

Entwicklung eines neuen Verfahrens zur genomischen Selektion in Jungrinderherden

Abschlussbericht Projekt „Entwicklung eines neuen Verfahrens zur genomischen Selektion in Jungrinderherden“

1 Einleitung

Bisher werden in der Holsteinzucht die Jungrinder entsprechend des 3-Väter-Pedigree-Zuchtwertes vorselektiert und die aus Sicht der Zucht interessanten Tiere einer genomischen Analyse unterzogen. Dies trifft aber immer nur für Einzeltiere in einer Milchviehherde zu und stellt damit nur eine Stichprobe der Grundgesamtheit dar. Der Ansatz dieser Untersuchung ist es dagegen, einen sehr hohen Anteil des gesamten Tierbestandes an Jungrindern in einer züchterisch interessanten Herde zu analysieren und die jährlich neu hinzukommenden Jungrinder dann ebenfalls mit einzubeziehen. Somit wird es erstmalig möglich sein, die sonst ausschließlich auf den Informationen aus dem Pedigree beruhenden Erbwerte, mit genomischen Zuchtwerten zu vergleichen und Ableitungen für die praktische Rinderzucht zu geben.

Für die vorliegenden Untersuchungen zum Projekt der genomischen Selektion in Jungrinderherden waren folgende Fragestellungen von Bedeutung:

1. Dient die genomische Selektion der weiteren Verbesserung der züchterischen Arbeit auf Landes- sowie Bundesebene und welche Streuungen ergeben sich innerhalb einer Milchviehherde?,
2. Können größere Abweichungen zwischen den genomischen Zuchtwerten und den Informationen aus dem Pedigree beobachtet werden und unterliegen diese einem systematischen Einfluss?,
3. Sind die genomischen Zuchtwerte mit den konventionellen Zuchtwerten (nach der Abkalbung der Jungrinder und dem Vorliegen dieser Werte) vergleichbar oder ergeben sich Unterschiede zwischen beiden Werten?

Aus den Untersuchungen sollten wissenschaftliche Erkenntnisse bei der Nutzung der genomischen Zuchtwertschätzung unter den Bedingungen eines Bestandes mit mehr als 1.500 Milchkühen abgeleitet werden. Wichtige Hinweise und Ergebnisse für die praktische Rinderzucht wurden aufgrund des neuartigen Ansatzes erwartet und sollten dann für die Ableitung der weiteren Zuchtprogramme sowohl auf Landes- als auch Bundesebene verwendet werden.

2 Material und Methoden

Für die Untersuchungen sollten 1.200 Datensätze von Jungrindern am Ende der Untersuchungen zur Verfügung stehen (Gesamtzeitraum der Untersuchungen über 1,5 Jahre von Oktober 2013 bis März 2015). Dabei muss zwischen der Grundanalyse des vorhandenen Bestandes (Färsen) und den neu hinzukommenden Jungrindern (Kälber) unterschieden werden, was in Tabelle 1 dargestellt ist.

Tabelle 1: geplantes Versuchsdesign (laut Antrag aus dem Jahr 2013)

Jahre	2013	2014	2015
Grundanalyse	200 Tiere	200 Tiere	
neugeborene Kälber		400 Tiere	200 Tiere

In den vorliegenden Untersuchungen konnte tatsächlich 520 Proben von Jungrindern und Kälbern einbezogen werden. Dies ist hauptsächlich auf die Logistik der

Probennahme bei den Tieren im Unternehmen zurückzuführen, denn eine Fixierung der Tiere ist aufgrund der Erfahrungen bei der Blutung sehr hilfreich und konnte aber aufgrund baulicher Voraussetzungen nicht bei allen Tierkategorien (Altersstufen) vorgefunden werden. Aus diesem Grund wurden die tragenden Färsen fast ausschließlich in der Vorbereitungsfütterung geblutet. Von einem Teil der weiblichen Kälber aus den Kalbungen der typisierten Färsen wurden Blutproben entnommen und die SNP analysiert sowie die genomischen Zuchtwerte errechnet, um die Auswirkungen der veränderten Zuchtwerte der Mütter auf die eigenen Zuchtwerte der Kälber nachvollziehen zu können. Die in den Untersuchungen analysierten Tiere (Färsen und Kälber) sind in Tabelle 2 entsprechend der beprobten Jahre ausgewiesen.

Tabelle 2: umgesetztes Versuchsdesign (Stand: 31.03.2015)

Jahre	2013	2014	2015
Grundanalyse	200 Tiere	200 Tiere	
neugeborene Kälber		100 Tiere	20 Tiere

Nach der Gewinnung der Blutproben sowie deren Aufbereitung im Unternehmen wurden diese ins Institut für die Fortpflanzung landwirtschaftlicher Nutztiere (IFN) nach Schönow versandt und dort mit einem 10k-Chip analysiert. Daraus erfolgte dann im VIT Verden die Schätzung des direkten genomischen Zuchtwertes für jedes Einzeltier (auch der genomisch unterstützte Zuchtwert der Rinder). Diese Daten wurden dann nach einem einheitlichen Schema in EXCEL eingegeben, verwaltet und kontinuierlich für die statistischen Analysen aufbereitet. Zur Vervollständigung der Daten wurden die phänotypischen Merkmale der Tiere (Lineare Beschreibung nach dem DHV-Schema) hinzugezogen und die Pedigree-Informationen (vor den Analysen der direkten genomischen Zuchtwerte) eingepflegt. Nach Erhalt der konventionellen Zuchtwerte (RZM und RZE) der dann im Datenpool befindlichen Kühe wurden diese für die Berechnungen und vergleichenden Analysen mit herangezogen und vergleichend zwischen den Schätzmethoden der Zuchtwerte bewertet.

Für die Einzeltiere konnten folgende Daten erfasst und analysiert werden:

- Pedigree-Informationen (RZG oder RZM sowie Milchmenge, Fett-Prozente und Fett-Menge, Eiweiß-Prozente und Eiweiß-Menge) und Abstammung (vor der Antragstellung der SNP),
- RZG und RZM der Mutter und der Großmutter der typisierten Tiere,
- genomischer Zuchtwert des Einzeltieres aus der SNP-Analyse des IFN Schönow sowie den Ergebnissen des VIT Verden (konventioneller, direkter genomischer und genomisch unterstützter Zuchtwert der Tiere) inklusive der Sicherheiten der verschiedenen Zuchtwerte,
- Lineare Beschreibung der Einzeltiere nach der Kalbung im Bereich zwischen dem 60. Tag und dem maximal 200. Tag post partum nach dem DHV-Schema mit folgenden Merkmalen:
 - Größe der Tiere,
 - Milchcharakter,
 - Körpertiefe,
 - Stärke,
 - Beckenneigung,
 - Beckenbreite,
 - Hintereuterhöhe,
 - Zentralband,

- Strichplatzierung hinten,
 - Strichplatzierung vorn,
 - Vordereuteraufhängung,
 - Eutertiefe,
 - Strichlänge,
 - Hinterbeinwinkelung,
 - Klauenwinkel,
 - Sprunggelenke,
 - Hinterbeinstellung,
 - Locomotion,
 - BCS,
 - KM Milchtyp,
 - KM Körper,
 - KM Fundament,
 - KM Euter
- 305-Tage-Milchleistung inklusive der Milchinhaltstoffe und der Zellzahl der Kühe in der ersten Laktation (damit können auch die Zuchtwerte der Tiere für den RZG und den RZM sowie deren Kennzahlen ausgewiesen und analysiert werden → Überprüfung der Ausgangsdaten aus dem Pedigree-Index),
 - Fruchtbarkeitskennzahlen der Tiere (Erstbesamung als Färsen und Anzahl Besamungen; Rastzeit und Anzahl Besamungen bei den Kühen in der ersten Laktation sowie die Verzögerungszeit).

