

Genomische Single-Step-Zuchtwerte bringen Änderungen

ADRIEN BUTTY und PETER VON ROHR, Qualitas AG

Die ersten Single-Step-Zuchtwerte wurden in der Schweiz im April 2024 publiziert. Für das Merkmal Kälbervitalität gab es noch keine genomischen Zuchtwerte, aber zukünftig werden Single-Step-Zuchtwerte für Merkmale publiziert, für die bereits genomische Zuchtwerte mit dem Mehrschrittverfahren verfügbar sind. In diesem Artikel werden die zu erwartenden Veränderungen erklärt und quantifiziert.



Die zukünftige Umstellung auf Single-Step-Zuchtwerte wird Änderungen und Rangverschiebungen mit sich bringen.

Bild: Braunvieh Schweiz

Seit April 2024 werden die Schweizer Zuchtwerte (ZW) für das Merkmal Kälbervitalität für alle Rassen in einem einstufigen Verfahren – dem Single-Step-Verfahren – geschätzt. Das neue Verfahren bringt Vorteile gegenüber dem bisherigen Verfahren: Genotypen von weiblichen Tieren tragen nun zur eigentlichen Schätzung bei und Daten von Tieren, die aufgrund ihrer genomischen Zuchtwerte von der Zucht ausselektiert wurden, können weiterhin einbezogen werden. Über diese Unterschiede wurde in der Ausgabe vom September 2023 berichtet.

Es liegt nahe, Vergleiche zwischen den alten und den neuen Zuchtwerten anzustellen. Diese Vergleiche müssen jedoch immer mit sehr grosser Vorsicht vorgenommen werden. Obwohl die aus dem Mehrschrittverfahren resultierenden genomisch-optimierten Zuchtwerte (GOZW) und die Single-Step-Zuchtwerte versuchen, die gleiche genetische Grösse – nämlich den wahren Zuchtwert – möglichst genau zu schätzen, sind die beiden Verfahren aus methodischer Sicht nicht miteinander vergleichbar. Diese Tatsache hat weitreichende Konsequenzen für die Eigenschaften der geschätzten Zuchtwerte.

In diesem Artikel zeigen wir weiter auf, weshalb aufgrund der unterschiedlichen Eigenschaften der Zuchtwerte Vergleiche zwischen den beiden Arten von genomischen Zuchtwerten nur bedingt aussagekräftig sind.

Aktueller genomischer Zuchtwert GOZW

Im aktuellen Mehrschrittverfahren besteht ein genomisch-optimierter Zuchtwert (GOZW) aus einem direkt-genomischen Zuchtwert (DGZW), kombiniert mit einem traditionellen Pedigree-basierten Zuchtwert.



Bei jungen Selektionskandidaten ist der traditionelle Zuchtwert der Abstammungszuchtwert. Im GOZW sind also die zur Schätzung verwendeten Informationsquellen strikt getrennt. Die genomische Information eines Tieres beeinflusst nur den DGZW dieses Tieres. Der DGZW eines Tieres entspricht dem mit der Genotypinformation gewichteten Mittel der geschätzten SNP-Markereffekte (Abbildung 3). Der traditionelle Zuchtwert berücksichtigt die Verwandtschaftsinformation aus dem Pedigree.

Single-Step-ZW nicht identisch mit aktuellen GOZW

Diese einfache Art der Trennung der Informationsquellen ist im Single-Step-Verfahren nicht möglich. Ein Single-Step-Zuchtwert eines genotypisierten Tieres hängt von den Zuchtwerten aller anderen genotypisierten Tiere plus von den Zuchtwerten der verwandten nicht genotypisierten Tiere ab.

Diese Abhängigkeit zwischen den Zuchtwerten basiert auf der speziellen Verwandtschaft, welche im Single-Step-Verfahren zur Anwendung kommt. Diese entspricht einer Kombination aus Pedigree-basierter Verwandtschaft und der sogenannten genomischen Verwandtschaft.

