAS) eingesetzt wurde, vorangetrieben in erster Linie von den Zuchtunternehmen [1, 2].

Den nächsten Schritt jedoch, die Einführung der genomischen Selektion (GS), hat die Rinderzucht deutlich schneller und konsequenter als die Schweinezucht getan [3, 4]. Die Hauptursachen waren das enorme Einsparpotential bei den Züchtungskosten sowie die drastische Verkürzung des Generationsintervalls [5]. Bereits nach wenigen Jahren hat die GS in der Rinderzucht zu gravierenden Änderungen in Zucht und Besamung geführt. Obwohl erst ein relativ kleiner Anteil der Kühe von genomischen Jungvererbern abstammt, ist abzusehen, dass die GS auf Dauer ein elementarer Bestandteil der Zuchtprogramme beim Rind sein wird.

Das Potential der GS für die Schweinezucht ist ebenfalls bekannt [6, 7], aber die Implementierung der GS in Zuchtprogramme geschieht längst nicht so abrupt wie in der Rinderzucht. Die Gründe dafür sollen in diesem Beitrag dargestellt werden. Außerdem soll gezeigt werden, welche Perspektiven die Genomik beim Schwein über die GS hinaus beim Schwein bietet.

2 Herausforderungen der Genomischen Selektion beim Schwein

Mit Blick auf GS kann man die Rinderzucht mit den drei Schlagworten ‚Große Kalibrierungsstichprobe‘, ‚Langes Generationsintervall‘ und ‚Hoher Wert des Einzeltieres‘ charakterisieren. Dank der vielen Bullen mit sicher geschätzten Zuchtwerten können auch die genomischen Zuchtwerte junger Bullen mit relativ hoher Sicherheit geschätzt werden. Dies ermöglicht den Verzicht auf die Warteperiode; Bullen können bereits sehr jung stark eingesetzt werden. Dies waren ideale Voraussetzungen und Perspektiven für den Einsatz der GS. Die Typisierung junger Bullen lohnte sich selbst bei relativ hohen Kosten, denn an anderer Stelle (Wartebullenhaltung; Anzahl der gekauften Jungbullen) konnten Ausgaben gekürzt werden. Die Entwicklung der GS wurde auf nationaler Ebene von allen Organisationen gemeinsam gestaltet; das System setzte auf die seit langem bestehende überregionale Zuchtwertschätzung auf. Unter diesen Umständen können auch kleinere Zuchtunternehmen konkurrenzfähig bleiben, wenn es ihnen gelingt, Bullen in den Top-Listen zu platzieren.

Beim Schwein findet man eine völlig andere Situation vor. Die Spezialisierung (Züchter, Ferkelerzeuger, Mäster) setzte früh ein. Kreuzungszuchtprogramme wurden etabliert, um Heterosiseffekte zu nutzen. Dank der hohen Vermehrungsrate beim Schwein reichen in dem typischen System aus Nukleuszucht und Vermehrung selbst großen Zuchtunternehmen schon wenige Tausend Sauen im Nukleus. Diese begünstigt die Entstehung konkurrierender Zuchtunternehmen, die oft international operieren und die traditionellen Zuchtstrukturen (Bäuerliche Herdbuchzucht) gefährden.

Beinahe selbstverständlich gibt es zwischen den Zuchtunternehmen keine Zusammenarbeit bei Zuchtwertschätzung und GS. Das würde auch wenig Sinn machen, denn es werden keine einzelnen Eber über ihre Position in Zuchtwertlisten vermarktet. Vielmehr ist in der Schweinezucht das ‚Modell‘ das Produkt. Väterlinien (z.B. Bavarian Piétrain, db.77, Premo) und Mütterlinien (z.B. Bayernhybriden, db.Viktoria, Primavera) werden gezielt für spezielle Märkte gezüchtet. Bereits in heutigen Zuchtprogrammen sind die Generationsintervalle sehr kurz, und eine Warteeberhaltung gibt es nicht [8]. Eber werden von Anfang an genutzt, aber ihr Einsatz ist, verglichen mit Bullen, sehr limitiert (kürzere Nutzungsdauer, weniger Portionen je Ejakulat, kein TG-Sperma). Daraus resultiert ein vergleichsweise geringer Wert eines züchterisch wertvollen Ebers.

Die oben für das Rind genannten Schlagworte treffen also beim Schwein allesamt nicht zu, so dass klar ist, warum die Entwicklung der GS bei beiden Tierarten so unterschiedlich verläuft. Dennoch gibt es auch beim Schwein eine Reihe von Argumenten, die für den Einsatz der GS sprechen. Es ist wiederholt gezeigt worden, dass trotz begrenzter Größe der Referenzstichprobe genomisch geschätzte Zuchtwerte deutlich sicherer sein können als herkömmliche Zuchtwerte. Zusammen mit höheren Selektionsintensitäten kann durch GS der genetische Fortschritt deutlich gesteigert werden [6, 9].

Die GS ist also besonders für solche Merkmale interessant, bei denen die Selektionsgenauigkeit niedrig ist, weil sie eine geringe Heritabilität haben, weil sie nur bei Sauen erfasst werden können (z.B. Wurfgröße) oder weil sie, wie z.B. die Fleischqualität, nur *post mortem* gemessen werden können [10]. Eine Verkürzung des Generationsintervalls könnte bei den Fruchtbarkeitsmerkmalen eine zusätzliche Rolle spielen [8].

Neben dem ‚Standard‘ (HD)-Chip mit ~60.000 SNPs werden zunehmend auch kleinere, sogenannte Low-Density (LD)-Chips genutzt, um die Kosten der Typisierung zu reduzieren. Planungsrechnungen zur GS sehen dann vor, zunächst alle Selektionskandidaten mit einem LD-Chip zu typisieren und dann die Elterntiere der nächsten Generation ein zweites Mal mit einem HD-Chip [11]. Es muss allerdings sorgfältig abgewogen (Chip-Kosten vs. Genauigkeitsverlust beim Imputieren) werden, wie weit sich die Anzahl der Marker eines LD-Chips reduzieren lässt [12]. Hier bleibt abzuwarten, welches Preisgefüge sich bei den Chips mittel- und langfristig bildet.

Eine aktuelle umfangreiche Untersuchung zum Einsatz der GS in einer Vaterlinie [13] kommt zu dem Ergebnis, dass der genetische Fortschritt substantiell gesteigert werden kann, dass jedoch hohe zusätzliche Kosten entstehen, die nur zum Teil durch eine Vor-Selektion der Prüfeber aufgefangen werden können. In der Schweinezucht lohnt sich die Investition in die GS also nur dann, wenn der erzielbare höhere genetische Fortschritt über höhere Preise für das Produkt (Sperma, Jungsauen) vermarktet werden kann oder wenn der Marktanteil gesteigert werden kann. Unter diesen Umständen spielt die Größe der Zuchtunternehmen eine stärkere Rolle als in der Rinderzucht, denn die hohen Investitionskosten können von großen Unternehmen sicher leichter getragen werden.

