

Studien zu Genotyp-Umwelt-Interaktionen beim Deutschen Schwarzbunten Niederungsring

Jaeger M¹, Brügemann K¹ & König S¹

Keywords: genotype by environment interaction, multiple-trait herd cluster model.

Abstract

The aims of the present study were i) to analyse the genetic structure of the local black and white cattle breed (DSN), and ii) to analyse genotype by environment interactions based on defined herd parameter groups (geographic, environmental, phenotypic descriptors). The study considered 3688 DSN and 3599 HF cows from 46 herds keeping both breeds. Farms mostly reflected pasture based low input production systems. A multiple trait approach, i.e. defining same traits in different clusters as two different traits, was applied to prove genotype by environment interactions based on genetic correlation estimates. Genetic correlations between low heritability functional traits were lower than for production traits. Especially for functional traits such as somatic cell score (SCS) and fat to protein ratio genetic correlations remained below $rg = 0.80$ and showed possible genotype by environment interactions.

Einleitung und Zielsetzung

Auf Grund von sinkenden Milch- und steigenden Futterpreisen ist in Europa seit einigen Jahren ein wachsender Trend hin zur graslandbasierten Milchproduktion zu beobachten. Eine Milchkuh in Weidesystemen sollte über wesentliche Eigenschaften verfügen, die Stoffwechselstabilität, Robustheit und Fruchtbarkeit reflektieren (Dillon et al. 2003). Oftmals sind es die alten (bedrohten) Zweinutzungsrasen, denen eine gewisse Anpassungsfähigkeit an verschiedenste Umwelteinflüssen zugeschrieben wird. Insbesondere diese Anpassung an heterogene Umweltbedingungen, wie sie häufig in der weidebasierten Milchproduktion vorliegen, wird oft mit Robustheit in Verbindung gebracht (Dillon et al. 2003). Allerdings besteht nur bedingte Kenntnis bezüglich der weitreichenden Umwelteinflüsse in Weidesystemen auf die Ausprägung von Produktions- und funktionalen Merkmalen. Dies gilt insbesondere für Analysen innerhalb von Zweinutzungsrasen mit geringer Populationsgröße. Ziel der Untersuchung war daher, näher das Phänomen etwaiger Genotyp-Umwelt-Interaktionen unter Berücksichtigung des ‚Multiple-Trait Herd Cluster‘ Modells von Weigel und Rekaya (2000) aufzuklären. Hintergrund des ‚borderless clustering‘ ist die Implementierung einer Zuchtwertschätzung über Ländergrenzen hinweg, die nach Charakteristika von Produktionssystemen (Umweltdeskriptoren) ausgerichtet ist. Hierbei werden Herden u.a. auf Grund von Managementfaktoren, geografischer Lage, Herdenleistungsniveaus und Umwelteinflüssen in bestimmte Gruppen (Herdenparameter) eingeteilt. In der vorliegenden Studie wurden zur Schätzung von genetischen Parametern mittels eines Mehrmerkmalsmodells für Produktions- und funktionale Merkmale verschiedene Stratifizierungsansätze zur Parameterbildung von Herden des Deutschen Schwarzbunten Niederungsringes (DSN) verfolgt.

¹ Justus-Liebig-Universität, Ludwigstraße 21B, 35390 Gießen, Deutschland,
maria.jaeger@agrar.uni-giessen.de

Methoden

Für die genetisch-statistische Analyse wurden jeweils die offiziellen Testtagsdaten des ersten Testtages der monatlichen Milchkontrolle (Milch-kg, Fettprozent: Fett-%, Eiweißprozent: Eiweiß-%, Somatischer Zell Score: SCS, Fett-Eiweiß-Quotient: FEQ) und die Fruchtbarkeitsdaten von Kühen der Kalbejahre 2010 bis 2015 verwendet. Die Einteilung der Herden in verschiedene Klassen basierte auf Beobachtungen von 3688 DSN und 3599 Holstein-Friesian (HF) Tieren aus 46 Weidebetrieben, welche jeweils über beide genetischen Gruppen verfügen. Es wurden acht verschiedene Herdenparameter gebildet (Tabelle 1). Jeder Parameter beinhaltete zwei Herdengruppen, sodass dasselbe Merkmal nach dem Grundprinzip von Falconer in Gruppe 1 und Gruppe 2 als zwei unterschiedliche Merkmale betrachtet wurde.