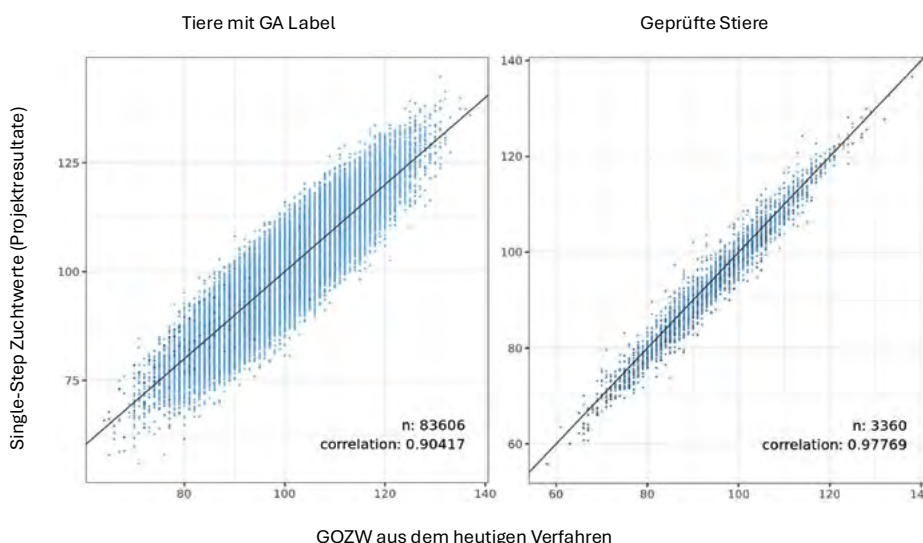
Pedigree-basierte vs. genomische Verwandtschaft

Die Pedigree-basierte Verwandtschaft zwischen zwei Tieren ergibt sich aus gemeinsamen Vorfahren im Stammbaum und ist daher auch für nicht genotypisierte Tiere verfügbar.

Bei der genomischen Verwandtschaft werden unabhängig vom Stammbaum die Anzahl gleicher Allele mit der Anzahl ungleicher Allele für jeden Locus gezählt und miteinander verrechnet. Genomische Verwandtschaft besteht also nur zwischen genotypisierten Tieren. Diese zeigen untereinander alle eine gewisse genomische Verwandtschaft.

Diese Art der Berücksichtigung von genomischer Information über die genomische Verwandtschaft ermöglicht es, alle genotypisierten Tiere in der Zuchtwertschätzung zu berücksichtigen. Dies ist aufgrund der steigenden Zahl an verfügbaren Typisierungen von weiblichen Tieren ein wichtiger

Abbildung 1: Vergleiche zwischen genomischen ZW aus dem heutigen und dem Single-Step-Verfahren für alle genotypisierten Tiere (links) und nur geprüfte und genotypisierte Stiere (rechts).



Pluspunkt des Single-Step-Verfahrens und ist sicher ein sehr wichtiger Grund für den Entscheid, ob das Single-Step-Verfahren generell eingeführt wird.

Fazit Unterschiede neues vs. altes Modell

Die Integration einer grossen Anzahl von Kuhgenotypen sowie die oben erwähnten Unterschiede zwischen dem aktuellen Modell und dem Single-Step-Modell zur Schätzung der genomischen Zuchtwerte (ZW) führen dazu, dass sich die Single-

Step-Zuchtwerte von den aktuellen Zuchtwerten unterscheiden.

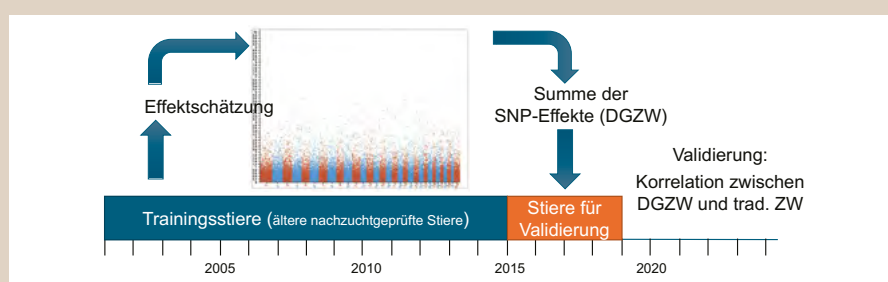
Es kommt zu Rangverschiebungen

Ergebnisse aus dem Entwicklungsprojekt für Single-Step mit dem Merkmal Zentralband haben gezeigt, dass die Zuchtwerte über alle genotypisierten Tiere hinweg eine Korrelation von ca. 0.90 aufweisen (Abbildung 1, links). Dies bedeutet, dass Tiere, die derzeit auf einer Topliste stehen, mit Single-Step von dieser Liste verschwinden könnten.