Betriebliche Informationen wie die Lebendmasse und die Körperkondition der Tiere nach der Kalbung sollten das Spektrum der zu erfassenden Merkmale abrunden, konnten jedoch aus betrieblicher Sicht nicht erfasst werden. Bei den Daten der Nutzungsdauer muss aufgrund der zeitlichen Abfolge ein wesentlich späterer Zeitraum der Analysen anvisiert werden.

3 Ergebnisse

3.1 RZG und RZM

Seit Beginn der Untersuchungen mit dem vorzeitigen Maßnahmebeginn am 11.10.2013 wurden 520 Jungrinder des Bestandes der Dielsdorfer Landwirtschafts GmbH geblutet und die Proben zur Aufbereitung in das IFN Schönnow versandt. Nach der Gewinnung der DNA werden systematisch die SNP's ermittelt und dann im VIT Verden die Berechnung der genomischen Zuchtwerte durchgeführt. Im Ergebnis liegen dann die direkt genomischen sowie die genomisch unterstützten Zuchtwerte der Jungrinder vor und dienen als Datengrundlage für die weiteren Berechnungen. Bisher liegen jedoch nicht für alle Tiere die Ergebnisse aus den Analysen vor, da das IFN Schönnow die Proben sammelt und im Paket zum VIT Verden sendet. Weiterhin sind bei einigen Tieren noch die Abstammungen genau abzuklären, da bei den Analysen im IFN Schönnow bei wenigen Einzeltieren die Abstammung entweder nicht bekannt war, es sich um Zwillinge handelte oder eine erneute Einsendung von Probenmaterial notwendig wurde.

Bei den Jungrindern (Färsen) der Stichprobe konnte ein mittlerer Pedigree-Index für den RZG von 113 ermittelt werden, wobei Variationen von 82 bis 138 beobachtet werden konnten (Tabelle 3). Die direkt genomischen Zuchtwerte (dZW) sowie die genomisch unterstützten Zuchtwerte (gZW) für den Relativzuchtwert Gesamt (RZG) und den Relativzuchtwert Milchleistung (RZM) liegen auf einem vergleichbaren

Niveau, auch wenn der Variationskoeffizient bei diesen Werten höher liegt gegenüber dem Pedigree-Index der Tiere.

Tabelle 3: PI und genomische Zuchtwerte der Jungrinder der Stichprobe (n=520)

	PI	dZW	gZW
Pedigree-Index RZG	113 ± 9	106 ± 10	109 ± 10
Pedigree-Index RZM	104 ± 7	103 ± 9	104 ± 9

Zwischen dem direkt genomischen Zuchtwert RZM und der tatsächlich erbrachten 305-Tage-Leistung der Jungkühe zeigt sich eine leicht positive Tendenz, die später nach Vorliegen aller 305-Tage-Leistungen statistisch ausgewiesen werden soll (derzeit liegt die Korrelation bei $r = 0,300$). Diese Aussagen verdeutlicht Abbildung 1.

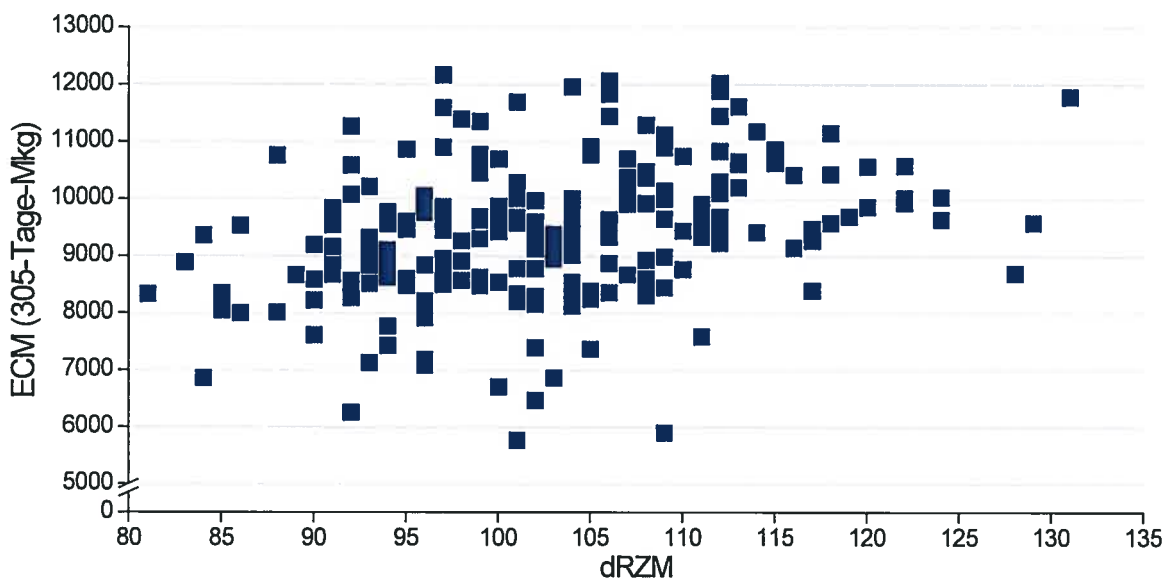


Abbildung 1: Zusammenhang zwischen dem dRZM und der 305-Tage-ECM-Leistung der Jungkühe

Bei der Analyse der Zuchtwerte für den RZM lassen sich teilweise größere Unterschiede zwischen dem Pedigree-Index und den direkt genomisch ermittelten Daten der Milchleistung darstellen (Tabelle 4). Durchweg werden bei den direkt genomischen Zuchtwerten niedrigere Werte angegeben.

