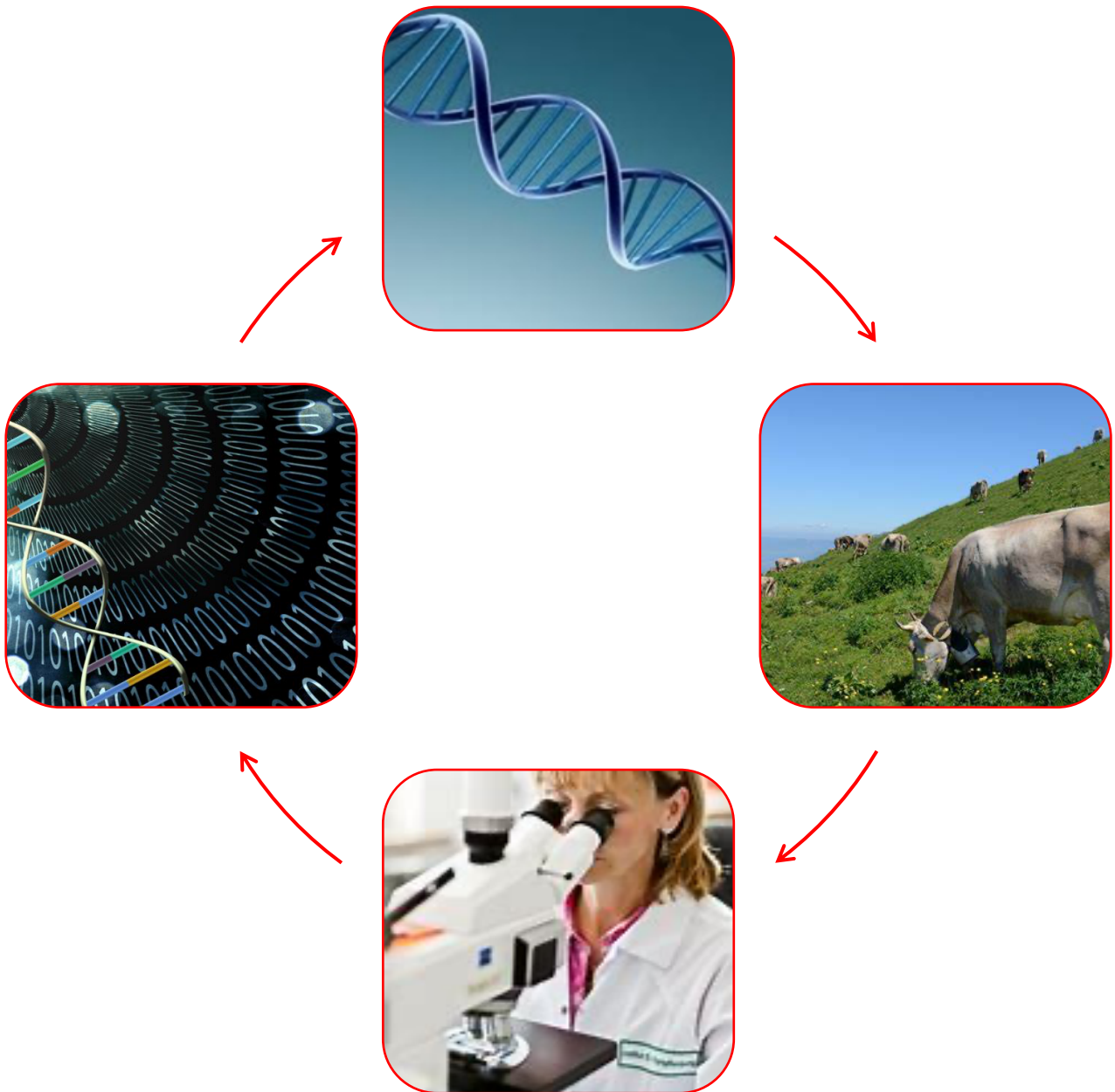


Qualitas⁺

Genomische Selektion



Inhaltsverzeichnis

<i>Genomische Zuchtwerte</i>	3
Genomisch optimierte Zuchtwerte	3
Single-Step Zuchtwerte.....	5
<i>Genomische Selektion</i>	8
<i>Genomische Typisierung</i>	10
Ohrmarke zur Gewebeprobeentnahme.....	10
Haarprobe	11
<i>Weitere genomische Informationen</i>	13
Abstammungskontrolle.....	13
Milcheiweisstypen	13
Hornstatus.....	14
Doppellender Gen	14
Erbfehler.....	15

Genomische Zuchtwerte

Mit der genomischen Typisierung können Informationen aus dem Erbgut der Tiere bestimmt werden. Diese sind dann für die Zuchtwertschätzungen verfügbar.