Validierungsverfahren zur Schätzung des genomischen Bestimmtheitsmass heute

Das Bestimmtheitsmass der heutigen genomischen Zuchtwerte wird mittels eines Validierungsverfahrens geschätzt:

1. Trainingsstiere – alle nachzuchtgeprüft – werden in zwei Gruppen geteilt: ältere Stiere und Validierungsstiere.
2. SNP-Effekte werden nur mit Informationen der älteren Stiere geschätzt.
3. Die direkt genomischen ZW (DGZW) der Validierungsstiere sind mittels dieser SNP-Effekte geschätzt.
4. Die Korrelation zwischen den DGZW und den traditionellen ZW der Validierungsstiere bildet das Bestimmtheitsmass der DGZW für die spezifische Rasse und die Merkmalkombination.



Diese Rangverschiebung wird bei Tieren mit mehr Zusatzinformationen in der Bewertung, wie bei genotypisierten Stierkandidaten oder genotypisierten Kühen, stärker ausgeprägt sein. Im Gegensatz dazu sollten sich die Zuchtwerte von Tieren, deren Informationen bereits vollständig in die Bewertung einfließen, weniger verändern. Die Ergebnisse aus dem Entwicklungsprojekt zu Single-Step haben gezeigt, dass die Zuchtwerte von genotypisierten, geprüften Stieren eine Korrelation von ca. 0.98 aufweisen (Abbildung 1, rechts).

Die genomischen Bestimmtheitsmasse sind nun tierindividuell

Die Schätzung der Bestimmtheitsmasse ändert sich ebenfalls mit der Einführung des Single-Step-Verfahrens. Bisher wurde für die Berechnung der Bestimmtheitsmasse der direkt-genomischen Zuchtwerte (DGZW) ein Validierungsverfahren (siehe Textbox) angewandt. Bei diesen Bestimmtheitsmassen der DGZW handelt es sich um eine Abschätzung der Auswertungsgenauigkeit, welche somit pro Merkmal und pro Rasse identisch ist für alle Tiere.

Durch die Kombination der DGZW-Bestimmtheitsmasse mit den Bestimmtheitsmassen der traditionellen Zuchtwerte resultiert die Sicherheit der genomisch optimierten Zuchtwerte (GOZW). Mit Single-Step können die Bestimmtheitsmasse der genomischen Zuchtwerte analog zu den Bestimmtheitsmassen der traditionellen Zuchtwerte mit dem gleichen Modell wie die genomischen ZW geschätzt werden.

Dies bedeutet, dass die Verwandtschaft (genomisch und traditionell) zwischen den Tieren und ihren Leistungen genauer berücksichtigt werden kann. Genau wie bei den genomischen Zuchtwerten werden auch bei den Bestimmtheitsmassen durch die Einführung von Single-Step grössere Veränderungen zu beobachten sein.

Wenige versus alle Marker haben einen Effekt

Effekte von genomischen Markern (SNP) auf phänotypische Leistungen können mit verschiedenen Modellen geschätzt

Abbildung 2: Verteilung SNP-Effekte der heutigen genomischen Selektion (rot) und einer Single-Step-Auswertung (blau). Im Single-Step-Verfahren sind die Effekte auf mehr SNP verteilt und somit kleiner.