In Tabelle 1 sind die Ergebnisse ausgewählter Untersuchungen zum Potential der GS im Hinblick auf die Steigerung des Zuchtfortschritts zusammengestellt. Dabei ist zu berücksichtigen, dass der genetische Fortschritt auch dann gesteigert werden kann, wenn die Investitionen nicht in die GS, sondern in den konventionellen Teil eines Zuchtprogramms fließen. Die Überlegenheit des GS bleibt aber bestehen [13].

Tab. 1: In Zuchtplanungsrechnungen kalkulierte Steigerungen des genetischen Fortschritts beim Schwein durch den Einsatz der genomischen Selektion

Merkmal	Steigerung des genetischen Fortschritts	Quelle
Wurfgröße	37%	Simianer (2009) [6]
Produktionsmerkmale Vaterrasse	27 – 47%	Haberland et al. (2010) [14]
Fruchtbarkeitsmerkmal	35 – 69%	Lillehammer et al. (2011) [15]
Zuchtziel-Index Mutterrasse	13 – 55%	Lillehammer et al. (2013) [16]
Zuchtziel-Index Vaterrasse	27 – 33%	Tribout et al. (2012) [17]
Zuchtziel-Index Vaterrasse	28 – 41%	Tribout et al. (2013) [13]
Leitmerkmale Ebergeruch	10 – 12%	Haberland et al. (2013) [18]

3 Genomische Selektion in Bayern

Der aktuelle Stand in der Schweinezucht ist, dass fast alle international tätigen Zuchtunternehmen die GS nutzen. Innerhalb der letzten beiden Jahre haben u.a. PIC, TOPIGS, Hypor und DanAvl mitgeteilt, GS in ihre Zuchtprogramme integriert zu haben, um höhere Zuchtfortschritte zu erzielen. Begünstigt wurde diese Entwicklung auch durch gesunkene

Kosten für die Typisierung. Oft bleibt jedoch unklar, in welchem Umfang die GS genutzt wird, z.B. im Hinblick auf den Anteil typisierter Selektionskandidaten.

In Deutschland hat eine sehr spezielle Marktsituation den Einstieg in die GS gefördert. Als Konsequenz der Diskussion um die Kastration der männlichen Ferkel sind Schlachtunternehmen dazu übergegangen, auch Eber zu schlachten. Diese Schlachtkörper müssen aufwändig untersucht werden, damit kein geruchsbelastetes Fleisch in den Handel gelangt. Um den Anteil geruchsauffälliger Eber zu verringern, honoriert das Schlachtunternehmen Tönnies den Einsatz von Besamungsibern aus geruchsreduzierten Linien. Stammen mehr als 80 % der Masteber von solchen Vätern ab, bekommt der Mäster einen Bonus von 1 € je unkastriertes Mastschwein. Die wichtigsten in Deutschland tätigen Zuchtunternehmen haben daraufhin ein Modell ‚besonders geruchsarmer Eber‘ (Nador, Inodorus, db.77¹¹, Piétralón) entwickelt und haben es von der Firma Tönnies zertifizieren lassen.

Bis dato gab es keine Leistungsprüfung für Ebergeruch, so dass dieser eine Gelegenheit für die Anwendung innovativer Methoden darstellte. In Bayern wurde der geruchsarme ‚Piétralón‘ als Sondermodell des ‚Bavarian Piétrain‘ mit Hilfe der GS entwickelt. An diesem Beispiel lassen sich Chancen und Risiken der GS in der Schweinezucht eindrucksvoll demonstrieren. Der Startschuss für das Projekt ‚Geruchsoptimierung durch genomische Selektion‘ (GOGS) erfolgte im Frühjahr 2012. Das Projekt wurde von den bayerischen Besamungsorganisationen, der Erzeugergemeinschaft und Züchtervereinigung für Zucht- und Hybridzuchtschweine w.V., der Tierzuchtforschung Grub e.V. sowie dem Bayerischen Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten unterstützt. Über einen Zeitraum von mehreren Wochen wurden anstelle weiblicher Nachkommen der Piétrain-Besamungsiber unkastrierte männliche Nachkommen in den beiden bayerischen Leistungsprüfanstalten Schwarzenau und Grub eingestallt. Unmittelbar danach wurden Gewebeproben der fast 500 Prüftiere von der GeneControl GmbH mit dem SNP60-Illumina Bead-Chip typisiert. Die letzten Eber wurden im Mai 2013 geschlachtet. Aus den Schlachtkörpern wurden Nackenspeckproben genommen, um Androstenon, Skatol und Indol, die sogenannten Leitmerkmale des Ebergeruchs, zu messen. Anschließend wurden die Zuchtwerte für diese Merkmale geschätzt und in einem Ebergeruchsindex kombiniert. Damit standen etwa 500 Tiere mit relativ sicher geschätzten Zuchtwerten zur Verfügung und bildeten die Kalibrierungsstichprobe. Mit Hilfe der GS ist es nun möglich, auch für Prüfeber der Besamungsstationen den Ebergeruchsindex zu schätzen und, sofern sie zu den besten Ebern gehören, als ‚Piétralón‘-Eber zu deklarieren, ohne dass ihre Nachkommen geprüft werden.

Für das Projekt GOGS waren also relativ hohe Investitionen erforderlich (Typisierung, Analyse der Substanzen). Die laufenden Kosten beschränken sich zunächst auf die Typisierung der Prüfeber, die aber relativ selektiv durchgeführt werden kann. Damit die wirtschaftliche Kalkulation aufgeht, müsste es den bayerischen Stationen gelingen, einen höheren Preis für Sperma der ‚Piétralón‘-Eber durchzusetzen oder mehr Sperma abzusetzen. In diesem Fall ist für den Kunden der ‚Mehrwert‘ in Form des Bonus sogar eindeutig quantifizierbar. Das dürfte bei anderen Merkmalen längst nicht so einfach sein.

Die Kalibrierungsstichprobe ist noch relativ klein und kann nur für einen begrenzten Zeitraum zur Charakterisierung von Prüfebern verwendet werden. Wegen des kurzen Generationsintervalls beim Schwein veraltet sie voraussichtlich schnell. Falls geruchsarme Eber langfristig nachgefragt werden oder eine züchterische Bearbeitung des Ebergeruchs erfolgen soll, muss die Leistungsprüfung kontinuierlich erfolgen und es müssen mehr Prüfeber typisiert werden. Auf die Typisierung der Prüftiere kann dann jedoch verzichtet werden.

Bei konsequenter Zuchtarbeit wären die Kosten noch einmal deutlich höher, denn dann müssten auch die Mutterlinien einbezogen werden.