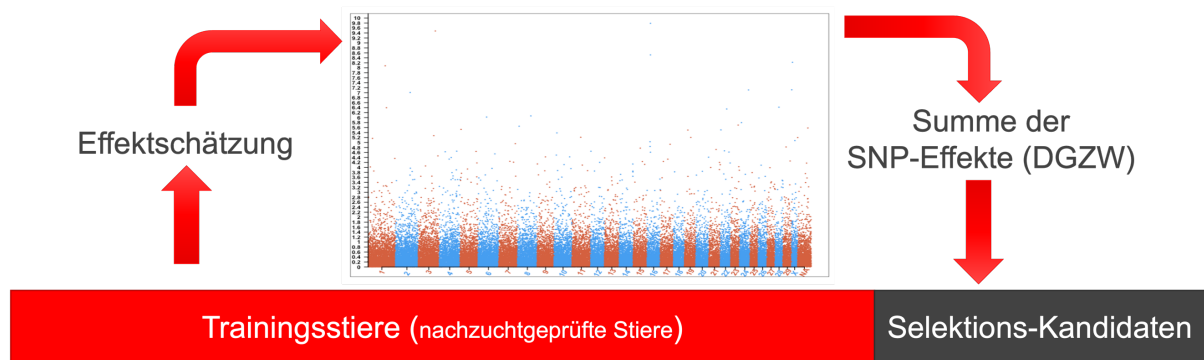
Da wenig über die genaue Lage und die Wirkung der Gene von verschiedenen züchterisch interessanten Merkmalen bekannt ist, werden im Labor die Genome mit sogenannten SNP-Markern untersucht. Durch dieses Vorgehen können Informationen aus dem Erbgut effizient und in grossem Umfang ausgewertet werden. Die SNP-Marker sind über das gesamte Erbgut eines Tieres verteilt. Durch einen Chip werden die SNP typisiert. Es gibt viele unterschiedliche Chiparten. Je nach Chip werden unterschiedlich viele SNP typisiert.

In der Schweiz werden zwei Arten von genomischen Zuchtwerten publiziert. Genomisch optimierte Zuchtwerte und Single-Step Zuchtwerte. Diese unterscheiden sich methodisch sehr stark und werden hier separat erklärt.

Genomisch optimierte Zuchtwerte

Die Effekte der SNP-Marker auf ein bestimmtes Merkmal werden auf Basis von konventionellen Zuchtwerten geschätzt. In der Regel werden für diese Schätzung möglichst genaue Zuchtwerte (z.B. von nachzuchtgeprüften Stieren, klassische Schweizer Zuchtwerte oder INTERBULL Zuchtwerte) verwendet. Die für die Schätzung berücksichtigten Stiere werden als Trainingsstiere bezeichnet.

Je grösser der Trainingsdatensatz ist, desto sicherer kann die Wirkung bzw. der Effekt der SNPs auf ein Merkmal bestimmt werden. Jeder SNP hat einen berechneten Effekt. Die Summe aller SNP- Effekte ergeben den direkten genomischen Zuchtwert (DGZW).



Die genaueste Schätzung für den genetischen Wert eines Tieres entsteht, wenn man alle vorhandenen Informationen zusammenfügt. Dafür werden die konventionellen Zuchtwerte mit den genomischen Zuchtwerten zu einem Index zusammengefasst. Dieser kombinierte Wert ergibt den genomisch optimierten Zuchtwert (GOZW). Je nach vorhandenen Daten werden die GOZW mit unterschiedlichen Labels gekennzeichnet.