Tabelle 1: Verwendete Umwelt- bzw. Herdencharakteristika

Herdenparameter	Gruppe 1	Gruppe 2
Ø Milchleistung der Herde (H-Milch)	<30 kg	>30 kg
Ø Somatischer Zellgehalt (H-SCC)	<200 000 Zellen/ml	>200 000 Zellen/ml
Ø Herdengröße (H-Größe)	<250 Tiere (43Betr.)	>250 Tiere (3 Betr.)
Ø Kalbealter (H-KA)	<38 Monate	>38 Monate
Höhenlage des Betriebes (BH)	<60 m über NN	>60 m über NN
Breitengrad des Betriebes (BB)	<52,5°	>52,5°
Ø DSN Anteil (H-DSN%)	<25 %	>25 %
Ø Anteil Deckbulleneinsatz (H-DBK)	<30 %	>30 %

Die Schätzung der Varianzkomponenten und Heritabilitäten erfolgte univariat innerhalb der gebildeten Gruppen. Zur Schätzung von Kovarianzkomponenten und genetischen Korrelationen im gleichen Merkmal zwischen Gruppe 1 und 2 kamen bivariate Rechenläufe zur Anwendung. Die Charakterisierung und Gruppeneinteilung der Herden erfolgte immer unter Berücksichtigung beider genetischen Gruppen (DSN, HF). Dabei wurde für die Berechnungen mit dem Programmpaket DMU (Madsen & Jensen, 2000) folgendes statistisches Modell definiert:

$$Y_{ijklmno} = \mu + G_i + JS_j + P_k + B_l + Lakt_m + T_n + Ka_o + e_{ijklmno}$$

Mit: $Y_{ijklmno}$ = Beobachtung für lineare Testtagsmerkmale, μ = Mittelwert der Population, G_i = fixer Effekt für i-ten Genotyp (DSN, HF), JS_j = fixer Kombinationseffekt aus j-tem Jahr und Saison der Testtagsleistung (jeweils drei Monate für Saisoneinteilung), P_k = permanenter Umwelteffekt, B_l = fixer Effekt für l-ten Betrieb, $Lakt_m$ = fixer Effekt für m-te Laktation (1., 2., 3.), T_n = additiv genetischer Tiereffekt, Ka_o = Kalbealter der Kuh als Kovariable und $e_{ijklmno}$ = zufälliger Restfehler. Für die Gruppeneinteilung der Herden wurden auch genealogische Charakteristika wie Inzuchtkoeffizienten oder Genanteil der DSN-Gründerrasse berücksichtigt. Die Berechnung derartiger Kennzahlen erfolgte mit dem Softwareprogramm CFC (Sargolzaei et al., 2006). Bei der Festlegung der Schwellen zur Gruppenbildung wurde auf einheitliche Gruppengrößen der Gruppen 1 und 2 geachtet.

Ergebnisse

Die folgenden Tabellen (Tabelle 2, 3 und 4) zeigen die Ergebnisse der bivariaten Rechenläufe zur Schätzung genetischer Parameter für Milch-kg, SCS und FEQ am ersten Testtag innerhalb der Gruppen (Gr.) der Herdenparameter (Standardfehler der Erblichkeiten in allen Rechenläufen <0,03). Tabelle 5 beschreibt Genetische

Korrelationen im gleichen Merkmal zwischen Gruppe 1 und Gruppe 2 innerhalb definierter Herdenparameter.