Seit etwa zwei Jahren läuft in Bayern auch ein Projekt zur Fruchtbarkeitsoptimierung durch Genomische Selektion (FrOGS) bei der Deutschen Landrasse. Dabei handelt es sich um ein substantiell vom Bayerischen Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten gefördertes Verbundprojekt der Partner Tierzuchtforschung e.V., LKV Bayern e.V., Christian-Albrechts Universität Kiel und Institut für Tierzucht der LfL. Auch die EGZH sowie die bayerischen Besamungsstationen tragen zur Finanzierung bei. Um den Nachteil der geringen Anzahl an geprüften Ebern wettzumachen, enthält die Kalibrierungsstichprobe in großem Umfang auch Sauen. Es wurden insgesamt etwa 2.400 Eber und Sauen typisiert. Erste Ergebnisse lagen Anfang dieses Jahres vor und bestätigten die Erwartungen hinsichtlich der Fruchtbarkeit. Die realisierten Sicherheiten der genomischen Zuchtwerte lagen insbesondere im Merkmal Lebend Geborene Ferkel mit 0,58 deutlich über der Sicherheit des reinen Pedigreezuchtwerts (0,38). Im zusätzlich untersuchten Merkmal Fleischanteil war der Zugewinn an realisierter Sicherheit mit 0,44 (goZW) gegenüber 0,41 weniger deutlich ausgeprägt [19]. Weitere wichtige Ergebnisse von FrOGS waren, dass Sauen eine sinnvolle Erweiterung darstellen und dass sich auch Zuchtwerte von Sauen hinreichend exakt deregressieren lassen. Ziel ist es, nächstes Jahr ein Routine-Verfahren zur genomischen Zuchtwertschätzung bei Mutterrassen zu implementieren. An dieser Stelle sei noch einmal darauf hingewiesen, dass eine genomische Zuchtwertschätzung an sich nichts völlig Neues ist, sondern eine Weiterentwicklung etablierter Verfahren. Das Ergebnis einer Typisierung ist als zusätzliche Information zu einem konventionellen Zuchtwert zu betrachten [20].

Ein weiteres Projekt zur genomischen Selektion ist mit Beteiligung der bewährten Partner in Vorbereitung (InGeniS). Ein Schwerpunkt wird der Aufbau einer Kalibrierungsstichprobe und die Implementierung einer Routine-GS für Piétrain sein, damit die GS für das komplette bayerische Zuchtprogramm genutzt werden kann. Weiterhin sollen mit Hilfe innovativer Ansätze Forschungsarbeiten zu ‚schwierigen‘ Merkmalen (Erbfehler, Verhalten) durchgeführt werden. Besonders im Hinblick auf Erbfehler wäre es lohnenswert, effektivere Verfahren zu entwickeln, mit deren Hilfe man den Anteil betroffener Ferkel deutlich senken könnte. Gegenwärtig sind etwa 3% der Ferkel von Anomalien betroffen. Den Ferkelerzeugern entstehen durch Missbildungen, wie z.B. Afterlosigkeit und Hodenbruch, enorme wirtschaftliche Schäden, denn sie können die Vermarktungsmöglichkeiten für Ferkel einschränken oder sogar Totalverluste verursachen. Einige Anomalien sind auch tierwohlrelevant, da sie mit Schmerzen für das Tier verbunden sind.

4 Weitere Anwendungen der Genomik

In erster Linie dank der weiter sinkenden Kosten für Typisierung bzw. Sequenzierung eröffnet sich eine Vielzahl von Szenarien zur Anwendung der Genomik in der Schweinezucht. Ausgehend von einem zunächst relativ einfachen Einsatz der GS, bei dem nur Elterntiere genotypisiert werden, könnte man die Anzahl der typisierten Tiere sukzessive ausweiten. Je nach den Preisen der angebotenen Chip-Typen könnten LD- und HD-Chips kombiniert werden, um schließlich alle Selektionskandidaten zu typisieren. Die letzte Ausbaustufe für die bayerische Herdbuchzucht wäre erreicht, wenn auch alle zum Verkauf stehenden Jungsauen typisiert würden.

In Bayern gibt es traditionell viele Betriebe, die keine Jungsauen zukaufen, sondern sie selbst züchten. Auch diesen Eigenremontierern könnte man die Möglichkeit bieten, die GS zur Selektion der besten Jungsauen zu nutzen. Dazu müssten sie eine Gewebeprobe untersuchen lassen, und die SNP-Daten würden dann in die genomische ZWS einfließen. Die genomischen Zuchtwerte für weibliche Ferkel oder Jungsauen der Eigenremontierer könnten noch sicherer geschätzt werden, wenn die Fruchtbarkeitsleistungen dieser Betriebe in der Zuchtwertschätzung berücksichtigt würden. Das ist derzeit noch nicht der Fall.

Da davon auszugehen ist, dass die Rechenkapazitäten ebenfalls weiter wachsen werden, wäre es schließlich sogar denkbar, jedem Schlachtschwein eine Gewebeprobe zu entnehmen und zu typisieren. Unter der Voraussetzung, dass die Probe und die am Schlachthof erfassten Merkmalen einander eindeutig zugeordnet werden, könnten für die Besamungseber wesentlich sicherere Zuchtwerte geschätzt werden, wenn die Kalibrierungsstichprobe auch Kreuzungstiere enthält. Die Markierung der Ferkel im Geburtsbetrieb könnte entfallen, und auch Mischbesamungen wären kein Problem mehr. Diese beiden Punkte stehen bisher dem Ausbau einer Feldprüfung im Wege.

Wenn in großem Umfang Tiere genotypisiert werden, muss sichergestellt sein, dass die Logistik (Probenahme, Genotypisierung, genomische ZWS) sich ebenfalls weiterentwickelt, denn gerade beim Schwein sind die Zeiträume für Selektionsentscheidungen sehr kurz.

Auch die Leistungsprüfung muss weiterentwickelt werden. Da die GS gerade bei niedrig heritablen Merkmalen Vorteile verspricht, sollte sichergestellt werden, dass solche Merkmale wie z.B. das Verhalten von Sauen großflächig und zuverlässig erfasst werden. Auch im Zeitalter der Genomik kann nicht auf Leistungsprüfungen verzichtet werden! Einer der Schlüssel für den weiteren Erfolg genomischer Anwendungen ist die Erfassung möglichst relevanter Phänotypen [21, 22].

Beim Schwein ist, z.T. seit vielen Jahren, eine Reihe von QTL bekannt, die aber bisher nur sehr begrenzt für züchterische Zwecke genutzt wurden. Die seit 2009 verfügbaren Chips mit mehreren tausend SNPs erlauben es, sogenannte genomweite Assoziationsstudien (GWAS) durchzuführen. Die ‚genetische Architektur‘ von Merkmalen kann genauer untersucht werden, und QTL können genauer identifiziert werden [23, 24]. Im besonderen Fokus stehen dabei Gesundheitsmerkmale: ‚Health is the Biggest Opportunity for Genomics‘ [25]. Stellvertretend für die vielversprechenden Ansätze sei auf die Untersuchungen zu PRRS verwiesen [26]: Unterschiede in den Zunahmen infizierter Schweine standen mit einem QTL auf Chromosom 4 in Verbindung.