ZW-Typ traditionell		Deklaration GOZW	Tiergruppe
Abstammungs-ZW	+ DGZW	GA	Jungtiere
CH-Zuchtwert		G	Kühe, Stiere
Interbull-Zuchtwert		GI	Stiere

Die Gewichtung ergibt sich aus der Sicherheit der beiden Werte. Zum Beispiel wird bei jungen Tieren mit einem unsicheren Abstammungszuchtwert der DGZW stärker gewichtet. Wenn aufgrund von Eigen- und Nachkommenleistungen eine höhere Sicherheit im konventionellen Zuchtwert generiert werden kann, wird die Gewichtung des DGZW kleiner. Daher kann der GOZW bei nachzuchtgeprüften Stieren teilweise dem konventionellen Zuchtwert entsprechen.

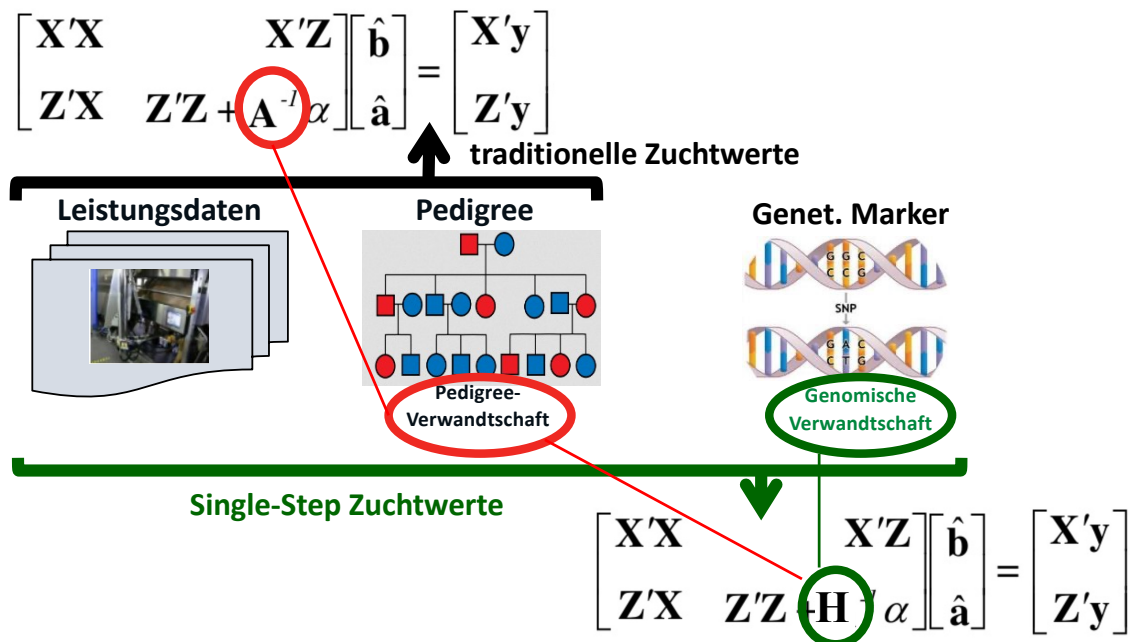
Die genomischen Zuchtwerte können sich ändern. Das Erbgut ist unveränderlich, und bleibt immer gleich. Jedoch werden der Trainingsdatensatz und die davon abhängigen Effekte teilweise

angepasst. Durch diese Anpassungen entstehen leicht veränderte direkte genomische Zuchtwerte.

Single-Step Zuchtwerte

Bei der Single-Step-Methode werden alle verfügbaren Informationen – also Abstammung, Leistungen und Genotypdaten – gleichzeitig in einem einzigen Modell verwendet. Die genomischen Daten fließen direkt in die Berechnung ein, ohne dass zuerst ein separater genomischer Zuchtwert geschätzt wird.

Dazu wird eine spezielle Verwandtschaftsmatrix erstellt, die auf den Abstammungs- und Genotypdaten basiert. Diese ersetzt die klassische Abstammungsmatrix und erlaubt eine genauere Einschätzung der genetischen Beziehungen. Die Information aus der genomischen Verwandtschaftsmatrix zeigt dabei, wie ähnlich sich Tiere genetisch wirklich sind – unabhängig von der bekannten Abstammung.