Tabelle 4: PI und genomische Zuchtwerte der Jungrinder der Stichprobe (n=520)

	Milch-kg	Fett-kg	Eiweiß-kg
Pedigree-Index	908 ± 417	23 ± 16	26 ± 12
direkt genomisch	436 ± 509	13 ± 20	13 ± 14

Bei einer Betrachtung der Kennzahlen des RZM nur für die Kühe, die zum Zeitpunkt der Auswertung über eine abgeschlossene 305-Tage-Laktation verfügten, zeigte sich, dass direkt genomische Werte wesentlich näher an den mit Eigenleistungen hinterlegten Zuchtwerten liegen als die Pedigree-Informationen (Tabelle 5). Jedoch kann bei den Zuchtwerten aus dem Pedigree auch durchgehend ein geringerer Variationskoeffizient nachgewiesen werden.

Tabelle 5: PI und genomische Zuchtwerte der Jungrinder der Stichprobe (n=251)

	Milch-kg	Fett-kg	Eiweiß-kg
Pedigree-Index	906 ± 424	22 ± 16	25 ± 13
direkt genomisch	502 ± 511	15 ± 20	15 ± 14
305-Tage-ZW	494 ± 554	14 ± 20	14 ± 16

Bei der Diskussion um die Abstände zwischen den oben genannten Zuchtwerten muss aber immer auch beachtet werden, dass nach der 1. Laktation der Kühe auch der Einfluss der genomischen Zuchtwerte noch sehr stark ist und damit die Werte verfälschen könnte. Im Punktwolken-Diagramm (Abbildung 2) zeigen sich aber wieder teilweise Abweichungen zwischen den Zuchtwerten bei den Einzeltieren.

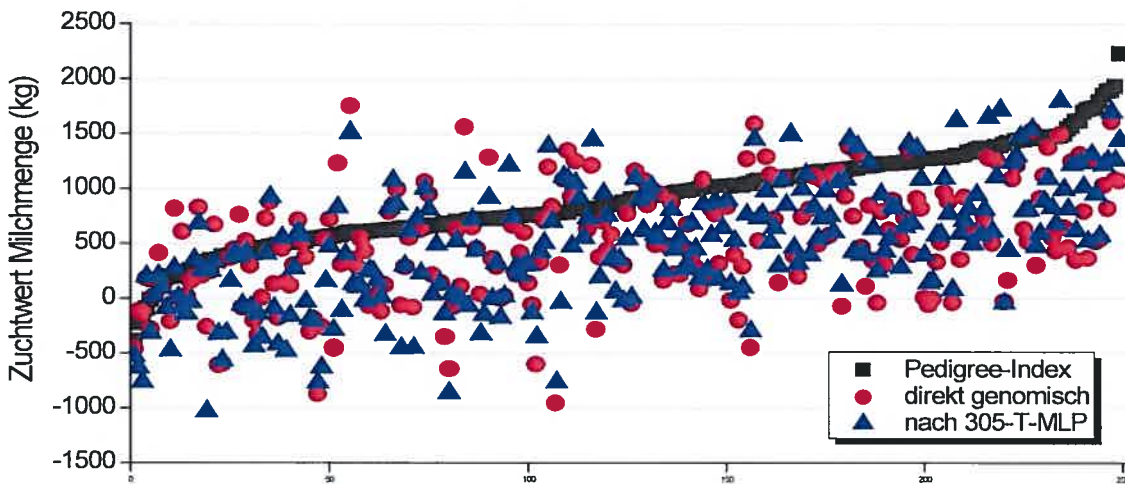


Abbildung 2: Zuchtwert Milchmenge (Mkg) bei Einzeltieren mit Pedigree-Index, direkt genomischen Zuchtwert und Zuchtwert nach Erhalt der 305-Tage-Milchleistung (n=251)

Werden die Jungkühe mit einer abgeschlossenen 305-Tage-Milchleistung den Daten der direkt genomischen Zuchtwerte gegenübergestellt zeigt sich, dass bei den Tieren mit einem dRZM von mehr als 108 Punkten auch die signifikant höchsten Fett- und Eiweiß-Mengen gemolken werden konnten (Abbildung 3).

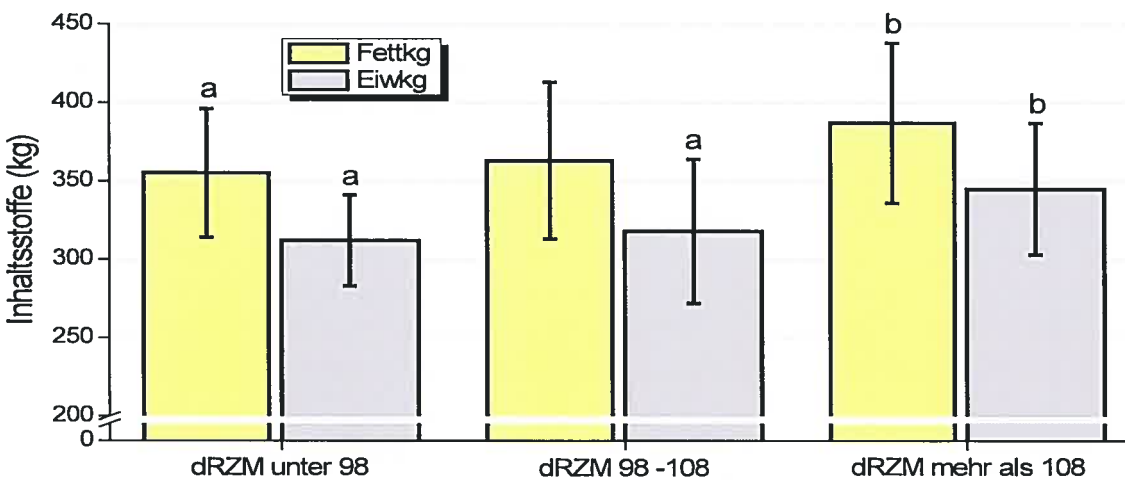


Abbildung 3: Zusammenhang zwischen dem dRZM und den fett- und Eiweiß-kg der Jungkühe in der ersten Laktation (n=251)

3.2 Exterieur

Alle gekalbten Kühe werden im Zeitraum 80. Tag post partum bis zum maximal 200. Tag nach der Kalbung linear nach dem DHV-Schema durch einen immer gleichen Bewerter linear beschrieben (Bewerter: Herr Knut Riehmer). Im Mittel der ausgewählten Töchter wurden diese in allen Komplexmerkmalen mit durchschnittlich 83 Punkten bewertet (Tabelle 6), wobei bei den Merkmalen nur eher geringe Streuungen beobachtet werden konnten.

Tabelle 6: Bewertung des Exterieurs der Jungkühe (n=256)

Merkmal	Milchtyp	Körper	Fundament	Euter
Bewertung	83 ± 2	83 ± 2	83 ± 2	83 ± 2

Aus den Ergebnissen der genomischen Selektion können Daten zum Linearprofil der entsprechenden Tier entnommen werden und dann direkt gegenübergestellt werden. In einem ersten Schritt wurden bisher 256 Tiere mit allen Analysen (SNP-Typisierung) und einer linearen Beschreibung der Tiere ausgewertet. Die Kennzahlen der Zuchtwerte zeigt Tabelle 7.