5 Schlussfolgerungen

Auch in der Schweinezucht ist die genomische Selektion jetzt praxisreif. Ihr Nutzen ist dem Kunden nicht so deutlich sichtbar zu machen wie beim Rind, und es sind relativ hohe Anfangsinvestitionen erforderlich. Um langfristig konkurrenzfähig zu bleiben, müssen Zuchtunternehmen die genomische Selektion und möglichst zügig auch andere Instrumente, die sich aus den Weiterentwicklungen der Genomik ergeben, in ihren Zuchtprogrammen einsetzen. Eine umfassende Leistungsprüfung wird dabei von großem Vorteil sein. Neben der Steigerung des genetischen Fortschritts in den traditionellen Merkmalen ist das Potential der Genomik beim Schwein vor allem im Zusammenhang mit der Toleranz bzw. Resistenz gegenüber Krankheiten zu sehen. Langfristig hat die Genomik sogar das Poten-

zial, die jetzigen Limitierungen auf Grund fehlender Einzeltieridentifikation und Abstammungsaufzeichnungen aufzuheben.

6 Literaturverzeichnis

- [1] van der Steen, H.A.M., Prall, G.F.W., Plastow, G.S. (2005): Application of genomics to the pork industry. *J. Anim. Sci.* 83 (E. Suppl.):E1-E8.
- [2] Rothschild, M.F. (2008): Swine Genetic Challenges of the Future: One man's thoughts. In: Record of Proceedings. National Swine Improvement Federation. Conference and Annual Meeting. December 4-5, 2008. NSIF Volume 33. <http://www.nsif.com/Conferences/2008/pdf%5CSwineGeneticChallengesFutureOneMansThoughts.pdf>
- [3] Reinhardt, F., Liu, Z., Seefried, F., Rensing, S., Reents, R. (2011): Erfahrungen mit der genomischen Selektion bei Holsteins. In: Genomische Selektion, Salzburg, 25.03.2011. Hrsg. Zentrale Arbeitsgemeinschaft österr. Rinderzuchtorganisationen, Arbeitsgemeinschaft Süddeutscher Rinderzucht- und Besamungsorganisationen. http://www.lfl.bayern.de/mam/cms07/itz/dateien/g_s_tagungsunterlagen_salzburg.pdf
- [4] Emmerling, R., Edel, C. (2011): Genomische Selektion bei Fleckvieh und Braunvieh. In: Genomische Selektion, Salzburg, 25.03.2011. Hrsg. Zentrale Arbeitsgemeinschaft österr. Rinderzuchtorganisationen, Arbeitsgemeinschaft Süddeutscher Rinderzucht- und Besamungsorganisationen. http://www.lfl.bayern.de/mam/cms07/itz/dateien/g_s_tagungsunterlagen_salzburg.pdf
- [5] Schaeffer, L.R. (2006): Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *J. Anim. Brred. Genetics* 123:218-223
- [6] Simianer, H. (2009): The potential of genomic selection to improve litter size in pig breeding programmes. In: Book of Abstracts of the 60th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, Barcelona, Spain. p. 210.
- [7] Dekkers, J.C.M. (2010): Implementation of Genomic Selection in Pig Breeding Programs. In: Record of Proceedings. National Swine Improvement Federation. Conference and Annual Meeting. December 2-3, 2010. NSIF Volume 35. [http://www.nsif.com/Conferences/2010/pdf/Implementation of Genomic Selection in Pig Breeding Programs.pdf](http://www.nsif.com/Conferences/2010/pdf/Implementation%20of%20Genomic%20Selection%20in%20Pig%20Breeding%20Programs.pdf)
- [8] Götz, K.-U. (2011): Ein Schub für die Züchtung? *Bayer. Landw. Wochenblatt* 13:30-31
- [9] Albers, G.A.A. (2010): Genomic selection in poultry and pig breeding: a breakthrough? In: Proceedings of the British Society of Animal Science. p. 359.
- [10] Ibañez-Escriche, N., Gonzalez-Recio, O. (2011): Review. Promises, pitfalls and challenges of genomic selection in breeding programs. *Span. J. Agric. Res.* 9(2):404-413
- [11] Abell, C., Dekkers, J., Rothschild, M., Mabry, J., Stalder, K. (2013): Costs of implementing genome-enabled selection in swine. *J. Anim. Sci.* 92 (Suppl. 2):22

- [12] Wellmann, R., Preuß, S., Tholen, E., Heinkel, J., Wimmers, K., Bennewitz, J. (2013): Genomic selection using low density marker panels with application to a sire line in pigs. *Genet. Sel. Evol.* 45:28
- [13] Tribout, T., Larzul, C., Phocas, F. (2013): Economic aspects of implementing genomic evaluations in a pig sire line breeding scheme. *Genet. Sel. Evol.* 45:40
- [14] Haberland, A., Ytournal, F., Luther, H., Simianer, H. (2010): Evaluation of selection strategies including genomic breeding values in pigs. In: Book of Abstracts of the 61st Annual Meeting of the European Association for Animal Production, Heraklion, Greece. p. 354.
- [15] Lillehammer, M., Meuwissen, T.H.E., Sonesson, A.K. (2011): Genomic selection in maternal pig breeds. In: Book of Abstracts of the 62nd Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, Stavanger, Norway. p. 390.
- [16] Lillehammer, M., Meuwissen, T.H.E., Sonesson, A.K. (2013): Genomic selection for two traits in a maternal pig breeding scheme. *J. Anim.Sci.* 91:3079-3087
- [17] Tribout, T., Larzul, C., Phocas, F. (2012): Efficiency of genomic selection in a purebred pig male line. *J. Anim. Sci.* 90:4164-4176
- [18] Haberland, A.M., Luther, H., Hofer, A., Thole, E., Simianer, H., Lind, B., Baes, C. (2013): Efficiency of different selection strategies against boar taint in pigs. *animal*, available on CJO2013. doi:10.1017/S1751731113001857.
- [19] Gertz M., Edel C., Dodenhoff J., Götz K.-U., Thaller G. (2013): Genomische Selektion bei Mutterlinien – Projekt FrOGS. *DGfZ-Schriftenreihe* 62:137-144
- [20] Edel, C. (2011): Grundlagen der Genomischen Selektion. In: Genomische Selektion, Salzburg, 25.03.2011. Hrsg. Zentrale Arbeitsgemeinschaft österr. Rinderzuchtorganisationen, Arbeitsgemeinschaft Süddeutscher Rinderzucht- und Besamungsorganisationen.
http://www.lfl.bayern.de/mam/cms07/itz/dateien/g_s_tagungsunterlagen_salzburg.pdf
- [21] Coffey, M. (2011): Phenotyping that maximizes the value of genotyping. In: PDF files of presentations presentations at the ICAR Meeting held in Bourg-en-Bresse (France) 22-24 June 2011. <http://www.icar.org/Documents/Bourg-en-Bresse2011/Presentations/session%20%20-%2022%20pm/S2e-Mike%20COFFEY.pdf>
- [22] Eggen, A. (2012): The development and application of genomic selection as a new breeding paradigm. *Anim. Front.* 2(1):10-15
- [23] Uimari, P., Sironen, A., Sevon-Aimonen, M.-L. (2011): Whole-genome SNP association analysis of reproduction traits in the Finnish Landrace pig breed. *Genet. Sel. Evol.* 43:42
- [24] Becker, D., Wimmers, K., Luther, H., Hofer, A., Leeb, T. (2013): A Genome-Wide Association Study to Detect QTL for Commercially Important Traits in Swiss Large White Boars. *Plos ONE* 8(2): e55951. doi:10.1371/journal.pone.0055951
- [25] Plastow, G. (2011): Using Genomics Especially for Improving Pig Health. In: Record of Proceedings. National Swine Improvement Federation. Conference and Annual Meeting. December 1-2, 2011. NSIF Volume 36.