Der Zuchtwert wird direkt aus dem Gesamtmodell berechnet. So erhalten auch Tiere ohne eigene Leistungen, aber mit Genotypdaten, einen aussagekräftigen Zuchtwert. Besonders bei Jungtieren ist dies ein grosser Vorteil, da sie früh bewertet

werden können, ohne dass man auf Nachkommen oder Eigenleistungen warten muss, und ohne dass ihre Beziehung zu nachzuchtgeprüften Stieren einen grossen Einfluss hat.

Berechnung der Sicherheit

Die Sicherheit eines Zuchtwertes zeigt, wie zuverlässig dieser Wert ist. Sie wird in Prozent angegeben und hängt davon ab, wie viele und welche Informationen für die Berechnung zur Verfügung stehen.

Im Single-Step-Modell wird die Sicherheit direkt aus dem Modell berechnet. Dabei wird berücksichtigt:

- wie viele Leistungsdaten vorhanden sind,
- wie viele genotypisierte Verwandte es gibt,
- wie eng die genetische Beziehung zu diesen Tieren ist,
- und wie gut die Genotypdaten die Leistung erklären.

Je mehr Informationen ein Tier und seine Verwandten liefern, desto höher ist die Sicherheit. Bei genotypisierten Jungtieren ohne eigene Leistungen kann die Sicherheit trotzdem hoch sein, wenn viele nahe Verwandte (laut Abstammung oder/und genomisch) mit guten Daten vorhanden sind.

Beispielhafte Anwendung

Ein Kalb wird typisiert. Es hat keine eigenen Leistungsdaten, aber seine Eltern und Grosseltern sind genotypisiert und haben viele Leistungsdaten. Das Modell erkennt die genetische Ähnlichkeit und kann daraus einen Zuchtwert mit guter Sicherheit berechnen.

Ein anderes Tier hat zwar viele Leistungsdaten, aber keine Genotypdaten. Auch hier kann ein Zuchtwert berechnet werden, aber die Sicherheit ist oft tiefer, da die genetischen Beziehungen weniger genau erfasst werden.

Zusammenfassung

Das Single-Step-Verfahren ist ein effizientes System zur Schätzung von Zuchtwerten. Es nutzt alle verfügbaren Informationen gleichzeitig und liefert dadurch stabile und genaue Zuchtwerte – auch für Tiere ohne eigene Leistungen. Die Sicherheit wird direkt aus dem Modell berechnet und zeigt, wie zuverlässig der Zuchtwert ist.

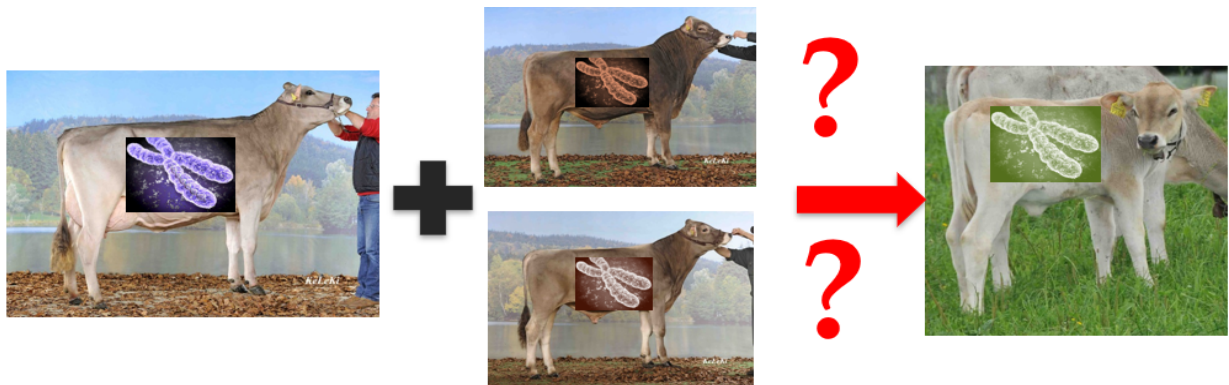
Durch die Kombination von Genotypdaten und Leistungsdaten entsteht ein umfassendes Bild des genetischen Potenzials eines Tieres. So können bessere Zuchtentscheidungen getroffen und der Zuchtfortschritt gesteigert werden.



