

# **DLG-Wintertagung 2003**

## **Moderne Tierzucht mit Gentechnik Neue Perspektiven für Tiergesundheit, Leistung, Vielfalt und Verbraucherschutz**

**München, 9. Januar 2003**

**Kurzfassungen der Vorträge**

## **Inhaltsverzeichnis**

### **Seite**

#### **Neue Perspektiven für die Rinderzucht**

3

Prof. Dr. Dr. h.c. Ernst Kalm,  
Institut für Tierzucht und Tierhaltung, Universität Kiel

#### **Neue Perspektiven für die Schweinezucht**

9

Prof. Dr. Larl Schellander,  
Institut für Tierzuchtwissenschaft, Universität Bonn

#### **Neue Perspektiven für die Geflügelzucht**

13

Prof. Dr. Rudolf Preisinger,  
Lohmann Tierzucht GmbH, Cuxhaven

## **Moderne Tierzucht mit Gentechnik: Neue Perspektiven für die Rinderzucht**

Univ. Prof. Dr. Dr. h.c. mult. Ernst Kalm, Institut für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität Kiel

Die Weltbevölkerung von derzeit gut 6 Mrd. Menschen wird im Jahre 2020 auf ca. 8 Mrd. angewachsen sein. Für ein friedliches Zusammenleben dieser Menschen wird es darauf ankommen, daß eine ausreichende Grundversorgung mit Nahrungsmitteln garantiert werden kann, ohne gleichzeitig den Raubbau an der Natur zu beschleunigen. Das bedeutet eine möglichst effiziente Nahrungsmittelerzeugung.

Die Milcherzeugerbetriebe in Europa stellen sich auf die wirtschaftlichen Rahmenbedingungen einer zunehmend globaler werdenden Weltagrarwirtschaft ein. Von den 32 Mio. Kühen werden knapp zwei Drittel für die Milcherzeugung genutzt und von den 100 verschiedenen Rinderrassen haben nur noch sieben Rassen eine übernationale wirtschaftliche Bedeutung. So entwickeln sich Spezialbetriebe mit 150 - 500 Kühe und diese erfordern gesunde, leistungsstabile 8-10.000 Liter Kühe mit hohen Milchinhaltstoffen und hoher Futtereffizienz. Sinkende Erzeugerpreise und ein relativ starres Milchkontingentierungs-system behindern das Wachstum der Betriebe, daraus resultiert ein steigender Druck, die Produktionskosten pro kg erzeugter Milch deutlich zu reduzieren, um wettbewerbsfähig zu bleiben und ein ausreichendes Einkommen zu erwirtschaften.

Der Preisdruck muß durch den technischen Fortschritt aufgefangen werden. Die Milchviehalter in Europa haben beachtliche Leistungssteigerungen bei den Produktionsmerkmalen Fett- und Eiweißmenge realisiert. In der Produktionsstufe werden 500 kg Fett- und Eiweißmenge mit gut 6.000 kg Milch erzeugt. Hostenzüchter haben Herdenleistungen von 10.000 Liter bereits überschritten, so daß durch die Leistungssteigerung die Zahl der Kühe um 20-30 % abnehmen wird. Durch den Strukturwandel wird sich die Zahl der Milchviehalter von derzeit ca. 900.000 um 40 % reduzieren.

Auf der Kostenseite sind Futter-, Remontierungs- und Tierarzkosten die wichtigsten Komponenten, alle werden maßgeblich durch die Nutzungsdauer beeinflußt. Diese Kostenkomponenten gilt es zu minimieren, um hier die Kostenführerschaft zu übernehmen.

Neben der Optimierung der Produktionsmerkmale wird zukünftig ein Schwerpunkt in der Verbesserung der insgesamt niedrig erblichen funktionalen Merkmale liegen, dies sind die Bereiche - Gesundheit, Fruchtbarkeit, Kalbeverlauf und Effizienz.

### **Neue Selektionsverfahren**

Die bisherigen traditionellen Selektionsverfahren nutzen vornehmlich die additiv genetischen Effekte und die Selektionsentscheidungen basieren auf der Grundlage erfaßter phänotypischer Informationen der Eigen- und Verwandtenleistungen. Grenzen der bisherigen Selektionsverfahren zeigen sich bei Merkmalen mit niedriger Heritabilität, bei später Ausprägung der Merkmale oder bei negativ korrelierten Merkmalen. Die Probleme können möglicherweise durch Nutzung molekulargenetischer Informationen überwunden werden. Die Entdeckung der genetischen Variabilität direkt auf der Ebene der DNA durch molekulargenetische Marker, hauptsächlich in Form von Mikrosatelliten, eröffnen neue Möglichkeiten. Sie sind in großer Zahl auf dem Genom vorhanden und können genotypisiert und bei Betrachtung mehrerer Generationen relativ einfach kartiert werden. Mit der Kartierung und Identifizierung wirtschaftlich bedeutsamer Merkmalsloci („Quantitative trait loci“, QTL) und der Nutzung dieser Informationen im Rahmen der markergestützten Selektion kann Zuchtfortschritt für die Produktions- und funktionalen Merkmale erzielt werden. Auf nationaler und internationaler Ebene laufen umfangreiche Projekte, um QTL in den Nutztierpopulationen genetisch zu kartieren und die Effizienz der tierischen Produktion zu beeinflussen. Die Ergebnisse des laufenden ADR/ BMBF Forschungsprojektes „Genomanalyse Rind“ zeigen, daß dieser Ansatz erfolgreich sein kann, so stehen bereits eine größere Anzahl eng eingegrenzte, QTL-tragende Genomregionen zur Verfügung. Für die Merkmalskomplexe - Milch, Eutergesundheit und Funktionalität - sind die Genomregionen bestätigt, so daß die praktische Nutzenanwendung gestartet wurde. Der jetzige Stand der Genomkarte des Rindes mit über 2.400 Mikrosatelliten Markern und etwa 1.500 Genen eröffnet damit den Einstieg in die Markergestützte Selektion (MAS).