<http://www.nsisf.com/Conferences/2011/pdf/Using%20genomics%20especially%20for%20improving%20pig%20health.pdf>

- [26] Boddicker, N., Waide, E.H., Rowland, R.R.R., Lunney, J.K., Garrick, D.J., Reecy, J.M., Dekkers, J.C.M. (2013): Evidence for a major QTL associated with host response to Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Virus challenge. *J. Anim. Sci.* 90:1733-1746

Ein Blick in die Datenwelt von Morgen

Jürgen Duda

Landeskuratorium der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern e.V.
(LKV Bayern)

1 Einleitung

Die allgemeine Entwicklung der EDV in den letzten 50 Jahren hat von Anfang an auch die Milchleistungsprüfung in der Rinderhaltung mitgeprägt. Schon Mitte der 60er Jahre des vorherigen Jahrhunderts, zu einer Zeit, wo EDV im Alltag noch keine Bedeutung hatte, wurde für die Milchleistungsprüfung in Bayern ein Datenverarbeitungssystem entwickelt, das für damalige Zeiten ein beträchtliches Datenvolumen verwaltete. Wesentliche Aufgaben der Datenverarbeitung in der Milchleistungsprüfung waren:

- Sammeln und Speichern der tierbezogenen Milchuntersuchungsergebnisse (in den 60er Jahren bereits über 5 Millionen Ergebnisse pro Jahr)
- Elektronische Erstellung von Monats- und Jahresberichten aus den vorhandenen Daten für den Landwirt
- Berechnung von kumulierten Leistungen zur Unterstützung der Zuchtarbeit in der Rinderzucht

Die großen Fortschritte in der Informationstechnologie der letzten Jahrzehnte haben auch in den Bereichen Milchleistungsprüfung und Rinderzucht zu gewaltigen Veränderungen im Arbeitsablauf und Dienstleistungsangebot geführt. Einige Meilensteine seien hier genannt:

- Einführung des Online-Dienstes für Zuchtorganisationen zur Herdbuchführung und Katalogerstellung für Tierversteigerungen
- Ausrüstung der LKV-Außendienstmitarbeiter mit mobiler Datenerfassung und automatischen Datenabruf über zwei Gerätegenerationen (1987 mit Mini-Computer, 1995 mit Laptops)
- Internetportal für Mitgliedsbetriebe in der Milchleistungsprüfung mit dem Internetprogramm RDV-4-M als ein umfangreiches Informations- und Auswertesystem für die Milchviehhaltung im Betrieb

Betrachtet man die heutige Sicht in der Informationstechnologie, so sind mit der Durchdringung des Internet in das Alltagsleben sowohl im geschäftlichen wie im privaten Bereich auch auf dem landwirtschaftlichen Sektor noch größere Veränderungen zu erwarten. Innerhalb der Milchviehwirtschaft werden vor allem folgende Bereiche aus den gegenwärtigen EDV-Entwicklungen die Zukunft prägen:

- Sammlung und Auswertungen riesiger Datenmengen über Datenbanksysteme (Schlagwort Big Data)

- Zunehmende Vernetzung von Datenströmen aus den unterschiedlichsten Datenquellen mit variierenden Datenbeschreibungen. Es wird hier keine Rolle mehr spielen, ob es sich um reine Prozessorverbindungen (Machine-to-machine) handelt, oder ob auch Datenverbindungen zwischen Hof-Computer und EDV-Datenzentralen, bzw. von zentralen Datenbanken von verschiedenen Dienstleistern untereinander gemeint sind.
- Aufgrund der Vernetzung werden von den zentralen Datenbanken nicht nur hochaktuelle Informationen vom Nutzer erwartet, sondern zusätzlich noch im zunehmenden Maß Echtzeit-Auswertungen.
- Das Angebot an Informationen auf Online-Plattformen wird noch stärker in Sachen Benutzerfreundlichkeit gestaltet sein. Graphische Komponenten bei der Darstellung von Ergebnissen und Übersichten werden immer mehr überwiegen.

2 Datenbanken mit großem Datenvolumen (Big Data)

Hat man sich bisher aufgrund von knappen Speicherkapazitäten darauf beschränkt, aus allen anfallenden Daten nur die als wichtig betrachteten Informationen oder daraus errechnete Zahlen in einer Datenbank abzulegen, eröffnen neue Hardware-Technologien Möglichkeiten, jetzt auch große Datenvolumina ohne nennenswerten Verfügbarkeitsverlust zu speichern. Überträgt man es auf die Milchleistungsprüfung, ist es jetzt möglich, Datenströme aus der Milchmengenmessung oder Milchinhaltanalyse in einer Datenbank für zusätzliche Auswertungen weiterzuleiten. Denn auch dank verbesserter Auswertungsmethodik lassen sich aus den gemessenen Grunddaten noch mehr brauchbare Informationen errechnen, als bisher aus den Messgeräten gefiltert ausgegeben wurden.

Ein Beispiel hierfür sei die Milchmengenbestimmung aus der Aufzeichnung von Milchflusskurven zu einem Melkvorgang über den LactoCorder angeführt. Bisher wird über eine spezielle Software beim Auslesen der aufgezeichneten Messpunkte Parameter zu Milchmenge und Melkbarkeit errechnet, die dann in der zentralen Datenbank in der Milchleistungsprüfung gespeichert werden. Allein aus der visuellen Betrachtung von Milchflusskurven lassen sich gefühlsmäßig weitere Merkmale z.B. zum Melkverhalten ableiten. Eine zentrale Auswertung der einzelnen Messpunkte zur Milchflußkurve würde die Chance bieten, objektive Kenngrößen zur Beschreibung vom Melkverhalten abzuleiten.

