

Die genomische Selektion bei den Pietrains ist praxisreif

Prof. Dr. Jörn Bennewitz, Universität Hohenheim

Einleitung

Auf den Züchtertagen in den beiden vergangenen Jahren wurde die Idee der genomischen Selektion, das Projekt zur Implementierung dieser Technik in die Schweinezucht beschrieben und erste Ergebnisse präsentiert. Nach nunmehr zweijähriger Entwicklungsarbeit hat dieses innovative Zuchtinstrument die Praxisreife in der Pietrain-Population erreicht. In diesem Beitrag werden die Grundidee der genomischen Selektion und die Art der Implementierung in der Pietrain-Population zusammenfassend präsentiert.

Grundprinzip genomische Selektion

Die genomische Selektion beschreibt den Gebrauch von genomweiten und massiven genetischen Markern zur Schätzung von Zuchtwerten und die Selektion der Tiere anhand dieser genomisch geschätzten Zuchtwerte. Die genomische Selektion funktioniert wie folgt. Es wird eine Referenzpopulation (auch Trainings- oder Kalibrierungsdatensatz genannt) aufgestellt, in der die Tiere sowohl genotypisiert als auch in irgendeiner Form phänotypisiert sind. In dieser Population werden dann die Effekte aller Marker mit entsprechenden statistischen Modellen geschätzt. Die genetischen Marker werden an den Selektionskandidaten genotypisiert. Der genomische Zuchtwert eines Selektionskandidaten ist die Summe der Markereffekte (geschätzt in der Referenzpopulation), welche das Tier trägt. Dieser Schätzwert wird dann mit dem klassischen BLUP-Zuchtwert zu einem genomisch unterstützten Zuchtwert kombiniert. Dadurch erhalten die Züchter für jedes Tier einen geschätzten Zuchtwert, der alle verfügbaren Informationsquellen nutzt. Die genomische Selektion wurde in vielen Milchrinderpopulationen implementiert. Auch in der Schweinezucht wird diese Technik als überaus interessant angesehen und es entstehen derzeit sowohl national als auch international viele Umsetzungsprojekte. Das vorliegende Projekt hat dabei auf nationaler Ebene Pioniercharakter.

Genomische Selektion bei den baden-württembergischen Pietrains

Im Projekt wurden bisher ca. 900 nachkommengeprüfte Eber mit dem porcinen SNP-Chip mit ca. 60.000 SNPs genotypisiert, sie bilden die erste Referenzpopulation. Eine Qualitätskontrolle ergab eine hohe Anzahl an nutzbaren SNPs (ca. 48.000) und von nahezu allen Ebern konnten die Genotypen ermittelt werden. Arbeiten zur Modellentwicklung ergaben, dass de-regressierte Zuchtwerte und ein Random-Regression-BLUP-Modell mit einer Modellierung von heterogenen Fehlervarianzen eine geeignete Kombination zur Schätzung der Markereffekte ist.

Da die Typisierung der Individuen mit dem vollen Satz an genetischen Markern noch teuer ist (> 130 Euro), wurde eine Strategie entwickelt, die eine Nutzung der Technik in der Routine mit deutlich weniger SNPs ermöglicht. Dazu wurden zunächst die SNPs identifiziert, die den größten Effekt auf die relevanten Zunahme-, Schlachtkörper- und Fleischqualitätsmerkmale zeigten. Ferner wurden SNPs ausgewählt, die eine gleichmäßige Abdeckung des Genoms ermöglichen. Diese insgesamt 384 oder 768 identifizierten SNPs können an den Selektionskandidaten zu deutlich reduzierten Kosten (ca. 35-40 Euro für 384 oder ca. 60-65 Euro für 768 SNPs) genotypisiert werden. Die im Vergleich zum vollen SNP-Satz fehlenden SNPs werden dann aus der genetischen Umgebung der Selektionskandidaten abgeleitet oder imputiert. Die Fehlerraten dieser Genotypenableitung liegen bei ca. 15% für 768 oder ca. 20% bei 384 SNPs. Diese Fehlerraten reduzieren die Genauigkeit der genomischen Zuchtwertschätzung, jedoch sind diese Einbußen im Vergleich zu den Einsparungen bei den Typisierungskosten akzeptabel. Die selektierten Eber sollten dann mit dem vollen SNP-Satz nach-typisiert werden, um eine Fehlerakkumulation zu unterbinden.

Eine alternative und in der Handhabung einfachere Strategie ist die Nutzung der 384 oder 768 SNPs bei der genomischen Zuchtwertschätzung, ohne die restlichen zu imputieren. Dadurch geht jedoch etwas Flexibilität

verloren. Auf jeden Fall wurde die SNP-Marker so ausgewählt, dass eine genomische Zuchtwertschätzung mit oder ohne Imputierungstechniken durchgeführt werden kann.

Überführung in die Praxis

Diese Verfahren wurden am Hohenheimer Fachgebiet für Genetik und Züchtung entwickelt und die relevanten Computerprogramme werden als Prototyp-Software der Landesanstalt für Schweinezucht in Boxberg zur Verfügung gestellt, so dass eine zeitnahe und in der Methodik konsequente Umsetzung in den Routinebetrieb erfolgen kann. Das Hohenheimer Fachgebiet wird die Überführung begleiten und als Ansprechpartner auch weiterhin gern zur Verfügung stehen. Ferner können die Genotypisierungen der Selektionskandidaten in der Überführungsphase in Form einer wissenschaftlichen Kooperation am Hohenheimer Fachgebiet durchgeführt werden. Abschließend kann festgehalten werden, dass mit diesem Projekt ein neues Zeitalter in der Selektion von Ebern eingeläutet wird und es nun auch in der Verantwortung der Züchter ist, die Möglichkeiten dieser innovativen Technik konsequent zu nutzen.