

Die genomische Selektion bei den Pietrains ist praxisreif

Prof. Dr. Jörn Bennewitz, Institut für Tierhaltung und Tierzucht, Universität Hohenheim



Prof. Dr. Jörn Bennewitz

Einleitung

Die genomische Selektion hat für Schweineherdbuchtiere der Rasse Pietrain nach nunmehr zweijähriger Entwicklungsarbeit die Praxisreife erreicht. Das Ziel dieses neuen Zuchtverfahrens ist die sicherere Einschätzung der genetischen Veranlagungen der Tiere bereits in einem frühen Lebensabschnitt (z.B. zum Zeitpunkt der Körung). In diesem Beitrag werden die Grundidee der genomischen Selektion und die Art der Implementierung in der Pietrain-Herdbuchpopulation von German Genetic zusammenfassend präsentiert.

Das Grundprinzip der genomischen Selektion

Bei der genomischen Selektion werden genetische Marker sogenannte SNP's (Single Nucleotide Polymorphism) als Informationsquelle genutzt. Diese SNP's verteilen sich über das gesamte Genom eines Tieres und können bestimmt werden, in dem von den Schweinen DNA-Proben (z.B. aus Blut oder Gewebe) gewonnen werden. Nach der Isolation der DNA erfolgt die Bestimmung der SNP's mit Hilfe des biotechnologischen Verfah-

rens der Hochdurchsatztypisierung. Das genetische Potential eines Tieres entspricht der Summe der SNP-Effekte für die einzelnen Merkmale. Damit beschreibt die genomische Selektion den Gebrauch von genomweiten (über das gesamte Genom verteilte) 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 anhand von SNP's genotypisiert als auch in irgendeiner Form phänotypisiert also leistungsgeprüft sind. In dieser Population werden dann die Effekte aller Marker (SNP's) mit entsprechenden statistischen Modellen geschätzt. Der genomische Zuchtwert eines Tieres ist die Summe der SNP-Markereffekte (geschätzt in der Referenzpopulation), welche das Tier trägt. Dieser Schätzwert wird dann mit dem klassischen BLUP-Zuchtwert zu

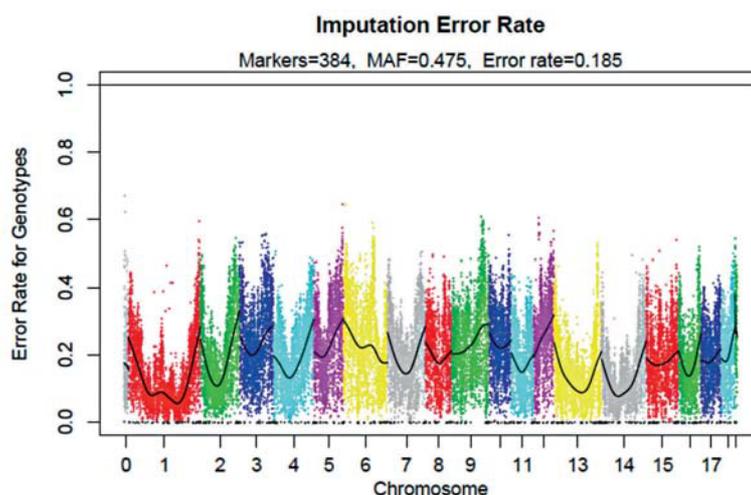
einem genomisch unterstützten Zuchtwert kombiniert. Dadurch erhalten die Züchter für jedes Tier einen geschätzten Zuchtwert, der alle verfügbaren Informationsquellen nutzt. Die genomische Selektion wurde in vielen Milchrinderpopulationen implementiert. Auch in der Schweinezucht wird diese Technik als 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 in der Population von German Genetic

In dem Projekt wurden bisher knapp 1000 nachkommengeprüfte KB-Eber (hiervon 200 GFS-Eber) mit dem porcinen SNP-Chip mit ca. 60.000 SNP's genotypisiert. Sie bilden die erste Referenzpopulation. Eine Qualitätskontrolle ergab eine hohe Anzahl an nutzbaren SNP's (ca. 48.000) und von nahezu allen Ebern konnten die Genotypen ermittelt werden.

Übers. 1:

