

14. Genomische Zuchtwertschätzung¹

Die Einführung der genomischen Zuchtwertschätzung (gZWS) im Jahr 2010 bei der Rasse Holstein und 2011 bei den Rassen Fleckvieh und Brown Swiss in Österreich und Deutschland brachte gravierende Änderungen bei den Zuchtprogrammen mit sich. Die EU-Verordnung 2016/1012 definiert eine Mindestsicherheit von 50% beim Milchwert, um Samenportionen eines Besamungstieres von Milch- und Doppelnutzungsrassen über den Prüfeinsatz hinaus vermarkten zu dürfen. Diese Mindestsicherheit wird bei genomischen Zuchtwerten (gZW) in der Regel deutlich überschritten, womit einem breiten Einsatz von Jungstieren in der Besamung nichts im Wege steht. In wissenschaftlichen Publikationen (z.B. Meuwissen et al., 2001; Schaeffer, 2006) wurde durch die genomische Selektion eine Verdoppelung des Zuchtfortschritts pro Jahr in Aussicht gestellt.

Bei Brown Swiss gibt es über Interbull auch ein länderübergreifendes Projekt (InterGenomics). Für kleinere Rassen dürfte es nach derzeitigem Wissensstand eher schwierig sein, diese neue Methode gewinnbringend zu nutzen.

Wie funktioniert die genomische Zuchtwertschätzung?

Vor der Einführung der Genomik musste auf Nachkommenleistungen gewartet werden, bis abgeschätzt werden konnte, ob ein Zuchttier eine wünschenswerte Veranlagung (Abweichung vom Durchschnitt der Eltern „**Zufallshälfte**“) von den Eltern geerbt hat. Dieser **Zufallsprozess** in jeder Generation ist von enormer Bedeutung in der Zucht, da er **50% der genetischen Unterschiede** in der Gesamtpopulation ausmacht. Es geht daher darum, **möglichst früh und möglichst genau** zu erkennen, welche Tiere wünschenswerte Zufallshälften tragen.

Die **genomische ZWS erlaubt die Schätzung der Zufallshälfte bereits beim Kalb** und steigert daher den Zuchtfortschritt, vor allem durch das kürzere Generationsintervall. Dies ist durch sogenannte **SNP-Marker** möglich. Das sind punktuelle Variationen an einzelnen Bausteinen in der Erbinformation, die aus insgesamt rund 3 Mrd. derartigen Bausteinen besteht. Beim Rind werden derzeit rund 40.000 SNP-Marker einbezogen. Dies wird technisch über die sogenannten **SNP-Chips** bewerkstelligt. Mit dem aktuellen Chip können 96 Tiere an jeweils 40.000 SNPs gleichzeitig genotypisiert werden. Diese Marker haben meist keinen direkten Einfluss auf unsere Merkmale, sondern erlauben es, die **Weitergabe der Erbanlagen** über die Generationen genau zu **verfolgen**.

Als im August 2011 die genomische ZWS eingeführt wurde, war die Typisierung mit € 200 vergleichsweise teuer. Daher hat man sich beim Aufbau der Genomik-Lernstichprobe auf die informativsten Tiere, die geprüften Altstiere, konzentriert. Aus der **Lernstichprobe** wird über die Beziehung zwischen Leistung und Genotyp jene Information abgeleitet, aus der Genomzuchtwerte für Jungtiere geschätzt werden können. Als Leistungsdaten für Altstiere wurden umweltskorrigierte, durchschnittliche Leistungen von Töchtern bzw. bei Fleischleistungsmerkmalen von Söhnen, herangezogen. Diese kommen aus einer vorgelagerten konventionellen ZWS, was erklärt, warum dieses Schätzsystem auch als **Two-Step** („Zwei-Schritt“) Methodik bezeichnet wird.

In den letzten Jahren wurde die Genotypisierung immer **günstiger**. Mehr und mehr Züchter nutzen daher die Genomik zur Selektion der **weiblichen Nachzucht** am Betrieb. Dieser Trend wird maßgeblich durch Förderprogramme zur **Herdentypisierung** unterstützt. Daher laufen nun mehr und **mehr genotypisierte Kühe** mit Eigenleistungsinformationen in Milch-, Fitness- und Gesundheitsmerkmalen auf. Gleiches gilt für den Fleischblock bei genotypisierten Tieren aus der Stiermast.

¹ Dieses Kapitel stammt zu einem wesentlichen Teil von Dr. Hermann Schwarzenbacher (ZuchtData).

Im **Single-Step** („Ein-Schritt“), das im April 2021 eingeführt wurde, kommt es zur Verschmelzung der konventionellen mit der genomischen Schätzung in einem Verfahren. Dies wird über die gemeinsame Betrachtung der Verwandtschaftsbeziehungen für alle Tiere bewerkstelligt, wobei Verwandtschaften für typisierte Tiere (335.000 Tiere bei Fleckvieh, April 2021) aus Markerinformationen gerechnet werden, während Verwandtschaften zwischen untypisierten Tieren (bis zu 32 Mio. Tiere) weiterhin vorwiegend aus der Abstammungsinformation abgeleitet werden. Spannend sind Verwandtschaften zwischen diesen beiden Tiergruppen, da es hier zur Kombination der Verwandtschaft aus Marker- und Abstammungsinformation kommt. Dies ermöglicht einen Informationsrückfluss von typisierten Nachkommen auf untypisierte Vorfahren, wodurch auch untypisierte Tiere vom Informationszuwachs profitieren (z.B.: teils deutliche Anstiege der Zuchtwertsicherheiten von untypisierten Müttern mit mehreren typisierten Kälbern).

Der entscheidende Faktor der Überlegenheit vom Single-Step Verfahren ist jedoch die Tatsache, dass hier nicht mehr nur geprüfte Altstiere, sondern **alle typisierten Tiere mit Leistung** unmittelbar in die Lernstichprobe einbezogen werden. Tabelle 1 gibt eine Aufstellung zur Anzahl von typisierten Tieren, die im Single-Step bei der Rasse Fleckvieh bereits mit einer Eigenleistungsinformation in die Zuchtwertschätzung eingehen. Je nach Merkmal sind dies zwischen 286.000 (beim Vitalitätswert) und 36.000 Tiere (bei Zysten). Insgesamt sind die Datenmengen, die bei Fleckvieh einbezogen werden, überaus beeindruckend. Aktuell sind dies mehr als 13.500.000.000 (13,5 Mrd.) Marker-Genotypen mit stark wachsender Tendenz.

Tabelle 1: Übersicht über die Anzahl von typisierten Tieren die mit Eigenleistung in die Fleckvieh Zuchtwertschätzung eingehen (Stand April 2021)

	Bisheriger Two-Step Lernstichprobe Stiere	Neues Single-Step Verfahren	
		Gtyp. Stiere mit Nachkommen	Gtyp. Tiere mit Eigenleistung
Milch/Zellzahl	12.411	20.633	93.687
Exterieur (Euter)	12.474	13.089	57.156
ND	10.579	21.087	91.927
FRW	11.593	21.718	108.562
Vitalitätswert	13.222	27.855	285.177
Mastitis	-	11.122	36.669
Frühe Fruchtbar.stör.	-	17.488	75.987
Zysten	-	11.090	36.212

Worin bestehen die Stärken des Single-Step Zuchtwertschätzverfahrens?

- Das Verfahren erzielt für alle typisierten Tiere höhere ZW-Sicherheiten, da wesentlich mehr Information für die Vorhersage genutzt wird als im 2-Schritt Verfahren. Besonders profitieren Stiere mit ersten Töchterleistungen. Bei diesen Tieren kommt nun die Genotypen-Information von teilweise hunderten Töchtern mit Eigenleistung hinzu. Dies ermöglicht genauere Genomzuchtwerte, aber auch eine feinere „Auflösung“ hinsichtlich der züchterischen Wertigkeit von Erbgutabschnitten („Haplotypen“), die diese Stiere tragen. Nachkommen dieser Stiere, aber auch alle anderen typisierten Tiere, die diese Haplotypen ebenfalls aufweisen, profitieren somit ebenfalls von der Information aus typisierten Töchtern. Das hat zur Folge, dass der Informationszuwachs nicht auf einer Stierfamilie isoliert bleibt, sondern Auswirkungen auf nahezu die gesamte typisierte FV-Population hat. Das macht es im Einzelfall schwierig, den Ursprung von Zuchtwertänderungen nachzuvollziehen.
- Für direkte Gesundheitsmerkmale (frühe Fruchtbarkeitsstörungen, Zysten und Mastitis) gab es bisher noch keine Genomzuchtwerte, da noch zu wenige Altstiere ausreichende Töchterinformation aufwiesen. Die direkte Berücksichtigung von typisierten Kühen auf

Betrieben mit valider Gesundheitsdatenbeobachtung in der Lernstichprobe macht es nun möglich Single-Step-ZWe für diese Merkmale anzubieten.