### **Anwendung**

Die MAS beruht auf der Kopplung von Leistungsgenen mit sogenannten genetischen Markern wie z.B. Mikrosatelliten. Marker sind als Markierungspunkte auf den Chromosomen zu verstehen, denen selbst keine Funktionen zugeordnet sind. Wird ein Chromosomenabschnitt mit einem Marker gemeinsam vererbt, liegt eine Kopplung vor, so daß die Möglichkeit besteht, nach diesem Abschnitt, der mit den Markern gekoppelt ist, zu selektieren. Folgende Beispiele werden bereits genutzt:

- **Markergestützte Selektion für rezessive Erbdefekte**

Im Rahmen des ADR-Projektes wurde der Erbdefekt *Weaver* intensiv bearbeitet. Die Krankheit wurde 1973 erstmalig für die Rasse Brown Swiss in den USA beschrieben. Die Arbeitsgruppe FÖRSTER in München hat auf dem Chromosom 4 im Bereich von 6 Mikrosatelliten die Position des *Weaver*-Gens lokalisiert und im Rahmen des Tests können Aus-sagen zum *Weaver*-status, d.h. Anlagenträger ja oder nein getroffen werden (MEDUGORAC et.al. 2000). Zwischenzeitlich konnten die Franzosen auch den Bereich des *Bulldog*-Gens eingrenzen und bei der Selektion der Bullen nutzen. Für die Krankheit CVM (Complex Vertebral Malformation) steht aus Dänemark ein Gen-test zur Verfügung und die Holstein-züchter nutzen diese Möglichkeit bei der Selektion.

- **Markergestützte Selektion innerhalb Familien für QTL**

In Simulationsstudien wurde gezeigt, daß die Einbeziehung von Markerinformationen in die Selektionsentscheidung den genetischen Fortschritt nachhaltig beschleunigen kann. Für die praktische Umsetzung kommen der Top-down oder der Bottom-up Ansatz in Frage.

Mit dem Top-down Ansatz kann eine Vorselektion von potentiellen Testbullen innerhalb Familien unter Nutzung von QTL-Markern und zurückliegender Generationen der Familie erfolgen. Ausgangspunkt sind Großväter für die durch Untersuchung von Söhnen nachgewiesen wurde, daß sie an mindestens einem QTL heterozygot sind. Im Gegensatz zum Top-down Ansatz wo die Großväter den Ausgangspunkt bilden, liegt beim Bottom up der Ausgangspunkt bei den Vätern, für die durch Untersuchung der Töchter nachgewiesen wurde, daß sie an mindestens einem QTL heterozygot sind. Für den Einstieg in die MAS sind beide Ansätze geeignet. Top down hat eine höhere Power und außerdem ist die Einbeziehung von Fremdbullen möglich.

### **Zuchtwertschätzung**

Das Testtags-Tiermodell wurde für Milchleistungsmerkmale und für die Zellzahl eingeführt, wobei die Zuchtwerte anhand von linearen Modellen aus den Leistungs- und Abstammungsinformationen eines Tieres und seiner Verwandten als beste, lineare, unverzerrte Schätzer ermittelt werden. Mit dem Vorliegen der Markerinformationen gilt es jetzt, die Marker als zusätzliche Informationen in BLUP-Modellen zu berücksichtigen. Dies führt zu genaueren Zuchtwerten und fördert eine verbesserte und sichere Auswahl der Anpaarungsparameter für die gezielte Paarung. Die Nutzung und Anwendung der Ergebnisse aus der Genomanalyse erfordert den Aufbau einer geeigneten Informationsstruktur. Sämtliche Informationen der Tiere, d.h. sowohl die phänotypischen Informationen als auch die molekulargenetischen, müssen für die mar-

kergestützte Selektion und für die Zuchtwertschätzung vorliegen, d.h. neben der bisherigen Datenbank für die phänotypischen Merkmale ist der Aufbau einer Markerdatenbank erforderlich.

### **Schlußfolgerung**

Die Genomanalyseprojekte beim Rind führten zu positiven Ergebnissen. Für die Milchrinderzucht stehen ökonomisch wichtige Chromosomenbereiche für die züchterische Nutzung zur Verfügung. Diese Ergebnisse lassen sich für die marker-gestützte Selektion und Weiterentwicklung der Zuchtwertschätzung nutzen; damit verbunden ist eine Erweiterung der Infrastruktur (Datenbank) für die Nutzung der Ergebnisse aus den Genomanalyseprojekten. Die jeweiligen Rechenzentren sind dabei, die neuen Informationen in das Datenbanksystem zu integrieren. Um die Probleme bei der Umsetzung und Weiterentwicklung lösen zu können, wird eine enge Zusammenarbeit zwischen Forschung und Nutzenwendern praktiziert.