<https://izhevsk.meatinfo.ru/news/udmurtiya-vnedrit-genomnuyu-selektsiyu-korov-407802>

Genomische Selektion

Die genomische Selektion kann Informationen aus dem Erbgut der Tiere nutzen. Durch diese Informationen können züchterische Verbesserungen für bestimmte Merkmale eines Tieres erzielt werden. Das Ziel ist, möglichst früh, genau und kostengünstige Daten zur Verfügung zu haben. Dank genaueren Zuchtwerten und kürzeren Generationenintervallen kann ein grösserer Zuchtfortschritt erreicht werden.

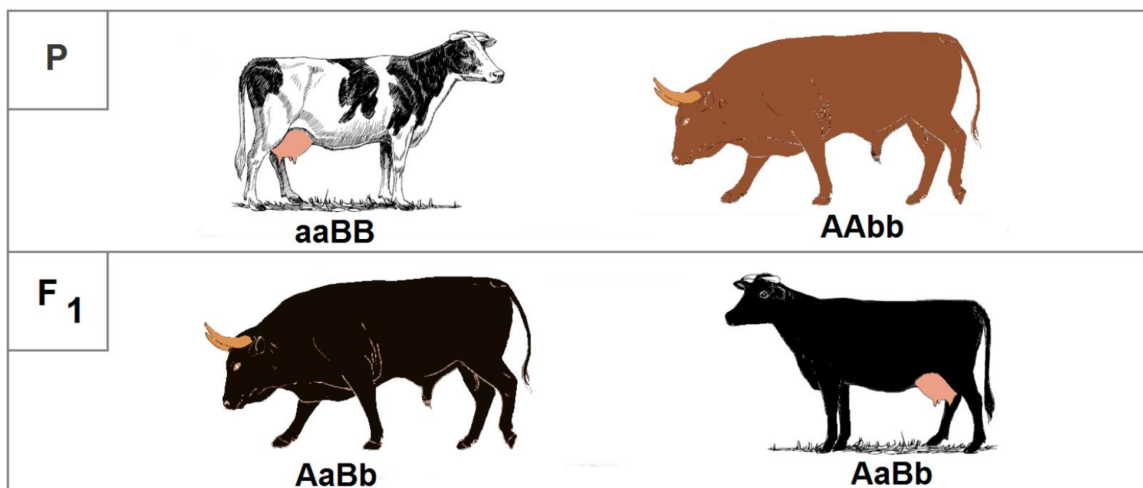


Die Auswahl von Jungstieren anhand der genomischen Zuchtwerte ermöglicht in der Rinderzucht eine deutliche Steigerung des Selektionserfolges pro Jahr. Zusätzlich konnte die Verfügbarkeit von gesextem Sperma ausgebaut werden. Werden diese beiden Methoden kombiniert, kann gezielt weibliche Nachzucht von den besten Kühen remontiert werden.

Die genomischen Zuchtwerte stimmen besser mit den späteren Nachzuchtprüfungsergebnissen überein als reine Abstammungszuchtwerte. Dies wurde im Vorfeld der routinemässigen Anwendung untersucht und ist essentiell für den Nutzen der genomischen Selektion. Daher sind die genomischen Zuchtwerte genauer als Abstammungszuchtwerte. Werden Tiere anhand von genomischen Zuchtwerten selektioniert, werden genauere Entscheidungen getroffen und ein grösserer Zuchterfolg erzielt.

Voraussetzung für den Gebrauch von genomischen Zuchtwerten in der eigenen Herde ist, dass die eigene weibliche Nachzucht typisiert wird. Es ist wichtig, dass die gesamte weibliche Nachzucht genomisch getestet wird, und nicht nur einzelne Tiere. Dadurch können die besten bzw. die schlechtesten Tiere frühzeitig erkannt werden.

Das Erbgut wird jeweils zu 50% vom Vater und zu 50% von der Mutter vererbt. Die Weitergabe des Erbgutes erfolgt nach dem Zufallsprinzip. Das hat zur Folge, dass Vollgeschwister genetisch verschieden sind. Durch die genomische Zuchtwertschätzung werden die Unterschiede aufgedeckt, ohne dass sie eigene Leistungen erbracht haben.