- Single-Step stellt für „neue Merkmale“, bei denen Leistungsdaten aus nur wenigen Jahrgängen vorliegen, generell die Methode der Wahl zur genomischen ZWS dar.

Praktischer Ablauf der genomischen ZWS

Die Teilnahme an der genomischen ZWS steht grundsätzlich allen Züchtern offen. Der Zuchtverband ist für die Abwicklung der genomischen Selektion im jeweiligen Bundesland bzw. Zuchtgebiet zuständig. Daher ist bei Interesse der zuständige Zuchtverband zu kontaktieren.

Mehr und mehr Züchter nutzen in den letzten Jahren die Genomik zur Selektion der weiblichen Nachzucht am Betrieb. Dieser Trend wird maßgeblich durch Förderprogramme zur Herdentypisierung unterstützt. Projekte wie FoKUHs fördern die breite Genotypisierung der weiblichen Aufzuchttiere auf Betrieben in Verbindung mit der durchgehenden Erhebung von Klauenpflegeaufzeichnungen, Ketotests, Diagnosedaten durch den Tierarzt sowie Exterieurbeschreibungen.

Der Nutzen für den Landwirt ergibt sich durch

- Reduktion der Aufzuchtkosten durch frühzeitige Selektionsentscheidungen
- Höhere Leistungssicherheit bei den selektierten Tieren
- Bessere An- und Verkaufsentscheidungen
- Gezieltere Anpaarung durch Genomzuchtwerte
- Effektiveres Erbfehlermanagement
- Erkennung von wertvollen Tieren für die Hochzucht

Es ist daher davon auszugehen, dass sich eine Untersuchung auch von weiblichen Tieren für Züchter im Regelfall auch wirtschaftlich rechnet.

Zuchtorganisationen beschränken sich in erster Linie auf Stierkälber bzw. Jungtiere, Stiermutterkandidatinnen werden hauptsächlich im Zusammenhang mit geplanten Spülungen für einen Embryotransfer typisiert.

Tiere mit hohen Genomzuchtwerten weisen meistens deutlich überdurchschnittliche Elternzuchtwerte auf. Dieser Zusammenhang geht aus der Tabelle 2 eindeutig hervor. Bei steigendem Ahnenindex steigt die Wahrscheinlichkeit für sehr hohe genomische Zuchtwerte erwartungsgemäß deutlich an.

Tabelle 2: Mittlere GZW und prozentualer Anteil über einem Schwellenzuchtwert für die genotypisierten männlichen Kandidaten aus den Geburtsjahrgängen 2019-2021 in Abhängigkeit von der Höhe des Ahnenindex beim GZW (Fleckvieh, April 2021).

Ahnen- Index	Anzahl Kandidaten	Mittel AI	GZW	proz. Anteil Kandidaten mit goGZW über				
				>120	>125	>130	>135	>140
alle	32635	119,8	119,5	46,4	22,1	7,0	1,5	0,2
<110	1606	103,5	103,3	0,5				
110-119	13410	115,7	115,7	19,2	3,8	0,3		
120-124	10478	121,9	121,7	59,7	22,9	4,0	0,4	
125-129	5430	126,6	126,0	85,8	53,6	18,9	2,9	2,7
130-134	1481	131,4	129,7	96,4	79,6	42,9	12,8	2,0
>134	230	136,2	133,8	99,6	93,5	72,2	39,1	0,4

Probennahme:

Um die DNA eines Tieres extrahieren zu können, ist eine Gewebeprobe notwendig. Dies erfolgt derzeit am einfachsten mit Hilfe einer Ohrstanzprobe. Für eine Blutprobe ist einerseits ein Tierarzt notwendig und andererseits ist Blut nicht für Zwillingskälber geeignet, weil hier ein sogenannter Blut-Chimärismus auftritt, wodurch die DNA der beiden Zwillinge „vermischt“ wird.

Vom Zuchtverband bekommt der Züchter das Antragsformular für die genomische Zuchtwertschätzung und das Röhrchen mit Barcode für die Probennahme. Das Antragsformular ist mit Tag der Probennahme, Unterschrift des Tierarztes und Unterschrift des Tiereigentümers vollständig auszufüllen. Proben mit unvollständig ausgefüllten Antragsformularen werden nicht bearbeitet. Nach der Gewebe- bzw. Blutentnahme, ist der Barcode abzuziehen und auf das zugehörige Antragsformular zu kleben (siehe Abbildung 1). Es ist sehr wichtig, dass es zu keiner Vertauschung der Proben kommt.

Da für den gesamten Ablauf mit DNA-Extraktion, Genotypisierung, Validierung, genomische Zuchtwertschätzung und Ergebnisbereitstellung mit 4 bis 6 Wochen zu rechnen ist, muss die Gewebeprobe rechtzeitig im Austrian Institute of Technology (AIT) in Tulln eingelangt sein. Die Verarbeitung erfolgt nach der Reihenfolge des Eintreffens der Proben, wobei Proben von männlichen Tieren prioritär behandelt werden. Durch Mindestgrößen für die Verarbeitung (Einheiten von mind. 96 Proben) ist eine Verarbeitung zum jeweiligen Termin nicht zu 100% zu garantieren. Es wird versucht, möglichst alle Proben beim jeweiligen Termin zu berücksichtigen. Eventuell nicht berücksichtigte Proben werden beim nächsten Termin bevorzugt behandelt.

Es wird laufend an der Weiterentwicklung der Probenlogistik gearbeitet. Die Umstellung auf die Single-Step Methodik erlaubt die Verkürzung des Schätzyrhythmus auf 2 Wochen. Diese Neuerung wird voraussichtlich im September 2021 eingeführt.

Zuchtverbände arbeiten schon seit einigen Jahren mit digitalen Genomanträgen, für Betriebe, die an der Herdentypisierung teilnehmen, ist das über das Genomik-Portal auch bereits möglich.

Untersuchungslabor AIT Austrian Institute of Tech Seibersdorf 2444 Seibersdorf T +43(0)50550-0	
SNP-Untersuchungsantrag für Tier AT 123.456.789 HUMBO	
Geboren 03.09.10	Geschlecht M
Rasse: Fleckvieh	
Vater AT 123.456.789	HUMBA
Mutter AT 123.456.789	SELFTA
Tier ISOlebensnummer  40000123456789	Proberöhrchen Barcodeetikette Bitte hier einkleben!
Betrieb Testbauer Mann Dorfstraße 123 1234 Testdorf T 012345678	Probenahmedatum: Ich bestätige die korrekte Zuordnung der Probe zur Lebensnummer des Tieres Unterschrift des Tierarztes

Abbildung 1: Auszug aus dem Antragsformular.



Abbildung 2: Ohrstanzprobe mit Probesäckchen sowie Stanzzange (Allflex TSU)

Genotypisierung:

Wenn DNA erfolgreich extrahiert werden konnte, werden die DNA-Proben zur GeneControl nach München zur Genotypisierung gesendet. Diese Informationen werden dann vom Genotypisierungslabor in die Genomdatenbank im Rahmen des Rinderdatenverbundes (RDV) übermittelt.

Überprüfung der Genotypen:

Die ZWS-Rechenstelle des Instituts für Tierzucht der LfL Grub vergleicht die Genotypen der Tiere mit bereits vorhandenen Genotypen von verwandten Tieren. Dadurch können Abstammungsfehler oder Vertauschungen von Proben entdeckt und von der genomischen Zuchtwertschätzung ausgeschlossen werden.