Bisher sind in der zentralen Datenbank beim LKV Bayern schon einige Projekte zur systematischen Speicherung von Messdaten ohne vorherige Filterung oder Verdichtung eingerichtet. In Tabelle 1 ist eine Zusammenstellung mit Angabe des Datenvolumens dargestellt (Stand 4.11.2013)

Tab. 1: Tabellengröße von Datenbankprojekten beim LKV Bayern

Projekt	Anzahl Zeilen	Speicherplatz	Zuwachs jährlich
Einzelgemelke – AMS	53.318.554	7,3 GByte	3 – 5 GByte
Genomdatenbank – SNPs	5.836.474.096	968 GByte	ca. 250 GByte
Infrarot-Spektraldaten	730.820.233	188 GByte	ca. 150 GByte

Aus der Tabelle geht auch anhand der Zahlen zum jährlichen Zuwachs hervor, dass aufgrund des noch nicht weit zurückliegenden Starts der Projekte in den nächsten Jahren Datenbanken mit mehreren Terabytes zu verwalten sind.

In der Infrarot-Spektraldatenbank sind zu jeder untersuchten Milchprobe aus der Milchleistungsprüfung 1.060 Absorptionswerte gespeichert. Bisher werden aus den Absorptionsspektren routinemäßig Fett-, Eiweiß-, Laktose- und Harnstoffgehalt der Milchprobe bestimmt. Da noch weitere biochemische Verbindungen in der Milch enthalten sind, die im Zusammenhang mit physiologischen Vorgängen bei der Kuh stehen, ist zu erwarten, dass noch weitere biologische Eigenschaften der Kuh im Infrarotspektrum abgebildet sind. In Verknüpfung der Absorptionswerte mit bisher schon in der Rinderdatenbank enthaltenen Informationen zum physiologischen Zustand einer Kuh, können durch geeignete statistische Methoden Kalibrierungsverfahren entwickelt werden, die eine Vorhersage von weiteren biologischen Eigenschaften der Kuh aus der routinemäßigen Milchleistungsprüfung liefern, die für das Herdenmanagement wichtig sind. Gegenwärtig werden anhand der Datenbankinformationen Vorhersagen für Störungen im Trächtigkeitsverlauf evaluiert. Ein weiteres Arbeitsgebiet wird das rechtzeitige Erkennen von Stoffwechselstörungen im frühen Laktationsstadium sein, ein für Fütterung und Tiergesundheit wichtiges Managementgeschäft.

Nicht nur die Datenmengen zur Speicherung werden zunehmen, sondern zusätzlich kommen auch immer mehr Dateninformationen aus unterschiedlichen Quellen mit variierender Beschreibung zur Verarbeitung. Dazu müssen zentrale Datenbanken flexibel im Datenmodell gestaltet sein, um unterschiedliche Dateninhalte ohne großen Anpassungsaufwand verarbeiten zu können. Flexible Datenbanken haben im Datenmodell zusätzlich die Beschreibung der Datenstruktur vorgesehen.

Als ein bewährtes Projekt kann hier die Abbildung der unterschiedlichen Bewertungssysteme in der Exterieurbeschreibung aus der Rinderzucht in der Datenbank angeführt werden. In herkömmlichen Datenmodellen wurde zu jeder Exterieurversion und Rasse eine eigene Tabelle angelegt (z.B. Fleckvieh - alte Version, Fleckvieh – lineare Beschreibung seit 1997, Fleckvieh – lineare Beschreibung seit 2010 usw.). Tabellenübergreifende Auswertungen sind hier verständlicherweise aufwendig zu erstellen oder überhaupt nicht möglich. Ein flexibles Datenmodell (s. Abbildung 1) dagegen definiert in zwei Auswahltabellen die Beschreibung der unterschiedlichen Exterieur-Muster. Die erste Tabelle enthält alle definierten Exterieurmerkmale. Kommt ein neues hinzu, muss nur ein Eintrag in der Tabelle vorgenommen werden ohne jeglichen Programmieraufwand. Die zweite Tabelle definiert die Zuordnung der Exterieurmerkmale zu den verschiedenen Exterieurversionen (in der Datenbank als Schablone bezeichnet). In der dritten Tabelle sind alle Bewertungsergebnisse unabhängig von Rasse und Version enthalten.

Ähnliche Muster für Datenmodelle haben sich auch schon in anderen Anwendungsgebieten bewährt, vor allem dann, wenn zu erwarten ist, dass laufend neue Merkmalsdefinitionen oder Eigenschaften anfallen. Als Beispiele seien hier die Betriebsausstattung von Milchviehbetrieben oder das Erfassungsmodell für Tierbeobachtungen aufgezählt.