Tabelle 7: PI sowie genomische Zuchtwerte der Tiere (n=XX)

	Pedigree-Index	direkt genomisch	gen. unterstützt
RZE	-	102 ± 8	107 ± 9

Um einen Vergleich der linearen Merkmale mit den in den Zuchtwerten beschriebenen Daten zu ermöglichen, wurden die mittleren Bewertungen der Jungkühe der schwarzbunten Deutschen Holsteins aus den Jahren 2012 und 2013 als Grundlage verwendet. Auszüge der Mittelwerte zeigt Abbildung 4. Dann wurden die Zuchtwerte entweder oberhalb der Mittelwerte oder unterhalb der Mittelwerte sortiert und so die Richtung der Linearmerkmale festgelegt (also zum Beispiel zu steile Hinterbeine oder zu sehr gewinkelte Hinterbeine).

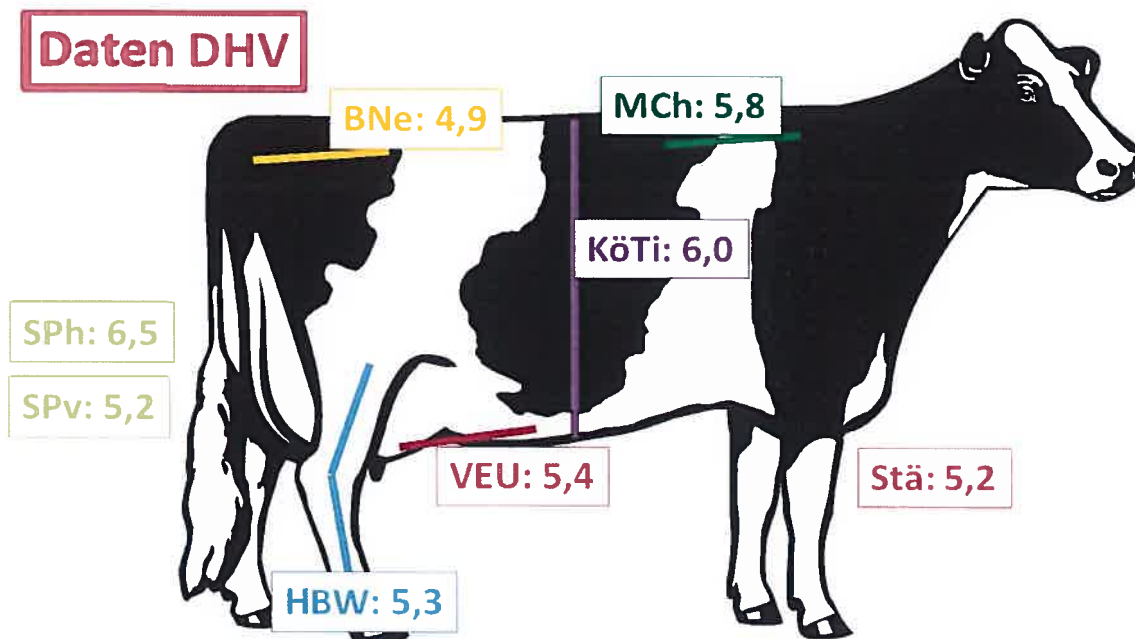


Abbildung 4: ausgewählte Kennzahlen nach DHV (2014)

Aus der Gegenüberstellung der Ergebnisse aus der genomischen Schätzung und den wahren linearen Merkmalen konnte eine Übereinstimmung von durchschnittlich 51 % ermittelt werden. Zwischen den einzelnen Merkmalen sind prinzipielle Unterschiede zu erkennen, aber eine korrekte Vorhersage des Exterieurs der Tiere konnte bisher nicht beobachtet werden. Die Übereinstimmungen der einzelnen Linearmerkmale zeigt Abbildung 5.

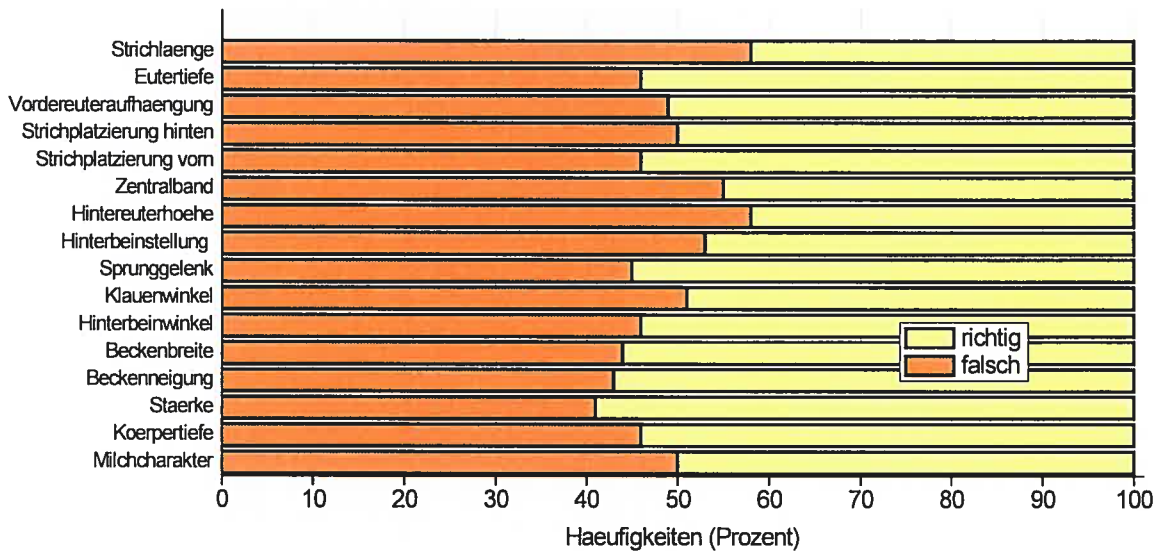


Abbildung 5: Übereinstimmung der Linearmerkmale mit den Zuchtwerten (n=83)

Ein Zusammenhang zwischen dem direkt genomischen Zuchtwert Exterieur (RZE) der Färsen und den Einstufungs-Ergebnissen des Exterieurs der Jungkühe zeigt eine eher moderate Übereinstimmung. Der Korrelationskoeffizient nach PEARSON beider Merkmale beträgt bei den bisher bewerteten Tiere $r = 0,331$ ($p \leq 0,001$). Im Mittel wurden alle Kühe mit 83-83-83-83/83 bewertet und wiesen im Mittel einen dRZE von 102 Punkten auf.

Werden alle eingestuft Kühe in die Klassifizierungen „good“, „Good plus“ und „very good“ eingeteilt und deren direkt genomischer Zuchtwert gegenübergestellt zeigte sich, dass im Mittel steigende direkt genomische Zuchtwerte nachgewiesen werden können. Allerdings sind die Variationsweiten innerhalb der Gruppen so groß, dass in allen 3 Klassen auch Tiere mit deutlich über 100 Punkten wie auch deutlich unter 100 Punkten vorzufinden sind (Abbildung 6).