Genomische Zuchtwertschätzung:

Für validierte Genotypen werden von den Rechenstellen genomische Zuchtwerte geschätzt.

Erbfehler und genetische Besonderheiten:

Zusätzlich zu den genomischen Zuchtwerten wird von der ZuchtData ein umfangreiches Monitoring von Erbfehlern und genetischen Besonderheiten durchgeführt. Derzeit wird bei der Rasse Fleckvieh auf 9 Erbfehler (Arachnomelie (AR), Bovine männliche Subfertilität (MS), Braunvieh-Haplotyp 2 (B2), Fleckvieh Haplotyp 4 (F4), Fleckvieh Haplotyp 5 (F5), Minderwuchs (F2), Thrombopathie (TP), Zinkdefizienz-like Syndrom (ZL), Zwergwuchs (DW)) bzw. bei der Rasse Brown Swiss auf 5 Gendefekte (Arachnomelie (AR), Braunvieh-Haplotyp 2 (B2), Spinale Dysmyelinisierung (SD), Spinale Muskelathrophie (SM), Weaver (WE)) getestet. Beide Rassen werden auf die genetischen Besonderheiten Beta-Kasein, Kappa-Kasein und Hornlosigkeit getestet (<https://www.rinderzucht.at/zuchtarbeit/zuchtwertschaetzung/genetische-besonderheiten.html>). Bei der Rasse Holstein wird das Erbfehlermonitoring vom VIT durchgeführt.

Veröffentlichung und Abrechnung:

Genomische Zuchtwerte für Kälber werden monatlich (bzw. voraussichtlich ab September 2-wöchentlich) geschätzt. Zu den Kalibrierungsterminen im April, August und Dezember wird die Single-Step Zuchtwertschätzung für alle Tiere im Pedigree wiederholt. Durch den Informationsrückfluss der Single-Step Methodik profitieren auch untypisierte Tiere von der Information, die sich aus der Typisierung von verwandten Tieren ergibt. Die SNP-Effekte, die aus der Lernstichprobe abgeleitet werden, können bis zur nächsten Re-Kalibrierung zur Schätzung von Kandidatenzuchtwerten herangezogen werden. Zusätzlich zu den Zuchtwerten wird bei männlichen Tieren auch die Reihenfolge nach GZW in der Gruppe der männlichen bzw. weiblichen Halbgeschwister ausgewiesen. Der Tierbesitzer erhält die Informationen vom Zuchtverband. Genomzuchtwerte und Erbfehlerinformationen werden auch in den LKV-Herdenmanager geladen.

Die Kosten belaufen sich für DNA-Extraktion, Genotypisierung und ZWS (ohne Probennahme) auf € 39,- brutto (Stand April 2023). Die Abrechnung erfolgt über den Zuchtverband. Hinsichtlich der Kostenaufteilung gibt es unterschiedliche Regelungen in den einzelnen Zuchtgebieten bis hin zu Anpaarungsverträgen.

Status quo der genomischen Zuchtprogramme

Aufbauend auf den Ergebnissen von verschiedenen Analysen von Einzelmaßnahmen im genomischen Zuchtprogramm wurde mit den Verantwortlichen der Zuchtorganisationen die neuen Zuchtprogramme Fleckvieh AUSTRIA und Brown Swiss AUSTRIA ausgearbeitet (Abb. 3 und 4).

Zuchtprogramm – Breeding program Fleckvieh Austria

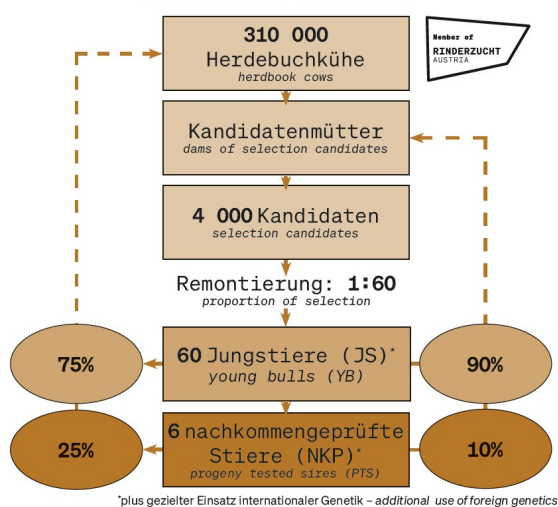


Abb. 3: Genomisches Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA (Kalcher, 2022).

Zuchtprogramm – Breeding program Brown Swiss Austria

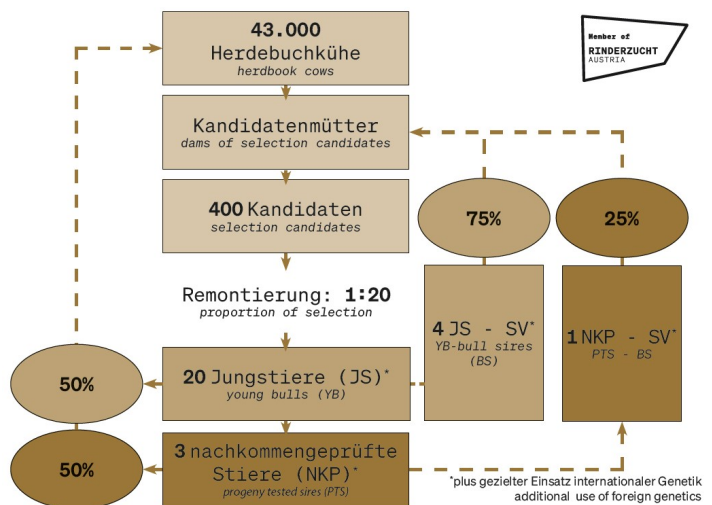


Abb. 4: Genomisches Zuchtprogramm Brown Swiss AUSTRIA (Kalcher, 2022).

In den Fleckvieh- und Brown Swiss-Zuchtprogrammen sollen die besten weiblichen Tiere (Kandidatenmütter) in der gezielten Paarung zu 90 bzw. 75% mit einem genomischen Jungvererber (GJV) belegt werden, bei der Rasse Holstein werden 90% angestrebt. Die daraus geborenen männlichen Kälber werden genotypisiert und daraus in einem Verhältnis von etwa 1 : 40 beim Fleckvieh bzw. 1 : 20 bei Brown Swiss und Holstein die besten Jungstiere selektiert. Diese sollen dann bei Fleckvieh bei 75%, bei Brown Swiss bei der Hälfte bzw. bei Holstein an 70% der Herdebuchkühe in der Besamung eingesetzt werden.

Genotypisierungen

Basis jeder gZWS bzw. jedes genomischen Zuchtprogramms sind Genotypen (SNP-Daten) möglichst vieler untersuchter Tiere. Wie aus Abbildung 5 zu sehen ist, hat sich die Anzahl an Genotypisierungen in Österreich und Deutschland seit Beginn der gZWS kontinuierlich gesteigert. Wurden im Jahr 2010 ca. 2.000 männliche Tiere genotypisiert, waren es für den Geburtsjahrgang 2019 bereits 17.000. Beim Fleckvieh ist die Anzahl untersuchter männlicher Tiere stetig gestiegen, bei Brown Swiss hat sich diese Zahl in den letzten Jahren bei rund 2.000 eingependelt (Abb. 6). Die Anzahl genotypisierter weiblicher Tiere ist hingegen bei beiden Rassen in den letzten paar Jahren vor allem aufgrund diverser Kuh-/Herdengenotypisierungsprojekte (Braunvieh-Vision, FoKUHs, usw.) deutlich gestiegen.