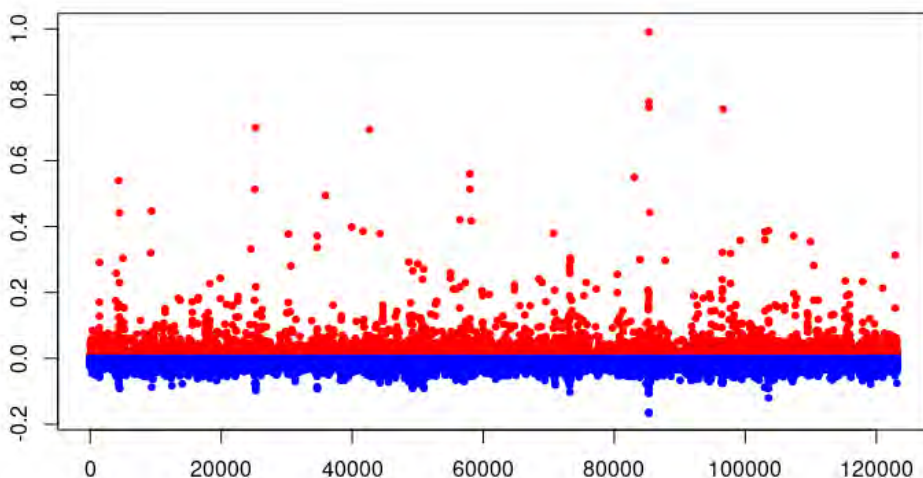
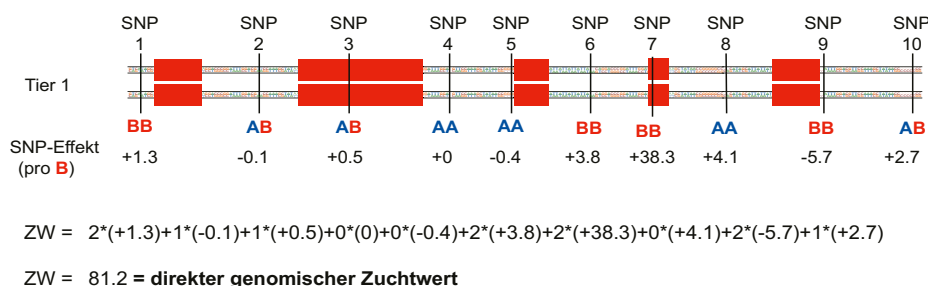


Abbildung 3: Der direkt genomische ZW ist die Summe aller SNP-Effekte mal der Anzahl B-Allele.



werden. Diese Modelle verteilen die Effekte einer Genomregion unterschiedlich auf die benachbarten SNP.

Im aktuellen Mehrschrittverfahren werden die Effekte der genomischen SNP-Marker auf die Phänotypen mit einer Regression modelliert. Die Schätzung der SNP-Effekte erfolgt über einen sogenannten «BayesCpi»-Ansatz, der diese auf 2 bis 5 % der verfügbaren SNP-Marker verteilt. Für die Schätzung der Markereffekte werden Daten aus der Referenzpopulation verwendet. Diese besteht in der Regel aus nachzuchtgeprüften Stieren einer Rasse.

Mit dem Single-Step-Verfahren werden die genomischen Markereffekte mit einer Regression auf die genomischen Zuchtwerte geschätzt und dadurch auf alle SNP verteilt (Abbildung 2). Die so geschätzten SNP-Effekte werden im Single-Step-Verfahren aus Gründen der begrenzten Rechenkapazität ausschliesslich für die zweiwöchentliche Publikation von geno-

mischen ZW für neu genotypisierte Tiere verwendet.

Die unterschiedliche Verteilung der SNP-Effekte hat jedoch nur einen geringen Einfluss auf die genomischen Zuchtwerte der neu genotypisierten Tiere, da sich diese Unterschiede durch die Aufsumмирование der Markereffekte zu den genomischen Zuchtwerten aufheben sollten (Abbildung 3).

Fazit zur Single-Step-Einführung

Die Einführung des Single-Step-Verfahrens zur Schätzung von genomischen Zuchtwerten wird einmal zu grossen Änderungen der publizierten Zuchtwerte und Bestimmtheitsmasse führen. Stiere, die heute auf den Toplisten stehen, können ihren Platz auf diesen Listen verlieren. Dieses «Rütteln» (auch bekannt als Erdbeben) geht aber mit einer Verbesserung der Schätzungen einher, auf die sich die Rinderzucht heute weitgehend stützt.