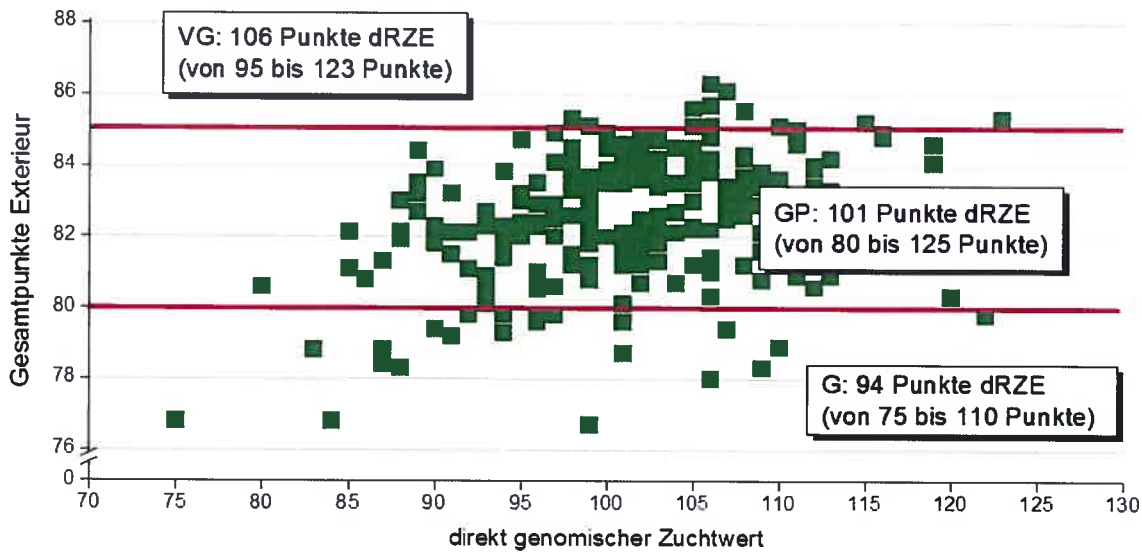


Abbildung 6: Einteilung der Färsen in „good“, „good plus“ und „very good“ und deren direkt genomischen Zuchtwerte (n=167)

Werden entsprechend der Zielstellung bei einer Reproduktion von 25 % die besten Tiere nach der genomischen Selektion zur eigenen Aufzucht behalten, wären im Mittel bei den Jungkühe eine Bewertung des Exterieurs von 83 Punkten zu erwarten, wobei die zur Zucht verkauften Tiere mit 82 Punkten eingestuft sind. Es zeigt sich aber sehr deutlich, dass auch bei den eigenen Tieren für die Bestands-Remontierung die Streuung in der Linearbewertung sehr hoch ist und großen Schwankungen unterliegt (Abbildung 7). Hier sollte wieder der Grundsatz gelten: „Wir züchten nicht mit Mittelwerten“!

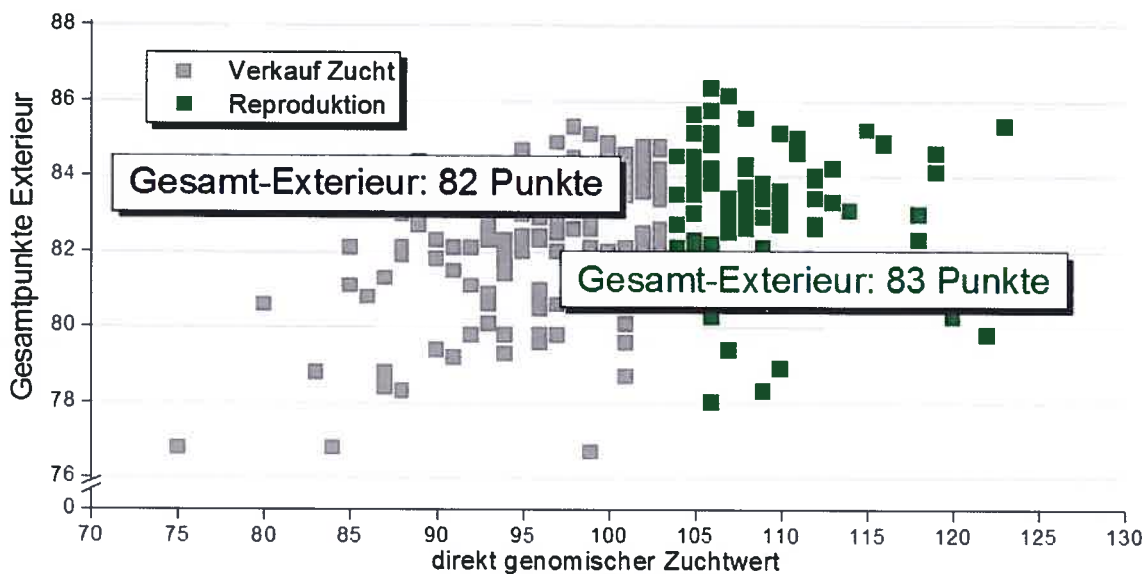


Abbildung 7: Mittlere Bewertung des Exterieurs der Kühe nach Trennung der analysierten Färsen in eigene Reproduktion und Verkauf zur Zucht (n=167)

Für eine Selektion von Kälbern oder Färsen aus einem Milchviehbestand kann die genomische Selektion wertvolle Hilfestellungen für den Gesamtbestand geben. Eine tierindividuelle Selektion allein auf den direkt genomischen Daten sollte jedoch

vermieden werden und weitere Daten berücksichtigt werden. Hier sind weiterführende Untersuchungen anzuraten.

3.3 Fruchtbarkeit

Die Zuchtwertschätzung erfolgt mit einem Mehrmerkmalsmodell (VIT, 2014). Dabei gehen folgende Kennzahlen mit ein:

- Konzeptionsfähigkeit über die NR56 und die Verzögerungszeit (75 %) sowie
- Rastzeit als Ausdruck der Zyklusfähigkeit (25 %).

Die grafische Darstellung der zu erfassenden Merkmale im Mehrmerkmalsmodell (VIT, 2014) zeigt Abbildung 8.