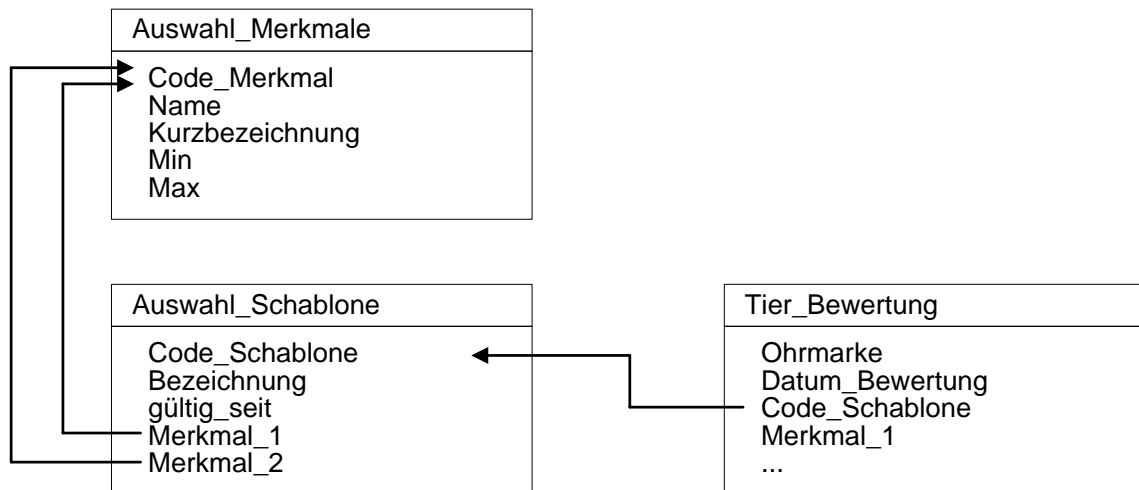


Abb. 1: Datenmodell zur Speicherung von Exterieurmerkmalen in der Rinderzucht

3 Daten- und Gerätevernetzung (Networking)

Datensammlungen in Computergeräten, sei es in zentralen Datenbanken oder auch nur in Datenspeicherelementen von Messgeräten, allein schaffen noch keine Durchdringung der Informationstechnologie in das Alltagsgeschäft, sondern können leicht zu Datenfriedhöfen mutieren. Erst der Austausch von Daten zwischen verschiedenen EDV-Stationen über den elektronischen Weg öffnet hier für den Milchviehhalter als Endnutzer Wege, um noch schneller und vor allem mehr Informationen zu erhalten. Vor allem liefert hier erst die Verknüpfung von strukturierten Datenströmen aus unterschiedlichen Datenquellen verwertbare Ergebnisse und zwar nicht nur für das Herdenmanagement sondern darüber hinaus auch für die Optimierung maschineller Prozesse im Milchviehstall. Wenn der Datenaustausch oder auch nur die Datenkommunikation vollautomatisch laufen soll, unabhängig davon ob er nur zwischen zwei Geräten im Stall oder auch zu einer fernen Datenzentrale erfolgen soll, müssen im Wesentlichen zwei Schritte erfüllt sein:

- Einheitliche Definition der Datenelemente (inhaltlich und formal) einschließlich ihrer Maßeinheit in Kontext zu einem Datenmodell
- Einheitliche Austauschprotokolle, die für eine korrekte Datenkommunikation sorgen (Login-Verfahren, Antwortprotokoll, Fehlerprotokoll usw.)

Hinsichtlich der Beschreibung von Daten, die ausgetauscht werden sollen, sind schon weitgehend Standardisierungen vorgenommen worden, die nicht nur den Datenaustausch zwischen Milchviehhalter und Datenverarbeitungsstelle betreffen, sondern auch zwischen Rechenstellen in der Milchleistungsprüfung untereinander. Allerdings sind die Austauschwege bisher meist absätzig, d.h. manuelle Eingriffe sind notwendig für die Übernahme der Daten beim Austauschpartner, oder nur in geschlossenen Systemen (beide Partner nutzen eine in erster Linie für sie abgestimmte EDV-Lösung) automatisiert. Die große Herausforderung in den nächsten Jahren wird in der Milchleistungsprüfung sein, die Datenkommunikation vor allem zwischen Landwirt und EDV-Zentrale in beiden Richtungen zu automatisieren. Dieser Schritt bedeutet nicht nur Arbeitserleichterung für beide Seiten, sondern schafft auch noch einen Mehrwert an Informationen.

Die zentrale Datenbank des LKV Bayern ist inzwischen schon in einem automatischen Datenaustauschbetrieb mit Datenbanken von mehreren Laboreinrichtungen eingerichtet:

- Datenbank des Milchprüfringes Bayern. Hier besteht inzwischen die Möglichkeit, automatisch Flaschen für Sonderuntersuchungen im Labor aufgrund von Datenbankinformationen der LKV-Datenbank auszusteuern
- Datenbank des AIT in Österreich innerhalb des Routineverfahrens zur genomischen Selektion
- Datenbank des Futterlabors in Grub (WebFulab) mit Austausch von Betriebsinformationen und Untersuchungsergebnissen

Die Automatisierung zum Abgleich von Stamm- und Leistungsdaten für Zukaufstiere aus fremden Gebieten wird zurzeit innerhalb der RDV-Partner über das ISO-AgriNet-Protokoll abgewickelt. Gleiches Protokoll kommt auch schon in einem Pilottypen im Projekt ProGesund zum Einsatz. Hier findet ein automatisierter Datenaustausch zwischen einer Tierarztpraxissoftware auf dem PC und der Zentraldatenbank in beiden Richtungen statt (Überspielen von Diagnosedaten in die Tiergesundheitsdatenbank und Abholen des Bestandsregisters aus der Zentraldatenbank).

Einen neuen Arbeitsschwerpunkt bildet augenblicklich die Automatisierung des Datenaustausches zwischen Betrieben mit Roboter melken (AMS) und der LKV-Datenbank im Rahmen eines internationalen Projektes zur Standardisierung der Datenkommunikation zwischen AMS und MLP-Datencenter (Animal Data Exchange). Abbildung 2 enthält ein Diagramm, das die Datenkommunikation zwischen den vier beteiligten Einheiten (Probennehmer, Messtechnik-Betrieb, LKV-Datenbank und Milchuntersuchungslabor) zu einem Probemelken darstellt. Die beiden wichtigen Datenströme in dem Ablauf sind:

- Lieferung von Messergebnissen und Probenflaschenzuordnung (Barcodenummer zur Tierohrmarke) aus der AMS-Einheit an die LKV-Datenbank
- Lieferung der Milchanalysenergebnisse aus der LKV-Datenbank an die AMS-Einheit zurück