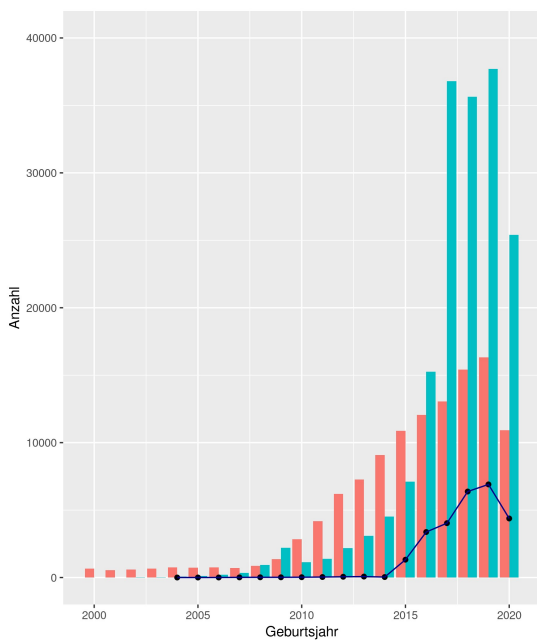


Abb. 5: Anzahl Genotypisierungen bei männlichen (M) und weiblichen (W) Tieren nach Geburtsjahr bei der Rasse Fleckvieh. FoKUHs-Typisierungen sind durch die blaue Linie dargestellt. Gesamt 290.000 Genotypen, 59% weiblich (Stand Dez. 2020).

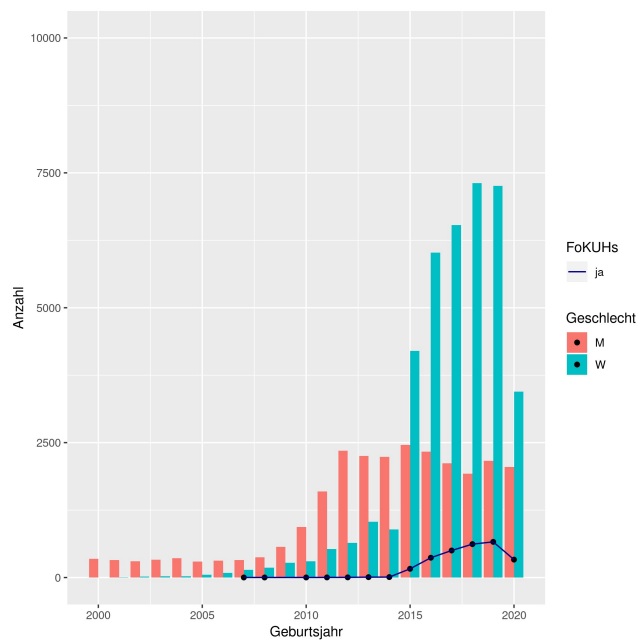


Abb. 6: Anzahl Genotypisierungen bei männlichen (M) und weiblichen (W) Tieren nach Geburtsjahr bei der Rasse Brown Swiss. FoKUHs-Typisierungen sind durch die blaue Linie dargestellt. Gesamt 68.000 Genotypen, 57% weiblich (Stand Dez. 2020).

Insgesamt liegen für die Rassen Fleckvieh und Brown Swiss (Stand April 2021) über 410.000 Genotypen mit 17,9 Milliarden SNPs vor. Die Kalibrierung (Lernstichprobe) umfasste im April 2021 für die Milchmerkmale beim Fleckvieh 20.500 Stiere sowie knapp 94.000 Kühe mit Eigenleistung. Bei der Rasse Brown Swiss gehen im April 2021 10.100 Stiere und rund 28.000 Kühe mit Eigenleistung in die Lernstichprobe ein.

So eindrucksvoll die Zahlen in der gemeinsamen ZWS Deutschland-Österreich-Tschechien auch sein mögen, so niedrig sind sie im internationalen Vergleich. In den USA liegen über alle Rinderrassen hinweg bereits 5 Millionen Genotypen vor; bei Holstein sind es insgesamt 4,3 Millionen. Neunzig Prozent aller Genotypen stammen von weiblichen Tieren (CDCB, 2021).

Einsatz genomischer Jungvererber

Da die Sicherheiten der genomischen Zuchtwerte in den Milchmerkmalen normalerweise deutlich über die rechtlich für den breiten Einsatz erforderlichen 50% hinausgehen, können Jungstiere (GJV) über den früheren Prüfeinsatz hinaus eingesetzt werden. Dadurch konnte die Anzahl der angekauften Stiere deutlich reduziert werden – der Ankaufspreis ist aber im Gegenzug deutlich gestiegen. Beim Fleckvieh hat sich seit der Einführung der gZWS die Anzahl von ca. 650 auf 420, bei Brown Swiss von 150 auf etwa 80 pro Jahr reduziert. In Österreich ist der Rückgang beim Fleckvieh von ca. 120 auf 70 bzw. bei Brown Swiss von 25 auf 10 angekaufte Stiere pro Jahr.

Beim Fleckvieh ist das Verhältnis von angekauften Stieren zu untersuchten Kandidaten von ca. 1 : 10 zu Beginn der gZWS auf aktuell ca. 1 : 40 in der Gesamtpopulation Österreich und Deutschland angestiegen. Dieser Wert geht in einzelnen Zuchtgebieten auch deutlich darüber hinaus. Bei Brown Swiss hat sich dieser Wert bei ca. 1 : 25 stabilisiert. Die Remontierung entspricht daher etwa den angestrebten Werten.

Einer der entscheidenden Vorteile der gZWS ist die Verkürzung des Generationsintervalls. In den Abbildungen 7 und 8 ist das durchschnittliche Alter der Eltern bei der Geburt der österreichischen KB-Stiere zu finden. Bei beiden Rassen hat sich das Durchschnittsalter weitgehend halbiert, beim

Fleckvieh von 6 auf knapp unter 3, bei Brown Swiss von 7 auf knapp über 3 Jahre. Die Verkürzung des Generationsintervalls rührt ganz besonders von der Vaterseite her und zu einem geringeren Anteil von der Mutterseite.

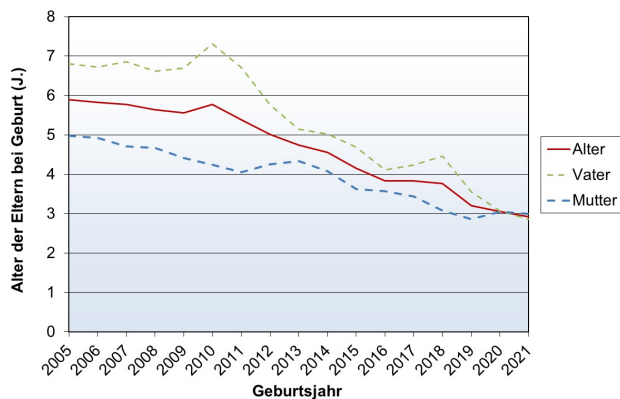


Abb. 7: Alter der Eltern bei Geburt der KB-Stiere getrennt nach Vater und Mutter beim Fleckvieh (DE+AT+CZ)

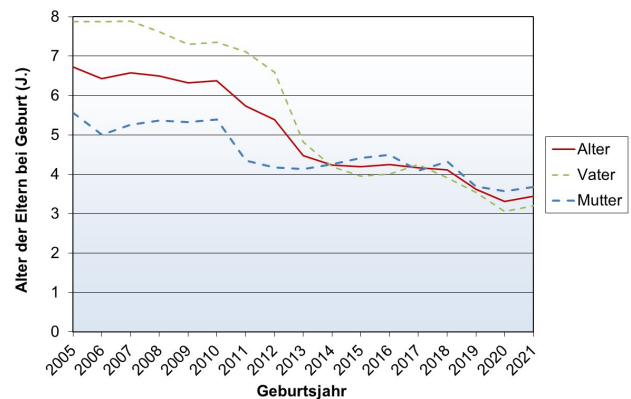


Abb. 8: Alter der Eltern bei Geburt der KB-Stiere getrennt nach Vater und Mutter bei Brown Swiss (DE+AT)

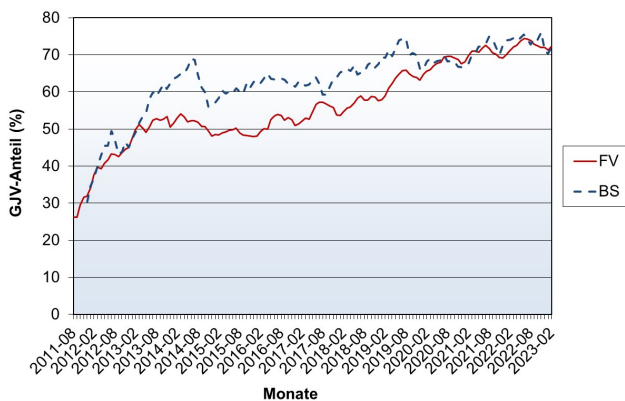


Abb. 9: Anteil Besamungen mit genomischen Jungvererbern (GJV) bei Fleckvieh (FV) und Brown Swiss (BS).