A= Allel für einfarbig

B= Allel für schwarz

Grossbuchstabe= dominantes Allel

a= Allel für Scheckung

b= Allel für braun

Kleinbuchstabe= rezessives Allel

https://de.wikipedia.org/wiki/Datei:Mendel_-_Unabh%C3%A4ngigkeitsregel.png

Die genomischen Selektion wird sich in Zukunft weiter entwickeln und neue Merkmale werden an Bedeutung gewinnen.

Genomische Typisierung

Für eine genomische Typisierung werden in der Regel Ohrstanzproben oder Haarwurzeln verwendet. Beide Materialien enthalten die nötigen Erbinformationen.

Ohrmarke zur Gewebeprobeentnahme

Mit der Gewebeohrmarke wird beim Markieren gleichzeitig eine Gewebeprobe ausgestanzt.

Die Ohrmarken können über Agate bestellt werden. Dabei ist darauf zu achten, dass die speziellen FlexoPlusGeno Gewebeohrmarken von Caisley ausgewählt werden.

Die Ohrmarke muss mit der dazugehörigen Zange eingedrückt werden. Dadurch wird ein Stück Gewebe entnommen. Wird eine falsche, nicht zur Ohrmarke passende Zange verwendet, wird kein Gewebe entnommen und die Probe ist kaputt, leer und unbrauchbar.

Damit die Ohrmarken richtig gestanzt werden, müssen sie zwischen den beiden Ohrenknorpeln platziert werden. Die Ohrmarke sollte nicht zu weit innen und nicht zu weit aussen liegen. Anschliessend muss die Zange einmalig kräftig geschlossen werden bis zum Anschlag (Knackgeräusch). Das Kalb muss während dem gesamten Vorgang gut fixiert sein.

Das Proberöhrchen muss sorgfältig aus der Zange genommen werden. **Achtung!** Proberöhrchen nicht im Bereich von Einstreu oder Spaltenboden aus der Zange nehmen. **Verlustgefahr!**

Sollte die Caisley-Tube kaputt sein (keine Flüssigkeit mehr im Behälter; geknicktes Röhrchen; Teile des Plastikbehälters abgerissen; nicht fest verschlossen) muss eine neue Probe (z.B. Haare) eingesendet werden.

Der verschlossene Behälter kann nun in dem mitgelieferten Umschlag direkt an die Qualitas AG gesendet werden.