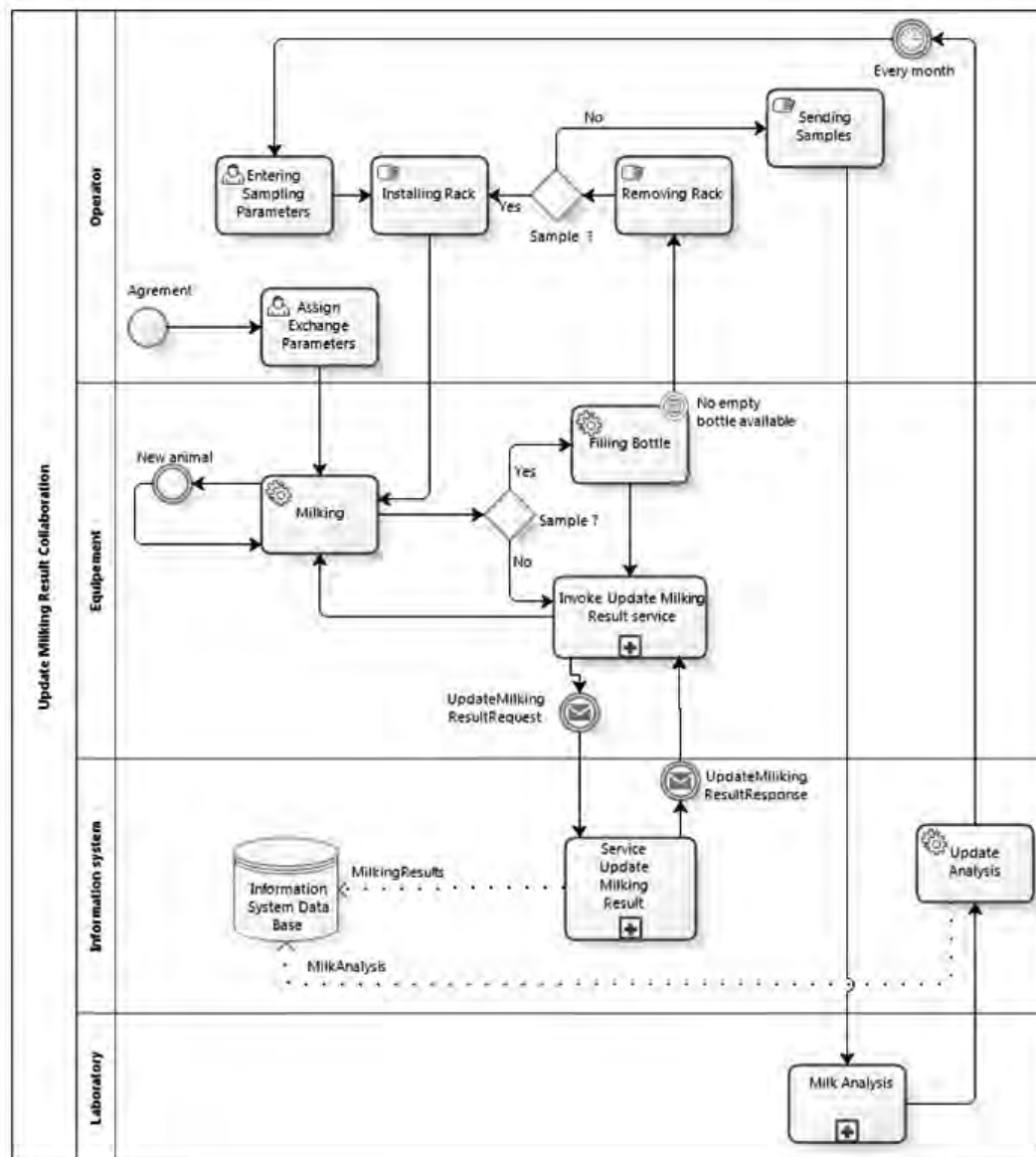


Abb. 2: Arbeitsabläufe zur Aktualisierung der Melkergebnisse [1]

Dieses Modell lässt sich natürlich auch auf andere Messeinrichtungen mit ausgestatteten Prozessorrechnern im Milchviehstall übertragen, z.B. elektronische Milchmengenmessung im Melkstand, Gewichtsmessung, Bewegungsaktivität usw.

4 Online-Dienste

Durch die starke Ausbreitung des Internets einschließlich der technischen Möglichkeiten zur Online-Aufbereitung werden die traditionellen Wege der Ergebnismitteilung an den Landwirt über Post, Faxmitteilung oder als Zwischenstufe über E-Mail, wo fertige Ausdrücke in elektronischer Form transportiert werden, in Zukunft immer mehr in den Hintergrund treten. Im Gegensatz zum gedruckten Bericht, sei es Monats- oder Jahresbericht, können Online-Darstellungen mit der Option auch als Druckform wesentlich besser die

individuellen Bedürfnisse des Milchviehhalters bedienen, angefangen von Sortierkriterien bis zum Umfang des Berichtes. Die Überlegenheit eines Onlineangebotes im Internet wird noch gewichtiger dadurch, dass zusätzlich Auswertungen der verschiedensten Art jederzeit verfügbar sind.

Da ein Online-Dienst theoretisch auf alle in der Datenbank gespeicherten Informationen zugreifen kann, sind die Voraussetzungen für Betriebsvergleiche jeglicher Art nahezu ideal.

Traditionelle Vergleiche mit der Region (von Gemeindeebene bis Bayern) können durch frei wählbare Vergleiche innerhalb gleichen Produktionsbedingungen ergänzt werden. Ebenso sind vertikale Vergleiche als Indikator für innerbetriebliche Entwicklungen jederzeit abrufbar. In Zukunft werden Echtzeitauswertungen noch im stärkeren Umfang die bisher in periodischen Zeitabständen berechneten Vergleichswerte ergänzen bzw. ersetzen, um noch eine höhere Aktualität zu erzielen.

Inzwischen können auch leistungsfähige Web-Software-Tools für eine graphische Aufbereitung von Ergebnisberichten im Internet genutzt werden. Tabellarische Zahlenkolonnen werden in Zukunft immer mehr durch optisch aufbereitete Auswertungslayouts ersetzt, die den Landwirt besser die Stärken und Schwachstellen in seinem Herdenmanagement darstellen. Mit Hilfe verfeinerten Auswertungslogiken rücken immer mehr Ampelsysteme zur Frühwarnung in den Vordergrund, um auch aus der zwangsläufig entstehenden Informationsvielfalt eine übersichtliche Verwertung zu finden.

Eine neue Ebene von Online-Diensten ist durch das Aufkommen von Apps entstanden, die durch hohe Verfügbarkeit und einfache Bedienung eine hohe Akzeptanz bei einem breiten Personenkreis gefunden hat. Für den landwirtschaftlichen Betrieb haben Apps den Vorzug, unmittelbar Online im Stall aktuelle Informationen abrufen zu können und zusätzlich auch eigene Eingaben elektronisch zu erfassen, die dann mittels Vernetzung über die LKV-Datenbank auch für weitere Auswertungstools am PC oder im Internet verfügbar sind. Bisher müssen allerdings die Rechenstellen, wenn sie im Internet zusätzlich App-Dienste anbieten, im Gegensatz zum Web-Angebot mit den unterschiedlichen Betriebssystemen der Nutzer-Geräte zu Recht kommen. Eine kompatible Lösung für die Zukunft ist gegenwärtig nicht erkennbar.

5 Ausblick

Der technische Fortschritt in der Informationstechnologie wird auch in Zukunft anhalten. Das bedeutet, dass auf der Hardwareseite noch leistungsfähigere Rechner mit größeren Datenspeichern angeboten werden. Gleichzeitig nimmt auch der Ausbau der Vernetzung und der Internetdienste, auch im ländlichen Bereich, zu. Es werden noch größere Datenströme schneller über das Netz fließen. Für die Rinderhaltung mit zunehmenden Herdengrößen kann dies nur zum Vorteil sein, da durch die schnellere Verfügbarkeit von noch mehr Informationen Bereiche des Herdenmanagements automatisiert und verbessert werden. Die Aufgaben für die EDV in der Milchleistungsprüfung und Rinderzucht werden allerdings immer komplexer, da auf der Softwareseite eine entsprechende Struktur für Datenhaltung, Auswertung und Vernetzung ausgebaut werden muss. Deshalb ist es nur folgerichtig, durch länderübergreifende Kooperation mehrerer Dienstleister aus der Milchleistungsprüfung und Rinderzucht EDV-Projekte gemeinsam zu realisieren. Die Gründung der RDV GmbH im Jahre 2003 war deshalb eine richtige Entscheidung in die Zukunft.

6 Literaturverzeichnis

- [1] ICAR/ADE, (2013): ANIMAL DATA EXCHANGE, ICAR/ADE Business requirements and technical implementation v 1.5, Diagram 10, 15