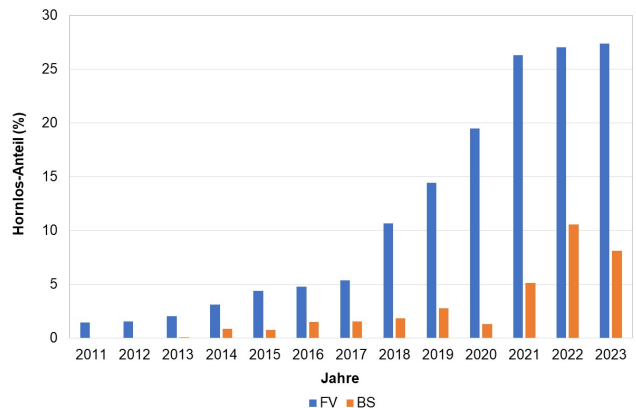


Abb. 10: Anteil Besamungen mit Hornlostieren (hetero- und homozygot) bei Fleckvieh (FV) und Brown Swiss (BS).

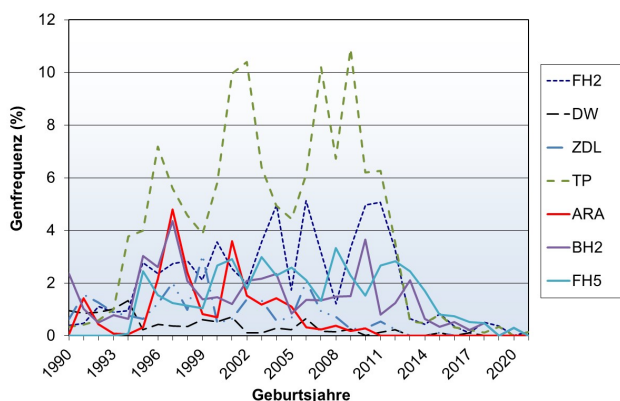


Abb. 11: Genfrequenz der KB-Stiere für die wichtigsten Erbfehler und Hornlosigkeit beim Fleckvieh (ARA=Spinnengliedrigkeit, DW=Zwergwuchs, FH2=Minderwuchs, ZDL=Zink-defizienz-like Syndrom, TP=Thrombopathie, BH2=Braunvieh-Haplotyp 2, FH5=Fleckvieh-Haplotyp 5).

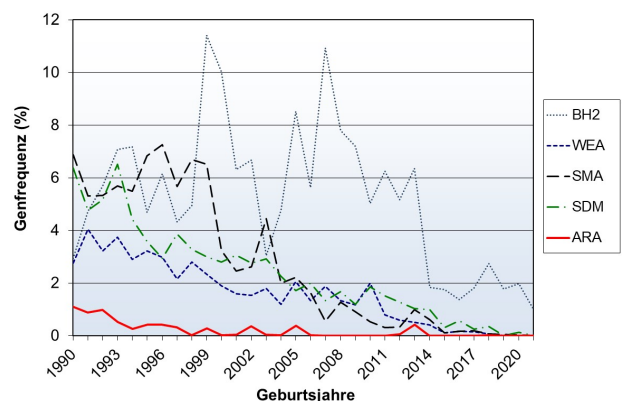


Abb. 12: Genfrequenz der KB-Stiere für die wichtigsten Erbfehler und Hornlosigkeit bei Brown Swiss (ARA=Spinnengliedrigkeit, WEA=Weaver, SMA= Spinale Muskelatrophie, SDM=Spinale Dysmyelinisierung, BH2=Braunvieh-Haplotyp 2).

In den österreichischen Zuchtprogrammen Fleckvieh, Brown Swiss und Holstein ist ein Besamungsanteil von 75, 50 bzw. 70% mit GJV in der Population vorgesehen. In Abbildung 9 ist die Entwicklung des GJV-Besamungsanteils seit Beginn der gZWS in Österreich zu sehen. In der Auswertung wurden nur Besamungen (KB) von Fleckvieh-Stieren auf Fleckvieh-Kühe bzw. Brown Swiss auf Brown Swiss berücksichtigt. Das heißt, Natursprungbelegungen oder Besamungen mit anderen Rassen (z.B. Gebrauchskreuzungen) wurden hier nicht berücksichtigt. Vor Einführung der gZWS lag der Prüfanteil überwiegend bei ca. 20-30%. Mit der Einführung der gZWS im Jahr 2011 ist der GJV-Anteil in allen Populationen mehr oder weniger rasch gestiegen. Der GJV-Anteil nähert sich bei Fleckvieh und Brown Swiss der 75%-Marke. In einzelnen Regionen werden durch einen sehr geringen GJV-Anteil die Möglichkeiten der gZWS bei weitem nicht ausgenutzt. Aus fachlicher Sicht ist ein höherer GJV-Anteil anzustreben (Egger-Danner und Willam, 2019). In manchen Populationen weltweit liegt der GJV-Anteil sogar über 90% (z.B. Stalhammar, 2018).

Ein positiver Nebeneffekt der Verfügbarkeit von Genomdaten ist die deutlich erleichterte Vermeidung von Erbfehler-Risikopaarungen durch die Untersuchung von zahlreichen Erbfehlern und genetischen Besonderheiten. Die genetische Besonderheit der Hornlosigkeit nimmt dabei eine besondere Stellung ein. In Abbildung 10 ist die Entwicklung der Besamungen mit Hornlostieren (hetero- und homozygot) dargestellt. Vor zehn Jahren lag der Einsatz von hornlosen Stieren noch bei ungefähr 2% aller Besamungen und war damit vernachlässigbar. Seither war bei den Rassen Fleckvieh und Holstein ein enormer Anstieg zu verzeichnen. Beim Fleckvieh wurde im Jahr 2022 bereits mehr als ein Viertel aller Besamungen mit Hornlos-Stieren durchgeführt, mit weiterhin steigender Tendenz. Bei Brown Swiss ist der Hornlos-Anteil nach wie vor niedrig, dürfte allerdings in nächster Zeit ebenfalls steigen.

So positiv die Verfügbarkeit von Gentestergebnissen für zahlreiche Erbfehler zur Vermeidung von Risikopaarungen ist, so problematisch kann sie für den Zuchtfortschritt sein. In den Abbildungen 11 und 12 sind die durchschnittlichen Genfrequenzen für die wichtigsten Erbfehler bei den Fleckvieh- und Brown Swiss-Besamungsstieren dargestellt. Daraus lässt sich sehr gut erkennen, dass, bis auf einzelne Ausnahmen, in den letzten Jahren keine Träger von bekannten Erbfehlern für den Besamungseinsatz angekauft wurden. Das muss zwangsläufig zu einer Verringerung des Zuchtfortschritts führen. Bei einer besseren Abdeckung der Population mit Anpaarungsprogrammen (z.B. OptiBull), in denen Risikopaarungen ausgeschlossen werden, könnten auch Erbfehlerträger sinnvoll eingesetzt werden.

In der gezielten Paarung (Teststiereväter auf Stier- bzw. Kandidatenmütter) sind bei Fleckvieh und Brown Swiss in Österreich 90 bzw. 75% aller Besamungen mit einem GJV vorgesehen (siehe Abbildung 1 und 2). Bei einer Analyse der angekauften KB-Stiere zeigt sich, dass bei über 90% aller angekauften KB-Stiere der Vater zum Zeitpunkt der Belegung noch ein GJV war. Das bedeutet, dass aktuell fast ausschließlich Stiere mit einem GJV als Vater angekauft werden, da diese in der Regel genetisch überlegen sind. Ein Ankauf von Söhnen von NK-Stieren macht nur mehr im Ausnahmefall Sinn, wenn dieser als GJV 'übersehen' wurde oder im ZW stark gestiegen ist.

Ein Problem beim Einsatz der GJV ist die ungleiche Verteilung. Einzelne, meist sehr teuer angekaufte Top-GJV werden übermäßig stark eingesetzt und erhöhen das Risiko für das genomische Zuchtprogramm durch mögliche Abstürze deutlich.