Fehlerrate beim Imputieren

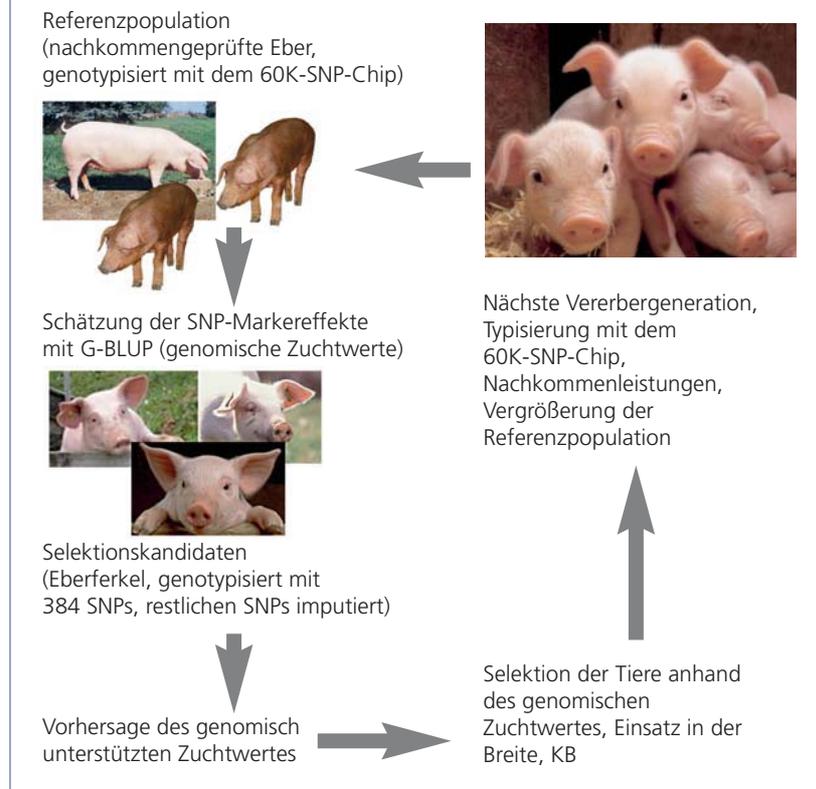


Fehlerraten entlang des Genoms beim Imputieren (ableiten fehlender Genotypen), wenn die Selektionskandidaten mit nur 384 SNP genotypisiert wurden, ihre Väter jedoch mit 60.000 (60k) SNP's. Die Chromosomen sind auf der Horizontalen abgebildet. Die durchschnittliche Fehlerrate über alle Chromosomen beträgt 18,5%.

Da die Typisierung der Individuen mit dem vollen Satz an genetischen Markern noch teuer ist (> 130 Euro je Tier), wurde eine Strategie entwickelt, die eine Nutzung der Technik in der Routine mit deutlich weniger SNP's ermöglicht. Dazu wurden zunächst die SNP's identifiziert, die den größten Effekt auf die wirtschaftlich relevanten Zunahme-, Schlachtkörper- und Fleischqualitätsmerkmale zeigten. Ferner wurden SNP's ausgewählt, die eine gleichmäßige Abdeckung des Genoms ermöglichen. Diese insgesamt 384 (von ca. 60.000) identifizierten SNP's können an den Selektionskandidaten zu deutlich reduzierten Kosten genotypisiert werden. Die im Vergleich zum vollen SNP-Set fehlenden SNP's werden dann aus der genetischen Umgebung der Selektionskandidaten mittels spezieller statistischer Verfahren abgeleitet (imputiert). Die Fehleraten dieser Genotypenableitung liegen bei 18,5% bei 384 SNPs (Übersicht 1). Diese Fehleraten reduzieren die Genauigkeit der genomischen Zuchtwertschätzung etwas, jedoch sind diese Einbußen im Vergleich zu den erheblichen Einsparungen bei den Typisierungskosten akzeptabel. Die Eberväter der KB-Eber im Zuchteinsatz sollten jedoch mit dem vollen SNP-Chip nachtypisiert werden, um eine Fehlerakkumulation zu unterbinden. Eine schematische Darstellung der Kombination von wenigen (384) und sehr vielen (60.000) Markern bei der genomischen Selektion ist in der Übersicht 2 zu sehen. Mit der derzeitigen Referenzpo-

Übers. 2:

Ablaufschema der genomischen Selektion in der Routine



pulation von knapp 1000 nachkommegeprüften Ebern ist eine Steigerung der Genauigkeit der geschätzten Zuchtwerte von jungen Selektionskandidaten von ca. 30% gegenüber den reinen Pedigree-Zuchtwerte zu erreichen. Die Zuchtwertsicherheiten von KB-Ebern mit reinen Pe-

digreezuchtwerten liegen bei ca. 30-40%. Damit erreichen Jungeber, die den KB-Stationen zum Kauf angeboten werden bei Zuchtwertsicherheiten von bis zu 50%. Dieser Wert ist als Startwert anzusehen und wird sich im Laufe der Zeit mit einer größer werdenden Referenzstichprobe kontinuierlich steigern.



Mit Hilfe der Hochdurchsatztypisierung erfolgt die Bestimmung der SNP's.

Überführung in die Praxis

Das Verfahren wurden am Hohenheimer Fachgebiet für Genetik und Züchtung entwickelt und wird in Kürze in wissenschaftlichen Zeitschriften publiziert und dadurch dokumentiert. Die relevanten Computerprogramme wurden 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 erfolgt. Abschließend kann festgehalten werden, dass mit diesem Projekt ein neues Zeitalter in der Selektion von Ebern eingeläutet wird und es nun in der Verantwortung der Zuchtorganisation und Züchter sowie der Rechenstellen ist, die Möglichkeiten dieser innovativen Technik konsequent zu nutzen.