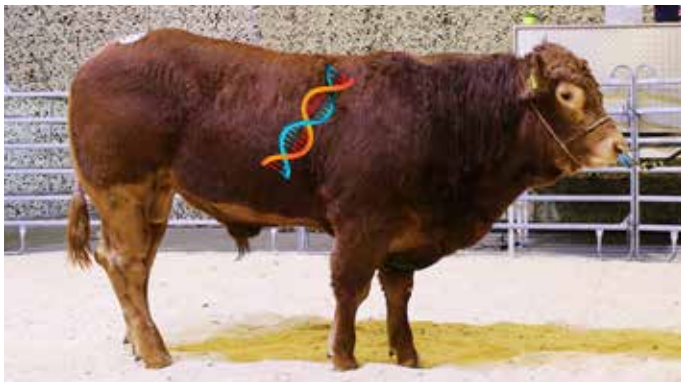


Erste genomische Resultate für die Rasse Limousin sind da

Sophie Kunz* und Svenja Strasser – Am 7. April 2020 wurden neben den konventionellen auch erstmals genomische Zuchtwerte für die Rasse Limousin publiziert. Dies ist ein wahrlicher Meilenstein für die Schweizer Fleischrinderzucht, denn bis anhin gab es nur genomische Zuchtwerte für die Doppelnutzungsrasse Braunvieh.

Nun ist es soweit: Auch in der Schweiz gibt es für die erste spezialisierte Fleischrinderrasse genomische Zuchtwerte. Weiter dürfen wir Ihnen mitteilen, dass Mutterkuh Schweiz für ihre sechs Zuchtwertschätzungsrassen neu drei Mal pro Jahr Zuchtwerte rechnet. In diesem Jahr erfolgen somit noch zwei weitere Publikationen – am 11. August 2020 sowie am 1. Dezember 2020.

In der letzten Ausgabe von *die Mutterkuh* (1/2020) haben wir Sie informiert, um was es bei der Genomik überhaupt geht. In dieser Ausgabe möchten wir Ihnen noch mehr Hintergrund-



Bei der Genomik wird der konventionelle Zuchtwert mit der Information des Erbguts verknüpft. Hier symbolisch dargestellt durch ein Jungstier, der am Januar-Stierenmarkt 2020 verkauft wurde, sowie der Doppelhelix, in der die Information des Erbguts gespeichert ist. (Foto: Mutterkuh Schweiz / Grafik: studiogstock/Freepik)

Informationen mit auf den Weg geben sowie zeigen, wie verschiedene Menüs im BeefNet aussehen und wo Sie diesbezüglich mehr Informationen finden.

Resultate der genomischen Selektion sowie Abstammungs-Zertifikate im BeefNet abrufen

Bereits in der Ausgabe 3/2019 von *die Mutterkuh* haben wir Ihnen aufgezeigt, wie Sie selbstständig Aufträge für die SNP-Analysen (Single Nucleotide Polymorphism) erstellen können.¹ Dies wird bereits von einigen Züchtern rege genutzt. Nun wurde das Menü ausgebaut und Sie können dort, unter anderem, das Resultatblatt mit den genomischen Zuchtwerte abrufen.

Wenn Sie im BeefNet ein Tier öffnen, können Sie im Untermenü «SNP-Analysen» folgende Informationen abrufen:

- ❶ **Mutiert:** Hier wird Ihnen aufgezeigt, wann (Datum) der Status geändert wurde.
- ❷ **Status:** Der Status gibt Ihnen Informationen zum Stand der Analyse und erlaubt es Ihnen, die Probe zu verfolgen (z.B. Auftrag erstellt, Versand Labor, Typisierung vorhanden = Fall abgeschlossen).
- ❸ **Callrate 200 SNP:** Hieraus können Sie lesen, ob die Typisierung des Tieres erfolgreich war (Callrate ok) oder allenfalls ungenügend (Callrate zu tief). Wenn die Typisierung erfolgreich war, bedeutet dies, dass die SNP-Daten dieses Tieres auf der Datenbank zur Verfügung stehen. Wichtig: Eine erfolgreiche Typisierung muss nicht gleich bedeutend sein wie eine positiv

* Sophie Kunz ist Genetikerin bei Qualitas AG und zuständig für die Fleischrinderzucht.

durchgeführte Abstammungskontrolle. Diese Information können Sie aus dem Abstammungs-Zertifikat lesen (siehe Punkt 7) oder dem Leistungsblatt entnehmen.

- 4 **Auftrag:** Hier können Sie den erstellten Auftrag abrufen. Haarkarten können Sie ebenfalls in diesem Menü bestellen (5). Die Bestellung der Haarkarten ist nicht tierspezifisch, Ihnen wird die eingetragene Anzahl Haarkarten nach der Bestellung zugestellt.
- 6 **Resultat:** Hier können die Zuchtbetriebe mit einer genomischen Zuchtwertschätzung (zurzeit sind dies Braunvieh und Limousin) ein Resultatblatt mit den genomischen Zuchtwerten abrufen.
- 7 **Abst.-Zertifikat:** Hier finden Sie das Abstammungs-Zertifikat basierend auf den vorhandenen SNP-Daten.

Was genau ist die genomische Selektion?