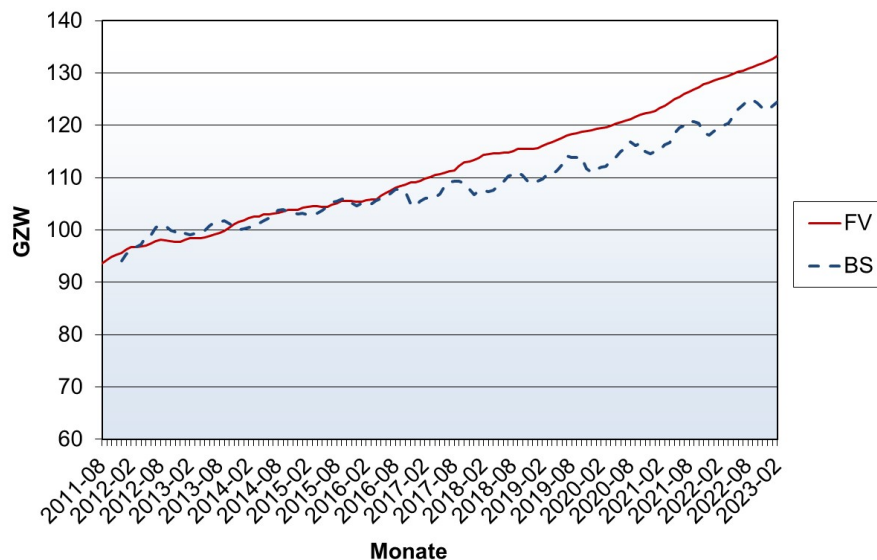


Abb. 13: Entwicklung des GZW-Besamungsniveaus bei Fleckvieh (FV) und Brown Swiss (BS) in Ö (GZW-Streuung Brown Swiss 15!).

In Abbildung 13 ist die Entwicklung des durchschnittlichen Besamungsniveaus hinsichtlich GZW beim Fleckvieh und Brown Swiss in Österreich dargestellt. Es ist beim Fleckvieh ein sehr deutlicher Anstieg des Besamungsniveaus festzustellen, bei Brown Swiss ist das Besamungsniveau trotz der höheren GZW-Streuung deutlich niedriger.

Ein hohes genetisches Niveau der Besamungsstiere ist Grundvoraussetzung für eine positive genetische Entwicklung der Population. Letztlich entscheidend ist die züchterische Entwicklung der Kuhpopulation, also der genetische Trend bei den Kühen (siehe Kapitel 13, Abb. 1 und 2). Bei beiden Rassen ist die Entwicklung in GZW und MW sehr deutlich positiv und in der Fitness seit einigen Jahren ebenfalls deutlich positiv.

Wie aussagekräftig sind die genomischen Zuchtwerte?

Die Aussagekraft der gZWe wird im Folgenden auf drei Arten untersucht: a) wie gut halten die Zuchtwerte von GJV sobald Töchterleistungen vorliegen, b) wie passen die Leistungen der Töchter mit den genomischen Vater-Zuchtwerten zusammen und c) wie passen die gZWe von weiblichen Jungrindern mit ihren späteren Leistungen als Kuh zusammen?

Die Darstellungen beschränken sich aufgrund der aussagekräftigen Datenmenge fast ausschließlich auf das Fleckvieh, können aber auch auf Brown Swiss umgelegt werden, da die gleichen ZWS-Systeme verwendet werden. Die Auswertungen wurden Anfang 2019 durchgeführt, also noch vor der Umstellung auf das Single-Step-Verfahren.

Stiere: Zuchtwertstabilität

Für die Analyse der Stier-ZWe wurden alle 790 AT- und DE-Fleckvieh-Stiere, die im April 2016 (erste ZWS nach GZW-Umstellung) noch ein GJV und bei der ZWS im Dezember 2018 bereits ein Nachkommen-geprüfter Stier waren, verwendet. Als offiziell Nachkommen-geprüft (NK) gilt ein Stier dann, wenn die GZW-Sicherheit mindestens 75% beträgt, Töchter in mindestens 10 Herden eine Milchleistung aufweisen und bereits 20 Töchter in die Exterieur-ZWS eingegangen sind. Als zusätzliche Grenzen musste bei dieser Analyse die Sicherheit des GZW als GJV unter 70% und als NK über 80% liegen. Durch diese einfache Gruppierung kann es jedoch sein, dass bei manchen GJV bereits im April 16 Nachkommeninformation bei einzelnen Merkmalen (Fleisch, Kalbeverlauf paternal, Vitalität) vorgelegen haben kann. Zu beachten ist außerdem, dass hier geschätzte

Zuchtwerte mit ca. 65% Sicherheit mit geschätzten Zuchtwerten mit ca. 85% Sicherheit verglichen werden und somit keine sicheren Aussagen hinsichtlich des wahren Zuchtwerts möglich sind. In Abbildung 14 sind die GZW-Änderungen dieser Stiere von April 16 auf Dezember 18 gruppiert nach GZW vom April 16 dargestellt. Die Basisanpassung von 6,0 GZW-Punkten seit April 16 wurde bei der Auswertung berücksichtigt. Aus der Darstellung kann man erkennen, dass die GZWe im Schnitt in allen GZW-Gruppen sehr gut halten. Die Topgruppe der GJV, die im April 16 einen GZW von mindestens 130 hatten, ist im Schnitt von 132,0 auf 124,9 gefallen, wenn man die Basisanpassung ausgleicht, bleiben -1,1 Punkte übrig. Wissenschaftliche Untersuchungen zeigen, dass ein leichter ZW-Rückgang bei einer Gruppe von stark selektierten Tieren in der konventionellen ZWS bei Auflaufen der ersten Töchterleistungen zu erwarten ist. Dieser ohnehin minimale Rückgang wird mit steigender Sicherheit wieder kleiner und passt daher gut mit den theoretischen Erwartungen zusammen.

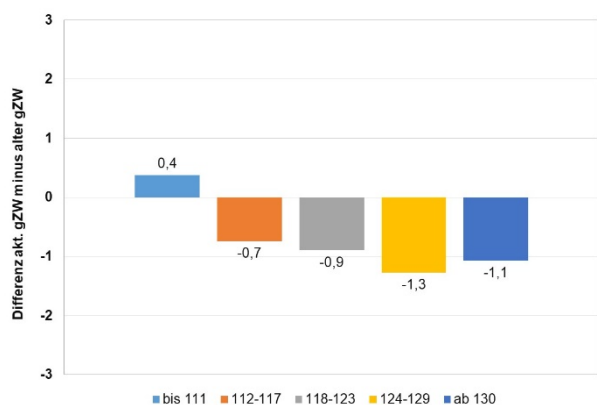


Abb. 14: GZW-Änderungen der Fleckvieh-KB-Stiere, die von GJV auf NK gewechselt haben, gruppiert nach altem GZW (Diff. ZW Dez.18 – Apr.16, basisangepasst)

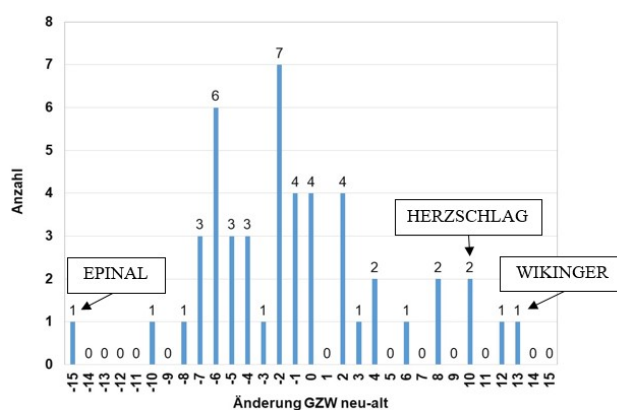


Abb. 15: GZW-Änderungen der Fleckvieh-KB-Stiere, die im April 2016 als GJV einen GZW von über 130 hatten und im Dez. 2018 ein NK waren (Diff. ZW Dez.18 – Apr.16, basisangepasst)

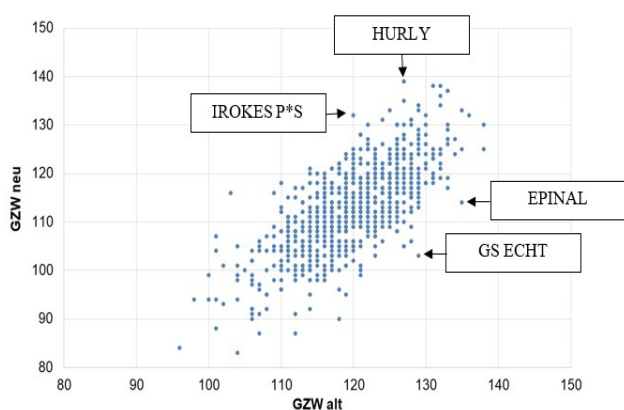


Abb. 16: Genomische GZWe vom April 2016 (alt) und Dezember 2018 (neu), der Fleckvieh-KB-Stiere, die seit April 2016 von GJV auf NK gewechselt haben.