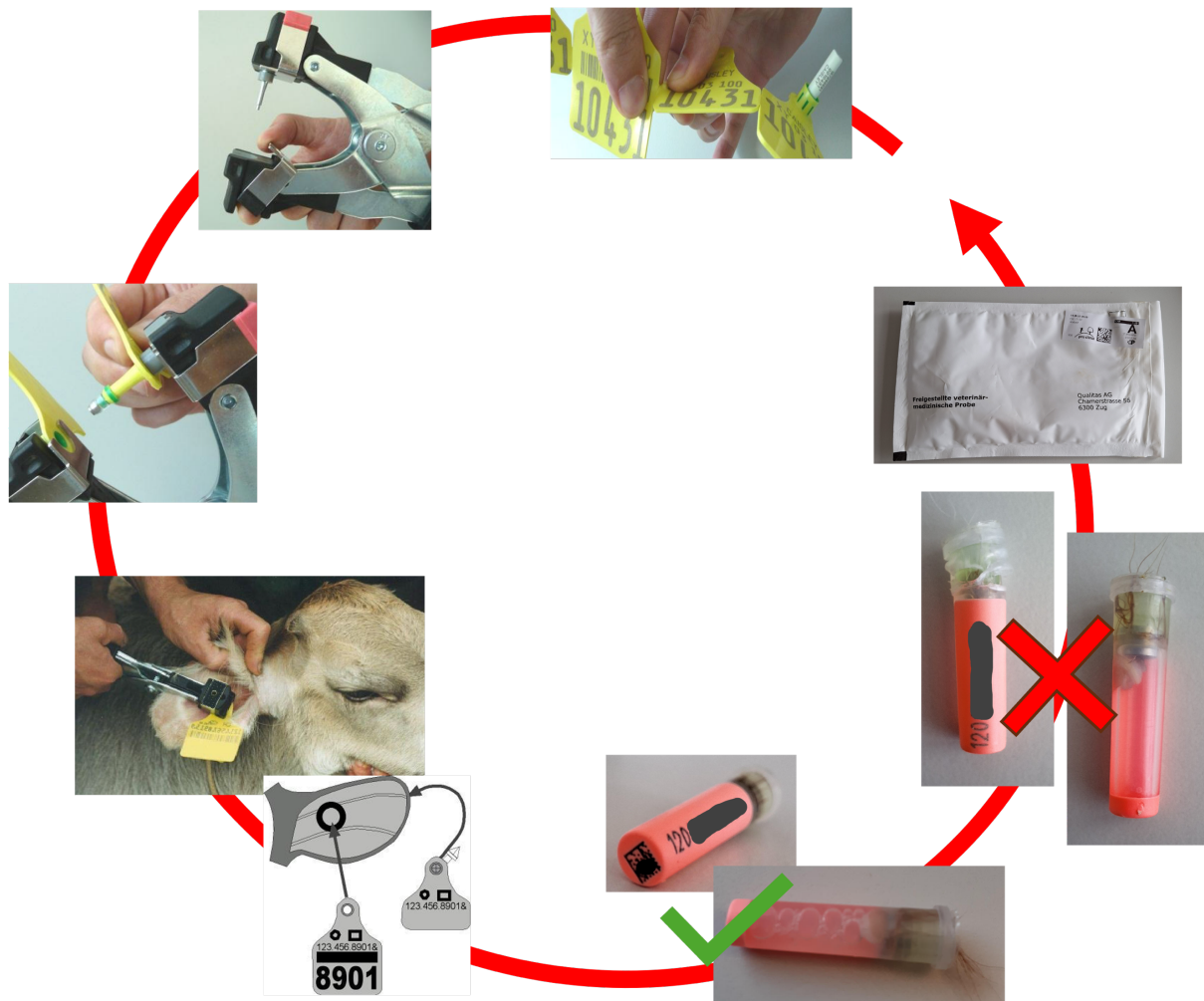


Abb.: Schema Entnahme Ohrstanzprobe

Haarprobe

Für die Entnahme einer Haarwurzelprobe beachten Sie bitte die Anleitung auf der nächsten Seite. Die erwähnten Haartüten können bei ihrer Zuchtorganisation bestellt werden.

Anleitung zur Entnahme einer Haarprobe



- Saubere Hände + sauberes Tier, verschmutzte Proben können nicht typisiert werden.
- Haare von anderen Tieren unbedingt vermeiden.
- Haare **gegen** die Wuchsrichtung ausrupfen.



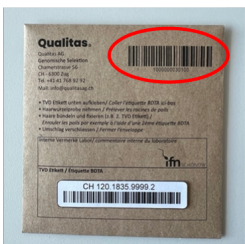
- Für eine erfolgreiche Typisierung werden 50 – 100 Haarwurzeln benötigt.
- Haare bündeln und mit Klebeband befestigen.



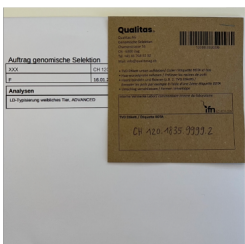
- TVD-Kleber auf die Tüte in das Feld *TVD Etikett* kleben.
- Sicherstellen, dass der TVD-Kleber zu den Haaren des Tiers passt.



- Haarbündel in die Tüte legen.
- Tüte mit der Papierlasche schliessen.



- Vorgedruckten Barcode oben rechts auf der Tüte unbedingt frei lassen.
- TVD-Kleber des Tieres ist auf der Tüte aufgeklebt, dann braucht es keinen Auftrag.



- Sie haben keinen TVD-Kleber des Tieres: online bei der Zuchtorganisation Auftrag erstellen und ausdrucken.
- Tüte an das Auftragsformular anheften.

Die **Tüte** in einem frankierten Briefumschlag an folgende Adresse schicken:

QUALITAS AG
Genomische Selektion
Chamerstrasse 56
6300 Zug

Weitere genomische Informationen

Nebst den Zuchtwerten können auch andere Informationen aus den SNP-Markern analysiert werden. Die Einzelgentests liefern spezifische Informationen über gewisse Eigenschaften der Tiere. Durch diese Tests können spezifische Zuchtfortschritte erzielt und gewisse Risiken verkleinert werden.