Die Genomik versucht mittels SNP (Single Nucleotide Polymorphism) die Gene aus dem Erbgut zu integrieren, die durch eine SNP-Typisierung eruiert wurden. SNPs können Sie sich so ähnlich wie eine Büroklammer in einem Stapel Papier vorstellen, die auf dem Erbgut Gene markiert, die in der Nähe von züchterisch relevanten Merkmalen liegen. Durch diese Integration des Erbguts können die Sicherheiten von Zuchtwerten erhöht werden, da der Informationsgehalt höher ist.

Bevor mit der Genomik gestartet wird, muss bekannt sein, welcher SNP-Marker Einfluss auf ein Merkmal hat. Dies macht man mit der Effektschätzung, mit welcher der Zusammenhang zwischen dem Genotyp und den erbrachten Leistungen (konventionelle Zuchtwerte) analysiert wird. Für diese Effektschätzung werden Tiere benötigt, die einen eigenen Genotyp haben und ein sicheres nachzuchtgeprüftes Resultat besitzen. Jene Tiere, die diese genannten Kriterien erfüllen, werden als Trainingspopulation bezeichnet. Je grösser diese Trainingspopulation ist, umso besser können die Effekte geschätzt werden.

Der direkt genomische Zuchtwert

Jeder SNP-Marker (oder Büroklammer in unserem Stapel Papier) kriegt durch die Effektschätzung einen Wert für das entsprechende Merkmal.

Die Effektschätzung erlaubt es auch Tieren ohne eigenen konventionellen Zuchtwert einen Wert zuzuordnen. Diesen bezeichnet man als direkt genomischen Zuchtwert (DGZW).

SNP-Marker (Büroklammer)	Effekt	Genotyp des Tieres	Phänotyp
SNP1	+ 50 kg	AB	
SNP2	- 20 kg	BB	
SNP3	- 70 kg	AA	

Tabellenlegende: Hier ein Beispiel für die Gewichtung eines Markers und dessen Effekt auf unsere ZWS. In diesem Beispiel nehmen wir den Einfluss auf das Absetzgewicht auf unsere Kälber. Der Marker SNP3 hat somit den schlechtesten, SNP1 den besten Effekt auf ein schweres Absetzgewicht.

Hat ein Tier auch einen konventionellen Zuchtwert, können Informationen zu einem Wert kombiniert werden und somit erhält ein Tier den Zuchtwert mit dem höchsten Informationsgehalt, den genomisch optimierten Zuchtwert (GOZW).

Wann kriegt denn mein neu typisiertes Tier den ersten Zuchtwert?

Am 7. April 2020 fand die erste Publikation der genomischen Zuchtwerte statt. Nun haben Sie beispielsweise auf Ihrem Betrieb ein Kalb namens STERN, das genau am 12. April auf die Welt gekommen ist und Sie würden doch gerne vor der nächsten Zuchtwertschätzung im August wissen, wie es aussieht mit seinem genetischen Vererbungspotential.

Für solche neu typisierten Tiere zwischen den offiziellen Zuchtwertschätzungsterminen gibt es eine gute Lösung. Jeden zweiten Dienstag im Monat rechnet Qualitas für neu typisierte Tiere genomische Zuchtwerte. Wir lassen STERN somit SNP-typisieren und einen knappen Monat nach der Analyse werden Sie ein E-Mail erhalten mit der Information, dass ein neuer genomischer Zuchtwert vorhanden ist.

Der Unterschied zwischen den drei Terminen aus der Routine Zuchtwertschätzung und den Dienstagsterminen, liegt darin, dass bei den Dienstagsterminen die Effektschätzung nicht aktualisiert, sondern aus der letzten konventionellen Zuchtwertschätzung genommen wird. Dreimal jährlich, jeweils nach einer konventionellen Zuchtwertschätzung, werden die GOZW aller typisierten Tiere neu geschätzt und publiziert.

Wie wissen Sie denn, ob Sie einen GOZW oder einen konventionellen Zuchtwert anschauen?

Hier hilft Ihnen das jeweils zum Zuchtwert gehörige Label. Meist vor dem Zuchtwert publiziert, gibt Ihnen die Abkürzung den Hinweis zum Informationsgehalt des Zuchtwertes. ■

	Konventioneller-ZW	Genomisch optimierter ZW
Abstammungs-ZW	A	GA
Sicherer-ZW	CH	G

Informationsquellen

Weitere Ausführungen zur Genomik finden Sie im Blog-Beitrag von Qualitas AG:

<https://qualitasag.ch/genomische-selektion-limousin>.

Für Basiswissen zur Zuchtwertschätzung oder zur einfachen Klärung von züchterischen Fragestellungen finden Sie auf der Website von Mutterkuh Schweiz unter den Dokumenten hilfreiches Material wie zum Beispiel die Merkblätter zur Zucht:

<https://www.mutterkuh.ch/de/documents/herdebuch>.

¹ Das BeefNet-Menü SNP-Analysen steht den Herdebuchbetrieben der Rassen Angus, Braunvieh, Dexter, Limousin und Simmental zur Verfügung. Bei den anderen Rassen ist die Umstellung auf die SNP-Abstammungskontrolle noch nicht umgesetzt.