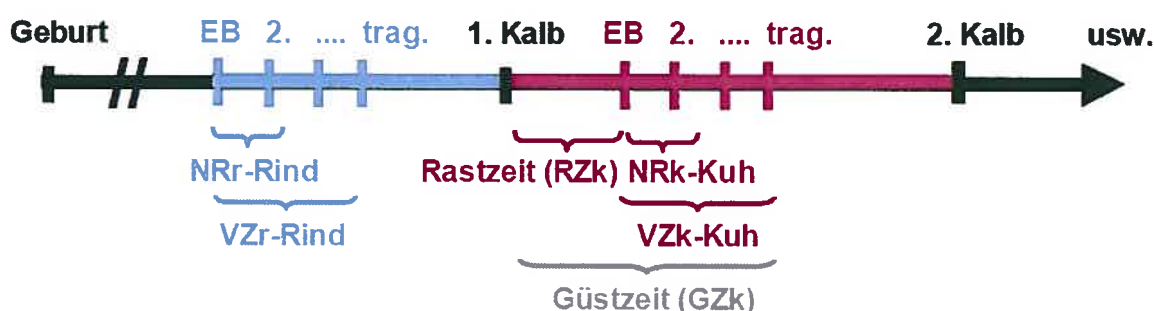


Abbildung 8: Merkmale in der ZWS für die Fruchtbarkeit

Für die vorliegenden Untersuchungen wurden bisher die Daten der Besamungen der Färsen (Erstbesamung und Folgebesamungen) und die Kennzahlen der Jungkühe (Erstbesamung und Rastzeit, Folgebesamungen bis zum positiven Nachweis der Trächtigkeit der Tiere) erfasst. Es muss aber berücksichtigt werden, dass nicht alle Tiere zum Zeitpunkt der Erstellung des Berichtes diese Kennzahlen in vollem Umfang aufwiesen und sich deshalb die Stichproben bei den verschiedenen Kennzahlen unterscheiden können.

Für die analysierten Tiere konnte vor der Erstellung der SNP-Anträge ein mittlerer Pedigree-Index für das Merkmal Töchterfruchtbarkeit (RZR) von 103 ermittelt werden. Der direkt genomische Wert wies mit 105 einen um 2 Punkte höheren Wert auf, wobei der genomisch unterstützte Zuchtwert 104 Punkte erreichte (Tabelle 8). Tabelle 1 zeigt die Ergebnisse der genomischen Zuchtwertschätzung für den RZR der Tiere.

Tabelle 8: RZR der Tiere aus der genomischen Zuchtwertschätzung (n=357)

	Pedigree-Index	direkt genomisch	gen. unterstützt
RZR	103 ± 7	105 ± 7	104 ± 9

Bei den Färsen konnte ein mittlerer Besamungsindex der Tiere von 1,5 ermittelt werden. Zwischen den direkten genomischen Zuchtwert RZR und der Anzahl an Besamungen bei den Färsen konnte ein mittlerer Korrelationskoeffizient von $r = -0,081$ ($p = 0,131$) ermittelt werden. Bei einer Gruppierung des dRZR der Färsen kann ein Anteil von mehr als 60 % der Tiere, welche aus der Erstbesamung tragend wurden, erst ab einem Zuchtwert von 100 und mehr Punkten beobachtet werden (Abbildung 9).

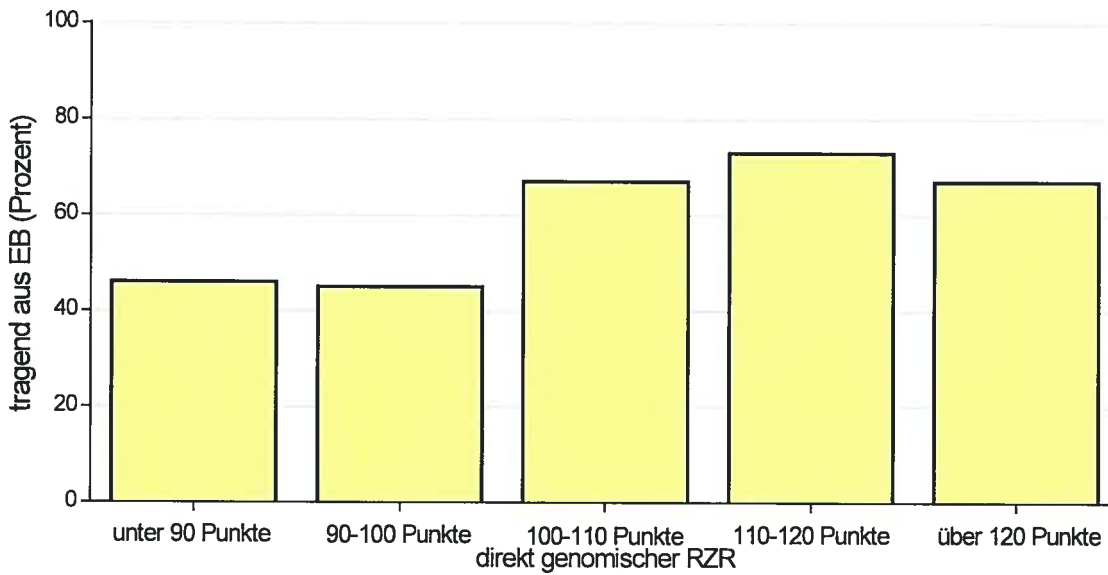


Abbildung 9: Anteil „Tragend aus EB“ nach der Gruppe RZR bei den Färsen

Die Kühe in der ersten Laktation wiesen eine mittlere Rastzeit von 90 Tagen im Unternehmen 1, von durchschnittlich 65 im zweiten Betrieb und von 57 Tagen im Unternehmen 3 auf. Bei einer Gruppierung des RZR in 3 Gruppen zeigte sich, dass mit steigendem genomischen Zuchtwert eine etwas geringere Rastzeit bei den Kühen zu beobachten war (Abbildung 10). Werden jedoch die Daten innerhalb der einzelnen Unternehmen betrachtet, kann dieser Zusammenhang nicht nachgewiesen werden.

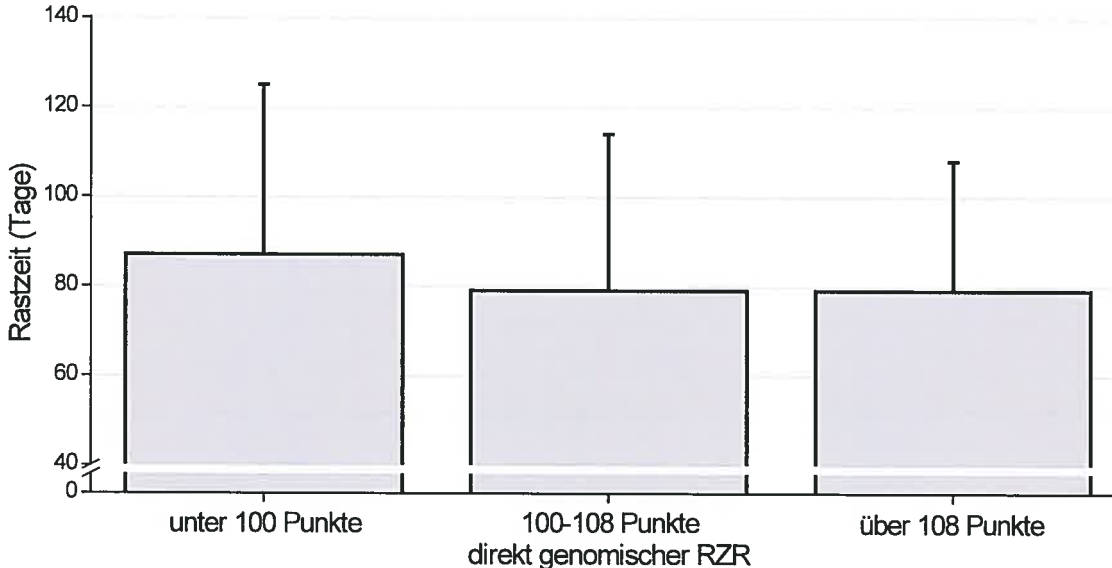


Abbildung 10: Zusammenhang zwischen direkt genomischem RZR und der Rastzeit der Kühe in der ersten Laktation (n=291)