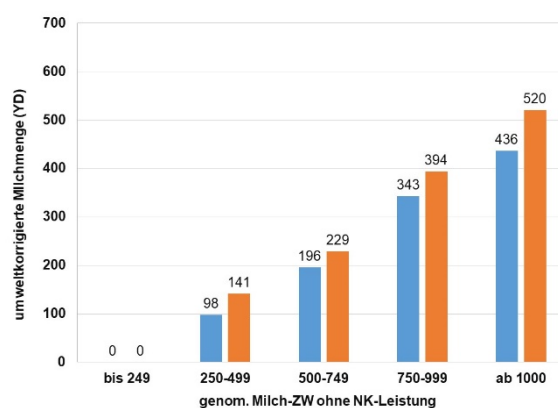


Abb. 17: Zusammenhang zw. genom. Milch-ZW als GJV (Apr. 16) und umweltkorrigierter Leistung der Töchter beim Fleckvieh (1. und 2. Lakt., Dez. 18).

In Abbildung 15 sind die (basisangepassten) GZW-Änderungen aller 48 Stiere dieser Topgruppe dargestellt. Daraus kann man sehen, dass die Abweichungen nach oben und unten annähernd gleich ausgeprägt sind. Der stärkste Abfall ist beim Stier EPINAL zu verzeichnen, der von 135 auf

zwischenzeitlich 114 gefallen ist, basisangepasst also -15 GZW-Punkte. Positivster Ausreißer ist der Stier WIKINGER, der von 131 auf 138 gestiegen ist, das entspricht basisangepasst +13 GZW-Punkte.

In Abbildung 16 sind die alten und neuen GZWe für alle 790 Stiere dieser Auswertung als Punktwolke dargestellt. Der Zusammenhang ist erwartungsgemäß, mit ein paar, ebenfalls erwartbaren Ausreißern.

Stiere: genomischer Zuchtwert und Töchterleistung

Die Stabilität der Zuchtwerte ist selbstverständlich wichtig, noch wichtiger ist allerdings der Zusammenhang zwischen ZW und Leistung, in diesem Fall zwischen ZW als GJV und Leistung der Töchter.

In Abbildung 17 ist der Zusammenhang zwischen dem gZW für die Milchmenge als GJV im April 16 mit den späteren Leistungen ihrer Töchter in der 1. und 2. Laktation beim Fleckvieh dargestellt. Da die Töchter in unterschiedlichsten Herdenniveaus produzieren und von genetisch sehr unterschiedlichen Kühen abstammen, wird die Leistung nach Korrektur der Umwelteinflüsse und des Anpaarungsniveaus dargestellt („yield deviations“ = YD). Aus der Darstellung kann man sehr gut erkennen, dass die Voraussage der durchschnittlichen Töchterleistungen basierend auf dem gZW als GJV sehr gut funktioniert. Bei Stieren mit einem gZW von +1000 kg Milch erwartet man, dass seine Töchter (bei Anpaarung an eine durchschnittliche Stichprobe und in einer durchschnittlichen Umwelt) eine um 500 kg überdurchschnittliche Milchleistung pro Laktation aufweisen. In der Praxis passen die Werte (+436 in der 1. und +520 in der 2. Laktation) also sehr gut zur theoretischen Erwartung.

Kühe: genomischer Zuchtwert und Eigenleistung

Interessant ist nicht nur der Zusammenhang zwischen Stier-ZW und Töchterleistung, sondern auch der Zusammenhang zwischen dem gZW als Kalb bzw. Jungrind und der späteren Leistung als Kuh. Abbildung 15 zeigt den Zusammenhang zwischen dem gZW für die Milchmenge von Jungrindern bzw. Kalbinnen vom April 16 und der bisher vorliegenden (unkorrigierten) Absolutleistung für die 1. und 2. Laktation dieser Tiere. In der ersten Laktation standen 3290, in der zweiten 1585 Kühe für die Auswertung zur Verfügung. Kühe, die im April 16 (als Jungrind/Kalbin) einen gZW für Milchmenge von mindestens +1000 hatten, weisen eine durchschnittliche Erstlaktationsleistung von 9.435 kg und eine 2. Laktation von 10.431 kg Milch auf. Damit liegen sie um ca. 1800 bzw. 1600 kg über der Gruppe mit etwa durchschnittlichem gZW für Milchmenge. Da Tiere mit hohen Zuchtwerten im Schnitt in Betrieben mit besserem Management stehen, ist es auch hier notwendig, die Leistung auf vergleichbare bzw. durchschnittliche Umweltverhältnisse zu korrigieren. In den Abbildungen 19 (Fleckvieh) und 20 (Brown Swiss) sind diese umweltskorrigierten Leistungen dargestellt. Die Überlegenheit in den einzelnen Gruppen entspricht, ähnlich wie bei den Stieren, ziemlich exakt den theoretischen Erwartungen. Z.B. zeigt die Gruppe mit einem gZW von mindestens +1000 kg Milch im Schnitt dann eine entsprechend höhere Leistung als Kuh, also beim Fleckvieh konkret +1099 und +1210 kg für die 1. bzw. 2. Laktation.

Diese sehr gute Übereinstimmung mit der Theorie lässt sich selbstverständlich nicht auf jedes Einzeltier übertragen. Bei einzelnen Kühen können die Abweichungen von der theoretischen Erwartung gravierend sein, wie aus der Abbildung 21, einer Boxplot-Darstellung für die 1. Laktation, ersichtlich ist. In der +1000-Gruppe gibt es z.B. ein Tier, das sogar unter -1000 kg liegt, andererseits gibt es z.B. auch zwei Tiere aus der untersten Gruppe, die sogar über +2000 kg umweltskorrigierte Leistung aufweisen.

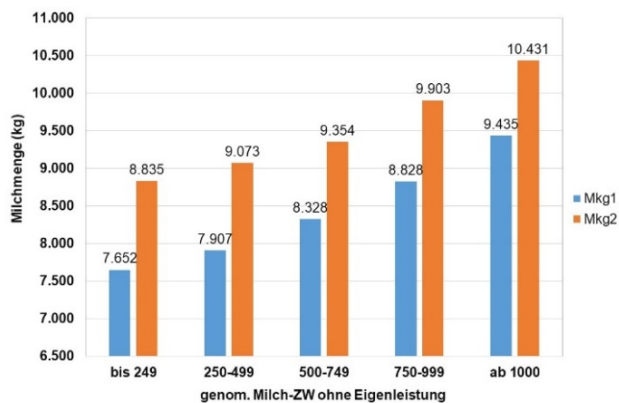


Abb. 18: Zusammenhang zw. genom. Milch-ZW als Jungtier (Apr. 16) und Absolutleistung als Kuh beim Fleckvieh (1. und 2. Lakt.).