Abstammungskontrolle

Die Abstammungskontrolle ist ein Teil der genomischen Typisierung. Verwandte Tiere sind sich ähnlicher, da Bruchstücke im Erbgut identisch sind. Durch die vielen SNP-Daten, welche bei einer Typisierung anfallen, kann die Verwandtschaft ohne Kenntnis über die Abstammung hergeleitet werden. Damit man die Verwandtschaft oder die Abstammung bestätigen kann, werden die SNP-Daten des untersuchten Tieres mit den SNP-Daten der Eltern verglichen. Wenn die Angaben stimmen, passen auch die SNP zueinander. Die Eltern müssen dafür auch typisiert worden sein. Ist eine Abstammung unklar, kann bei einer Typisierung nach der Abstammung gesucht werden.

Milcheiweisstypen

Der Milchgehalt ist ein wichtiger Aspekt in der Milchverarbeitung. Die Zusammensetzung der Milch spielt dabei eine wichtige Rolle. Durch die routinemässig enthaltenen Zusatztests der Milchproteine können von einem Tier z.B. der Kaseintyp nach einer Typisierung ausgewiesen werden. Durch dieses Wissen können bestimmte Nischenprodukte bearbeitet werden.

Hornstatus

Die genomischen Einzelgentests bringen auch Informationen über den Hornstatus. Dabei treten unterschiedliche Varianten auf. Ein Tier kann homozygot horntragend (pp), homozygot hornlos (PP) oder heterozygot hornlos (Pp) sein.

Da das hornlose Gen dominant ist, sind heterozygote Tiere hornlos, können aber das Gen für Horn weitervererben. Weiter gibt es noch die Bezeichnung PS, welche für Wackelhörner steht. Wackelhörner sind nach neuesten Erkenntnissen von einer grösseren Anzahl an Genen beeinflusst. So gibt es dafür heute keinen Gentest.

Doppellender Gen

Das Gen für Doppellender produziert einen zusätzlichen Lendenmuskel. Dieser führt zu höheren Geburtsgewichten, erschwerten Geburten und einer verbesserten Zartheit des Fleisches. Die Bemuskellung wird erhöht und gleichzeitig wird externes und intramuskuläres Fett, ohne einen Einfluss auf das Geburtsgewicht, reduziert. Durch eine Typisierung kann dieses Gen festgestellt werden. Die Vererbung und das Vorkommen sind je nach Rasse unterschiedlich.

Erbfehler

Es gibt viele unterschiedliche Erbfehler. Ein Grossteil der heute bekannten Erbfehler sind in der Genotypisierung enthalten. Viele Erbfehler folgen dem rezessiven Vererbungsmuster und können daher nur zum Vorschein kommen, wenn Mutter und Vater Träger des Erbfehlers sind. Bei den Eltern kommt der Erbfehler nicht zum Vorschein, da er rezessiv ist. Ein Viertel der Nachkommen von heterozygoten Eltern werden homozygote Träger sein, bei denen der Erbfehler zum Vorschein kommt. Oft leben die Kälber mit Erbfehler nicht lange oder sterben sogar schon als Embryo ab. Daher kommt es vor, dass Erbfehler bis anhin nicht bemerkt wurden. Durch die Typisierung konnten zusätzliche Erbfehler entdeckt werden.

Je nach Rasse treten unterschiedliche Erbfehler auf. Diese können verschiedene Auswirkungen und Ausmasse haben. Zum Beispiel lebensschwach, zurückgebliebener Wuchs, Körperverformung, Unfruchtbarkeit usw.

Damit die Erbfehler nicht weitergezüchtet werden, ist bei einer Anpaarung darauf zu achten, dass nicht beide Elterntiere Träger eines bekannten Erbfehlers sind. Wenn möglich sollten Trägartiere von der Zucht nicht ausgeschlossen werden. Dies mag erstaunlich klingen, jedoch führt der Ausschluss von Trägern langfristig zu einer gesteigerten Inzucht. Entscheidend ist also heute das Wissen über Träger und deren gezielter Einsatz auf freie Tiere. Durch das Wissen, welche Tiere Träger von Erbfehlern sind, kann die Gesundheit der Tiere und die Kälbersterblichkeit verbessert werden.

© 2025

Qualitas AG

Chamerstrasse 56
CH - 6300 Zug

+41 41 768 92 92

info@qualitasag.ch

www.qualitasag.ch