Im Zuchtwert Reproduktion (RZR) wird die Non-Return-Rate nach 56 Tagen (NRR 56) mit berücksichtigt. Der Anteil Kühe, die aus der Erstbesamung tragend waren, wird nach dem aktuellen Stand der Auswertung nicht nachhaltig durch den Relativzuchtwert Reproduktion (RZR) beeinflusst. Den höchsten Anteil erzielten dabei die Tiere mit einem RZR von unter 90 Punkten, die 60 % Tragend aus der Erstbesamung aufwiesen (Abbildung 11). Hier sind jedoch weiterführende Untersuchungen und ein größeres Datenmaterial zur Ableitung von Aussagen erforderlich.

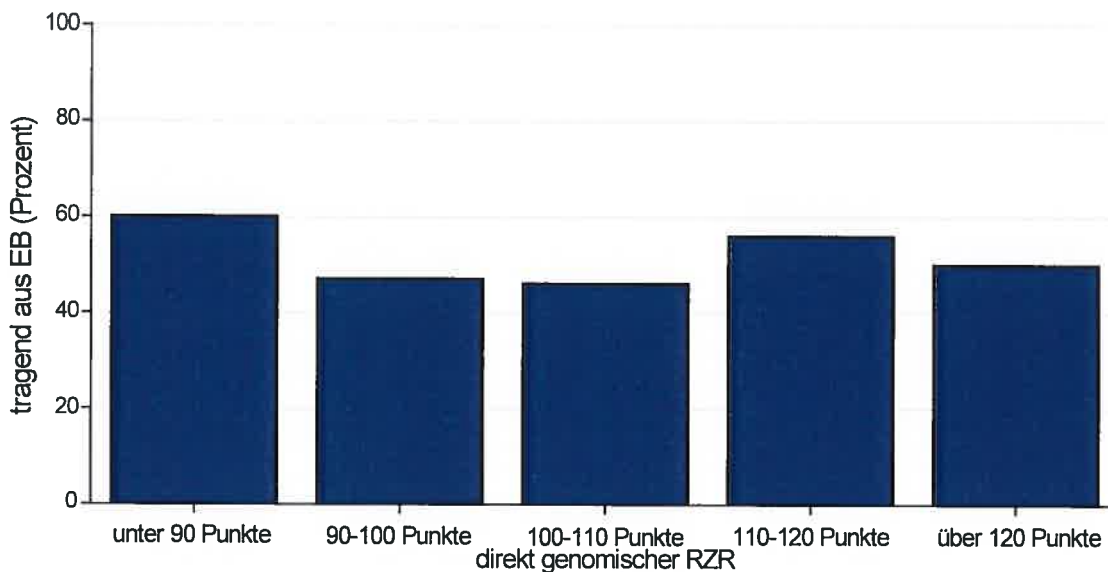


Abbildung 11: Anteil „Tragend aus EB“ nach Gruppen RZR bei den Jungkühen

Für eine Selektion von Kälbern oder Färsen aus einem Milchviehbestand kann die genomische Selektion wertvolle Hilfestellungen für den Gesamtbestand geben. Eine tierindividuelle Selektion allein auf den direkt genomischen Daten sollte jedoch vermieden werden und weitere Daten berücksichtigt werden.

3.4 Zellzahl

Für den Zuchtwert somatische Zellen (RZS) könne bisher nur die direkt genomischen und die genomisch unterstützten Werte ausgewiesen werden (Tabelle 9). Eine Zuordnung der geschätzten Zuchtwerte zu den tatsächlich im Laufe der 305-Tage-Laktation entstandenen Zellzahlen erfolgt erst nach Vorlage der kompletten Datensätze.

Tabelle 9: konventionelle sowie genomische Zuchtwerte der Tiere (n=407)

	konventionell	direkt genomisch	gen. unterstützt
RZS	-	103 ± 9	103 ± 9

Aufgrund der hohen Variationsweite der Zuchtwerte von 78 bis zu 135 Punkten für den Zuchtwert Zellzahl (RZS) können aber auch hier Ansätze für eine Selektion geprüft werden. Inwieweit sich die Zuchtwerte mit den tatsächlichen Leistungen in der ersten Laktation abgleichen lassen, bleibt den späteren Auswertungen mit kompletten Datensätzen vorenthalten.

3.5 Nutzungsdauer

Bei den Tieren der Untersuchung konnte ein mittlerer Relativzuchtwert für die Nutzungsdauer von 105 Punkten dokumentiert werden. Der direkt genomische Zuchtwert wies im Mittel mit 104 Punkten eine Abweichung gegenüber dem konventionellen Zuchtwert von – 1 Punkt auf, wobei der Variationskoeffizient bei 7 % lag. Der genomisch unterstützte Zuchtwert Nutzungsdauer erreichte mit 107 Punkten den höchsten Wert der 3 Kennzahlen (Tabelle 10).

Tabelle 10: konventionelle sowie genomische Zuchtwerte der Tiere (n=389)

	konventionell	direkt genomisch	gen. unterstützt
RZN	105 ± 6	104 ± 7	107 ± 8

Ein Vergleich der ausgewiesenen Kennzahlen der Zuchtwerte für die funktionale Nutzungsdauer mit einer tatsächlichen Verbleiberate der Kühe in der Herde kann erst zu einem wesentlich späteren Zeitpunkt erfolgen. Wenn eine mittlere Nutzungsdauer von 5 Laktationen unterstellt wird, können diese Daten für die analysierten Tiere erst im Jahre 2020 erwartet werden.

3.6 sonstige Kennzahlen

Neben den Daten der Zuchtwertschätzung sollen perspektivisch auch die Bewertungen der Kühe evtl. bis in höhere Laktationen erfolgen, um eine dichtere Datenbasis zu bekommen (Einstufungen dann nur nach den Komplexnoten; keine lineare Bewertung mehr). Auch scheint es sinnvoll, die Kälber dieser Tiere zu prüfen, um die familiären Strukturen und deren Auswirkungen auf die Zuchtwerte und die später realisierten Leistungen zu überprüfen.