Tabelle 2: Varianzkomponenten und Erblichkeiten für Milch-kg

Herdenparameter	σ_a^2		σ_e^2		σ_r^2		h^2	
	Gr. 1	Gr. 2	Gr. 1	Gr. 2	Gr. 1	Gr. 2	Gr. 1	Gr. 2
Gruppe								
H-Milch	4,44	7,48	0,00	3,25	21,14	27,73	0,17	0,19
H-SCC	5,44	5,19	2,58	0,34	24,52	26,02	0,17	0,16
H-Größe	4,70	6,61	0,00	4,39	23,21	25,26	0,17	0,18
H-KA	6,31	4,61	3,73	0,00	26,24	22,16	0,17	0,17
BH	5,01	6,01	0,66	2,60	25,08	25,23	0,16	0,18
BB	6,27	5,16	2,42	0,37	26,62	23,98	0,18	0,17
H-DSN%	4,42	6,36	0,70	1,96	25,82	25,67	0,14	0,19
H-DBK	5,71	5,21	2,58	0,11	27,16	23,72	0,16	0,18

SE für $h^2 < 0,03$

Tabelle 3: Varianzkomponenten und Erblichkeiten für SCS

Herdenparameter	σ_a^2		σ_e^2		σ_r^2		h^2	
	Gr. 1	Gr. 2	Gr. 1	Gr. 2	Gr. 1	Gr. 2	Gr. 1	Gr. 2
Gruppe								
H-Milch	0,16	0,29	0,21	0,17	2,84	2,53	0,05	0,10
H-SCC	0,30	0,18	0,19	0,14	2,35	3,07	0,10	0,05
H-Größe	0,18	0,35	0,12	0,21	2,91	2,42	0,06	0,12
H-KA	0,29	0,19	0,24	0,09	2,47	2,94	0,10	0,06
BH	0,18	0,29	0,21	0,10	2,77	2,64	0,06	0,10
BB	0,30	0,16	0,08	0,24	2,71	2,70	0,10	0,05
H-DSN%	0,19	0,34	0,08	0,21	2,92	2,48	0,06	0,11
H-DBK	0,19	0,27	0,19	0,15	2,59	2,83	0,06	0,08

SE für $h^2 < 0,03$

Tabelle 4: Varianzkomponenten und Erblichkeiten für FEQ

Herdenparameter	σ_a^2		σ_e^2		σ_r^2		h^2	
	Gr. 1	Gr. 2	Gr. 1	Gr. 2	Gr. 1	Gr. 2	Gr. 1	Gr. 2
Gruppe								
H-Milch	0,01	0,01	0,00	0,00	0,04	0,04	0,11	0,16
H-SCC	0,01	0,00	0,00	0,00	0,04	0,04	0,16	0,10
H-Größe	0,01	0,01	0,00	0,00	0,04	0,03	0,11	0,16
H-KA	0,01	0,00	0,00	0,00	0,04	0,04	0,17	0,09
BH	0,01	0,01	0,00	0,00	0,04	0,04	0,12	0,14
BB	0,01	0,01	0,00	0,00	0,04	0,04	0,14	0,13
H-DSN%	0,01	0,01	0,00	0,00	0,04	0,04	0,11	0,14
H-DBK	0,01	0,01	0,00	0,00	0,04	0,04	0,17	0,10

SE für $h^2 < 0,03$

Tabelle 5: Genetische Korrelationen zwischen Gruppe 1 und Gruppe 2

Herdenparameter	Milch-kg	Fett-%	Eiweiß-%	SCS	FEQ
H-Milch	1	1	1	1	1
H-SCC	1	0,89	1	0,97	0,79
H-Größe	1	0,67	1	0,63	0,75
H-KA	1	1	1	0,78	0,72
BH	0,94	1	1	0,37	0,98
BB	0,78	1	1	0,75	0,82
H-DSN%	1	1	0,74	0,14	0,91
H-DBK	1	0,37	0,57	0,49	0,43