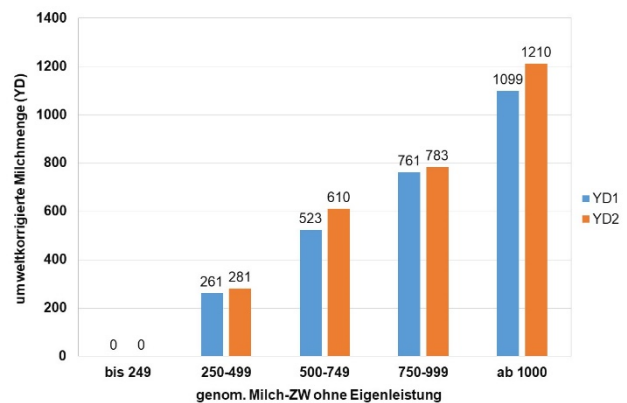


Abb. 19: Zusammenhang zw. genom. Milch-ZW als Jungtier (Apr. 16) und umweltkorrigierter Leistung (YD) als Kuh beim Fleckvieh (1. und 2. Lakt.).

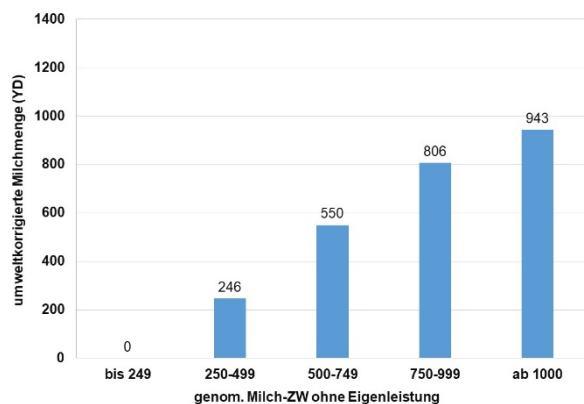


Abb. 20: Zusammenhang zw. genom. Milch-ZW als Jungtier (Apr. 16) und umweltkorrigierter Leistung (YD) als Kuh bei Brown Swiss (1. Lakt.).

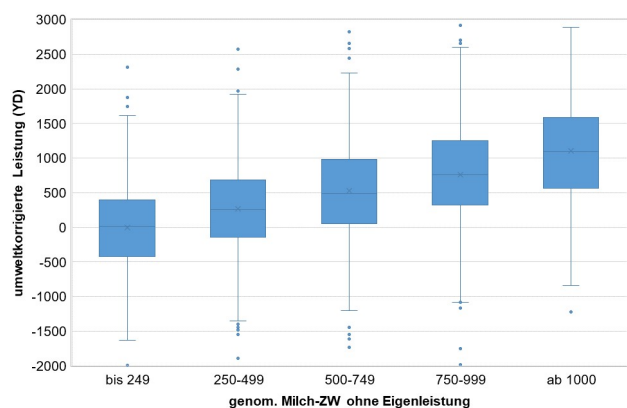


Abb. 21: Zusammenhang zw. genom. Milch-ZW als Jungtier (Apr. 16) und umweltkorrigierter Leistung als Kuh beim Fleckvieh als Boxplot-Darstellung (1. Lakt.).

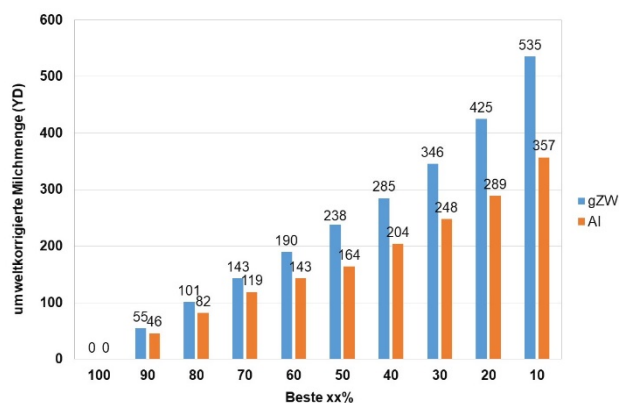


Abb. 22: Umweltkorrigierte Leistung (1. Lakt.) als Kuh bei Auswahl der besten xx% Jungtiere nach genom. ZW bzw. nach konv. Ahnenindex beim Fleckvieh.

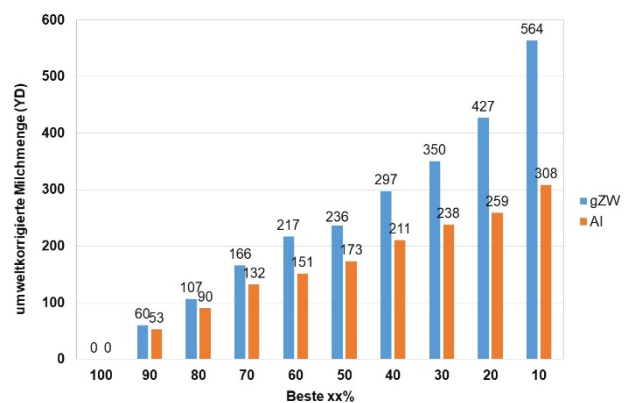


Abb. 23: Umweltkorrigierte Leistung (2. Lakt.) als Kuh bei Auswahl der besten xx% Jungtiere nach genom. ZW bzw. nach konv. Ahnenindex beim Fleckvieh.

In den Abbildungen 22 und 23 ist der Vergleich der umweltkorrigierten Leistungen (YD) bei Auswahl der besten Tiere nach gZW bzw. nach konventionellem Ahnenindex für die 1. bzw. 2. Laktation dargestellt. Die Selektion nach gZW ist in allen Fällen überlegen, aber ganz speziell im Spitzenbereich. Das bedeutet, wenn man in der Spitzenzucht (Stier- bzw. Kandidatenmütter,

Embryotransfer, gezielte Paarung) nur einen geringen Prozentsatz der besten Tiere benötigt, ist die Selektion nach gZW der Selektion nach konventionellem Ahnenindex deutlich überlegen. Auch für die innerbetriebliche Selektion, wo man z.B. 50 oder 70% der weiblichen Tiere benötigt, ist ebenfalls eine Überlegenheit gegeben, die aber geringer ausfällt. Bei einem Prozentsatz von z.B. 50% beträgt die Überlegenheit 74 kg in der 1. und 63 kg in der 2. Laktation. Wenn man eine durchschnittliche Anzahl von vier Laktationen pro Kuh unterstellt, würde sich das zu einer um ca. 250-300 kg höheren Lebensleistung pro Kuh aufsummieren.

Resümee

Die Zuchtprogramme haben sich durch die Einführung der genomischen Selektion weltweit stark verändert. Durch die deutlich höheren ZW-Sicherheiten werden bereits Jungstiere breit eingesetzt. Der Anteil der GJV an allen Besamungen ist dabei zwischen Regionen und Rassen extrem unterschiedlich, aber im Durchschnitt noch zu niedrig. Durch den niedrigen GJV-Anteil in manchen Regionen kann der mögliche große Zuchtfortschritt nicht voll ausgeschöpft werden. Hinderlich für den Zuchtfortschritt sind auch der zu starke Einsatz einzelner Stiere, der strenge Ausschluss von Erbfehlerträgern und die starke Berücksichtigung der Hornlosigkeit und anderer genetischer Besonderheiten.

Die Analysen zeigen, dass die genomischen Zuchtwerte den theoretischen Erwartungen entsprechend stabil sind und die erwarteten höheren Töchter- bzw. Eigenleistungen tatsächlich realisiert werden. Die genomischen Zuchtwerte sind nicht nur für die Selektion der Besamungsstiere geeignet, sondern ermöglichen auch auf der weiblichen Seite eine bessere Differenzierung und damit eine sicherere Selektionsmöglichkeit. Das gilt einerseits für den Spitzenzuchtbereich, aber auch für die innerbetriebliche Selektion. Die Genotypisierung von weiblichen Tieren (z.B. FoKUHs, Braunvieh-Vision, Fleckfficient, FleQS) ist daher über die Qualitätssicherung der gZWS hinaus, eine sinnvolle Investition zur Optimierung der Selektion und Anpaarung für die interessierten Betriebe. Diese Anpaarungsoptimierung bezieht sich nicht nur auf die Zuchtwerte, sondern auch auf die Vermeidung von genetischen Defekten bzw. die positive Berücksichtigung von genetischen Besonderheiten, wie es bereits in Anpaarungsprogrammen (z.B. OptiBull) umgesetzt ist.

Die genomische Selektion hat sich in Österreich und Deutschland in den letzten Jahren gut etabliert. Es wird allerdings notwendig sein, die genomischen Zuchtprogramme zu optimieren und konsequent umzusetzen.