4 Verwertung der Ergebnisse

Die bisherigen Ergebnisse der Erfassungen, Untersuchungen und Analysen sollten dem Embryo-Nukleus-Programm Thüringens (TLL Jena und LTR Erfurt) bei der weiteren Gestaltung der Anpaarung und der Auswahl der Tiere dienen. Für diese Zwecke können dabei folgende Schwerpunkte abgeleitet werden:

1. Eine Selektion von Jungrindern nur nach den ausgewiesenen Zuchtwerten sollte für die Nutzung der Tiere im Zuchtprogramm vermieden werden, denn aufgrund der hohen tierindividuellen Abweichungen sollte mit Augenmaß gehandelt werden.
2. Für die Abschätzung des Potentials der Milchleistung der Jungrinder scheint der direkt genomische Zuchtwert sehr gut geeignet zu sein. Aber auch hier sollten immer die möglichen Abweichungen der Einzeltiere berücksichtigt werden.
3. In Bezug auf das Exterieur der zu selektierenden Tiere sollte mehr geachtet werden, denn zwischen der Vorhersage des direkt genomischen Wertes und den am Tier ermittelten Werte der Linearen Bewertung ergeben sich teilweise sehr starke Abweichungen. Vor diesem Hintergrund sollte die Ausweisung von „RZ-Robot“-Bullen hinterfragt werden.

Insgesamt konnte für das Embryo-Nukleus-Programm Thüringens eine wesentliche Datenbasis für eine zielgerichtete und strategische Ausrichtung geschaffen werden und daraus weiterführende Ansätze für die Selektion und Anpaarung entwickelt werden.

5 Schlussfolgerungen

Aus den vorliegenden Ergebnissen des Projektes „Entwicklung eines neuen Verfahrens zur genomischen Selektion in Jungrinderherden“ können zum aktuellen Zeitpunkt der Auswertungen folgende Schlussfolgerungen abgeleitet werden:

1. Zwischen den direkt genomischen Zuchtwerten und den am Tier erfassbaren Daten ergeben sich in Bezug auf die Milchleistung (RZM und deren Kennzahlen) sehr gute und klare Zusammenhänge, wobei die tierindividuellen

Abweichungen bei einer Selektion auf Einzeltierbasis im Rahmen der Zuchtprogramme immer beachtet werden sollte.

2. Für den Komplex Exterieur können keine klaren Übereinstimmungen zwischen den genomisch geschätzten Zuchtwerten und den Linearen Kennzahlen der Jungkühe gefunden werden. Dies potenziert sich zusätzlich bei Selektionen auf der Basis der Einzeltiere.
3. Der Relativzuchtwert Reproduktion (RZR) sollte zur Selektion auf eine hohe Fruchtbarkeit im Bereich der Jungrinder und der ersten Laktation nicht verwendet werden, denn die Zusammenhänge zwischen den genomisch vorgeschätzten Werten und den Merkmalen Konzeption und Rastzeit der Tiere sind sehr lose und nicht darstellbar.
4. Für die Kennzahlen Nutzungsdauer und Eutergesundheit müssen noch die vollen 305-Tage-Leistungen aller analysierten Tiere abgewartet werden und dann sollen hierzu ebenfalls Aussagen getroffen werden.

Für weiterführende Untersuchungen zu den grundsätzlichen Fragen der genomischen Selektion in Jungrinderherden könnten folgende Fragestellungen im Fokus stehen:

1. Ist die Überprüfung von ganzen Herden besser geeignet als die stichprobenartige Prüfung von Einzeltieren?
2. Welche Ausprägung der genomisch geschätzten Zuchtwerte können in Jungrinderherden bei Einsatz von vielen Bullen mit töchterbasierten Zuchtwerten gegenüber den Herden mit einem hohen Anteil genomisch selektierter Bullen in der Besamung beobachtet werden?

6 Publizitätspflicht

SCHOLZ, H.; RIEHMER, K. (2014):

Risiken und Chancen der genomischen Selektion in Jungrinderherden aus Sicht eines Unternehmens der Milchproduktion mit züchterischem Anspruch
7. Mitteldeutscher Rinderworkshop, Hochschule Anhalt, 09./10.05.2014

SCHOLZ, H.; RIEHMER, K. (2015):

Zucht auf Exterieur beim Milchrind und welchen Beitrag können hierbei genomische Zuchtwerte liefern
8. Mitteldeutscher Rinderworkshop, Hochschule Anhalt, 08./09.05.2015

KÜHNE, P.; SCHOLZ, H.; KOCKX, S. (2015):

Fruchtbarkeitskennzahlen von Färsen und Kühen in der ersten Laktation in Bezug zum genomischen Relativzuchtwert Reproduktion (RZR)
8. Mitteldeutscher Rinderworkshop, Hochschule Anhalt, 08./09.05.2015

KOCKX, S.; KÜHNE, P.; SCHOLZ, H. (2015):

Ausgewählte Kennzahlen der Milchleistung und deren Zusammenhang zum direkt genomischen Zuchtwert Milchleistung (dRZM)
8. Mitteldeutscher Rinderworkshop, Hochschule Anhalt, 08./09.05.2015

RIEHMER, K. (2015):

Evaluierung der Zuchtmethodik der genomischen Selektion – Chancen und Risiken
17. Jahrestagung Thüringer Landwirtschaft „Thüringer Landwirtschaft 2020 – Umsetzung des Zukunftskataloges“, Erfurt, 22.10.2015

Aufgrund des Versuchsansatzes, der den Beginn der Untersuchungen bei den Färsen als zielführend angesehen hatte, muss die zeitliche Schiene zwischen dem Beginn der Analysen und dem Erreichen der 305-Tage-Milchleistung in der ersten Laktation beachtet werden. Vor diesem Hintergrund sind die Veröffentlichungen der Ergebnisse bisher nur auszugsweise erfolgt, da nur wenige komplette Datensätze mit den genomischen Zuchtwerten, der Einstufung und linearen Beschreibung der Kühe und der Milchleistung in der ersten Laktation vorlagen. Nach Vorliegen der ersten kompletten Datensätze im Frühjahr des Jahres 2015 (Analysen der Färsen, die bisher gekalbt hatten; die Kälber in den Analysen kalben ab Ende 2015 bis Mitte 2016) kann dann eine Veröffentlichung erfolgen.



7 Danksagung

Für die Durchführung des Projektes „Entwicklung eines neuen Verfahrens zur genomischen Selektion in Jungrinderherden“ bedanken sich die Verfasser des Berichtes nochmals ganz herzlich bei der Dielsdorfer Landwirtschafts GmbH im Verbund der LAPROMA AG in Schloßvippach und wünschen dem Unternehmen in der weiteren Ausgestaltung der Zuchtarbeit die besten Erfolge.



Im Rahmen der vorliegenden Untersuchungen wurde der höchste genomisch-unterstützte Gesamtzuchtwert (RZG) mit 123 Punkten ermittelt und konnte bei einer SHOTGLASS-Tochter (Ohrnummer: 16033 31324) gemessen werden. Weiterhin viel Erfolg im Stall.