SE für r_g 0,01-0,51

Diskussion

Generell liegen die additiv-genetischen Varianzen, Restvarianzen und Heritabilitäten für Milch-kg (Tabelle 2), SCS (Tabelle 3) und FEQ (Tabelle 4) für Tiere in DSN-Betrieben in der von HF-Studien bekannten Bandbreite. Es zeigten sich auf Basis der DSN-Daten deutliche Erblichkeitsunterschiede in Bezug zur Herdengröße. Analog zu reinem HF-Datenmaterial (König et al. 2008) stieg die additiv-genetische Varianz und die Erblichkeit mit der Betriebsgröße. Auch bei DSN scheint somit die Begründung zu gelten, dass in Großbetrieben aufgrund modernster Managementbedingungen genetische Unterschiede besser deutlich werden. Weiter argumentieren Schierenbeck et al. (2011), dass bei einem geringeren Leistungsniveau genetische Unterschiede weniger ausgeprägt seien, was auch in der vorliegenden DSN-Studie in Bezug zur Stratifizierung des Datenmaterials nach durchschnittlicher Herdenmilchleistung bestätigt wird. Die Korrelationen im gleichen Merkmal zwischen Gruppe 1 und Gruppe 2 innerhalb eines Herdenparameters lagen im Bereich von 0,14 bis 1,00 (Tabelle 5). Die meisten Korrelationen übertrafen somit den von Robertson (1959) definierten Richtwert (0,80), welcher als Indikator für Genotyp-Umwelt-Interaktionen (GxE) angesehen wird. Die niedrigsten genetischen Korrelationen ergaben sich für das funktionale Merkmal SCS, und hierbei insbesondere für die Gruppenbildung gemäß der Parameter H-Größe, H-KA, BH, BB und H-DSN%. Insbesondere die sehr niedrige genetische Korrelation von 0,14 bei Stratifizierung des Datenmaterials nach DSN-Genanteilen innerhalb der Herde lässt vermuten, dass neben der klassischen Umweltkomponente auch genetische Faktoren oder genomische Architekturen genetische Kovarianzen für das gleiche Merkmal, gemessen in verschiedenen Umwelten, beeinflussen. Hierzu gibt es bereits erste Ergebnisse basierend auf SNP-Markerdaten von Hochdurchsatztypisierungen, die es erlauben, Herden nach Allelfrequenzen oder Heterozygotieindizes zu gruppieren (Yin & König 2015).

Danksagung

The authors acknowledge the financial support for this project provided by transnational funding bodies, being partners of the FP7 ERA-net project, and the cofound from the European Commission.

Literatur

- Dillon P, Snijders S, Buckley F, Harris B, O'Connor P & Mee JF (2003) A comparison of different dairy cow breeds on a seasonal grass-based system of milk production: *Livest. Production Science*, 83: 35-42.
- König S, Brügemann K, Simianer H & Swalve HH (2008) Testherden in Zuchtprogrammen für Milchrinder. 2. Mitteilung: Strategien zur Findung von Testherden. *Züchtungskunde*, 80(2): 114-126.
- Madsen P & Jensen J (2000) A user's guide to DMU. A package for analysing multivariate mixed models. Danish Inst. of Agr. Sci., Denmark: 1-33.
- Robertson A (1959) The sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics* 15: 469-485.
- Sargolzaei M, Iwaisaki H & Colleau, JJ (2006) CFC - A Software Package for Pedigree Analysis and Monitoring Genetic Diversity. User's Manual. Release 1.0.
- Schierenbeck S, Reinhardt F, Reents R, Simianer H & König S (2011) Identification of informative cooperator herds for progeny testing based on yield deviations. *J. Dairy Sci.* 94: 2071-2082.
- Weigel KA & Rekaya, R (2000) A Multiple-Trait Herd Cluster Model for International Dairy Sire Evaluation. *J. Dairy Sci.* 83: 815-821.
- Yin T & König S (2016) Genetic relationships across different strata of data according to genomic herd descriptors. EAAP – 67th Annual Meeting, Belfast.