



Deutsches Schwarzbuntes Niederungs-rind Eine alte Rasse wird Gegenstand moderner Forschung

Saskia Meier

Das Deutsche Schwarzbunte Niederungs-rind (DSN) gilt als Ausgangsrasse der heute in der Milchviehhaltung vorherrschenden Rasse Deutsche Holstein. Nur noch knapp 1.400 Herdbuchkühe dieser vom Aussterben bedrohten Doppelnutzungsrasse werden in Brandenburg in acht Betrieben gehalten, deutschlandweit sind es ca. 2.700 Kühe. Demgegenüber steht eine Deutsche Holstein Population von 1,86 Millionen Herdbuchkühen.

Die Einführung der genomischen Zuchtwertschätzung feiert in der Deutschen Holstein-Population dieses Jahr bereits ihr 10jähriges Jubiläum. Die stark gesunkenen Typisierungskosten haben dazu geführt, dass die Lernstichprobe inzwischen um SNP-Informationen weiblicher Tiere ergänzt werden konnte.

Und wie steht es um die Typisierung von DSN?

Erste Untersuchungen nach Einführung der genomisch unterstützten Zuchtwerte haben ergeben, dass die DSN-Population genetisch zu weit von den heutigen Holsteins entfernt ist, um deren Lernstichprobe auf die DSN-Population zu übertragen. Aus diesem Grund wird in unserem DSN-Zuchtprogramm noch immer eine klassische Nachkommenprüfung durchgeführt und Zuchtwerte für Bullen erst mit ausreichend Töchterinformationen geschätzt.

Die Humboldt-Universität zu Berlin startete 2016 unter der Leitung von Frau Prof. Dr. Brockmann ein Forschungsprojekt zur „Verbesserung der Züchtung in der Rasse DSN“. Ziel des Projekts ist der Aufbau einer DNA-Datenbank mit rund 3.000 Kühen und Bullen sowie die anschließende Typisierung (50k oder 700k SNP Chip) oder komplette Sequenzierung des Genoms einzelner Tiere. In Kombination mit Phänotyp-Daten aus den Betrieben und der MLP konnten die genetischen Eigenschaften und Beson-



Die DNA des DSN-Vererbers Landvogt (Landgraf x Grietman), Züchter Agrar-genossenschaft Gräfendorf eG, wurde im Rahmen des Projekts sequenziert.

derheiten der Rasse untersucht werden. Derlei Untersuchungen beruhen auf statistischen Methoden, die große Stichprobenumfänge und ein hohes Maß an Genauigkeit in der Datenerfassung erfordern, um valide Ergebnisse zu erzielen.

Sequenzierung – Qualität und Quantität

Je kleiner eine Population ist, desto hochauflösender sollte das Genom untersucht werden. Da die Sequenzierung des kompletten Genoms (beim Rind 3 Milliarden Basenpaare) eines einzelnen Tieres zehn- bis zwanzigfach höhere Kosten als die Typisierung von lediglich 50.000 Markern im Genom verursacht, wurde zu Beginn des Projekts an einer Strategie gearbeitet, die SNP-Chip Daten auf Sequenzlänge zu imputieren. In der Arbeitsgruppe konnte ein Weg gefunden werden, wie mit hoher Genauigkeit in einem Schritt von 50k SNP Chip Daten

auf Sequenzlänge bei Rinderrassen mit begrenzter Populationsgröße imputiert werden können (Korkuč et al., 2019). Weiterhin wurden die für die Validierung dieser Methode sequenzierten DSN-Tiere Teil des „1000 Bull Genomes Project“ (<http://www.1000bullgenomes.com/>), einer Datenbank für Rinder-Sequenzdaten, das teilnehmenden Forschern weltweit die Möglichkeit zur Untersuchung des Rinder-Genoms bietet.

Anhand von Sequenzdaten der DSN-Population wurde auch die Untersuchung der Kasein-Varianten im Vergleich zu anderen Rinderrassen durchgeführt. Hier wurde nicht das gesamte Genom, sondern nur das etwa 250.000 Basenpaare umfassende Kasein-Cluster untersucht. Die vier Kasein-Gene mit ihren jeweiligen Varianten lassen sich zu einem Kasein-Haplotyp zusammenfassen. Anhand der Kasein-Haplotyp-Frequenz wurden die DSN mit anderen Rassen verglichen und ihre Ähnlichkeit in einem Dendrogramm dargestellt (Abbildung 1). Am ähnlichsten sind DSN hinsichtlich ihres Kasein-Haplotyps mit Danish Red, ebenfalls eine Doppelnutzungsrasse. Weiterhin konnte in dieser Studie die Existenz der β -Kasein-Variante *I* in DSN nachgewiesen werden. Dies war bei vorherigen Untersuchungen, in denen die Kaseinvarianten mittels isoelektrischer Fokussierung direkt in der Milch ermittelt werden, nicht möglich.

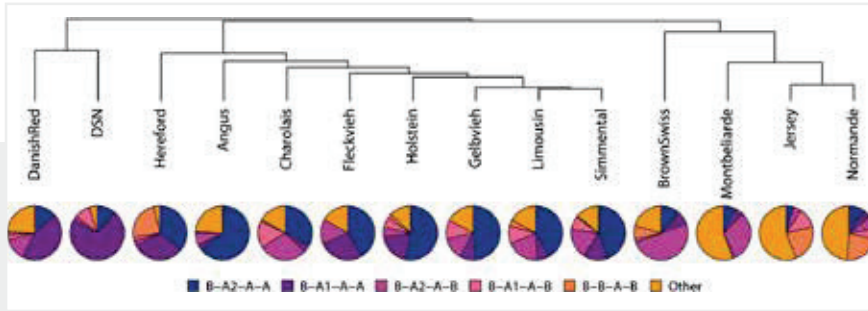


Abbildung 1: Kasein-Haplotyp-Analyse über alle vier Kasein-Gene (CSN1S1-CSN2-CSN1S2-CSN3) für die fünf häufigsten Kasein-Haplotypen. Die Bezeichnung erfolgt entsprechend der Variante des jeweiligen Kasein-Genes (aus Meier et al., 2019a).

Genomweite Assoziationsstudien

Um Bereiche im Genom von DSN-Rindern einzugrenzen, die für die Ausprägung bestimmter Merkmale verantwortlich sind, werden genomweite Assoziationsstudien durchgeführt. In einem Versuch konnten fünf SNP-Marker gefunden werden, die für eine geringere Mastitis-Inzidenz bei DSN verantwortlich sind (Abbildung 2). In der Nähe dieser Marker befinden sich 23 potenzielle Kandidatengene, die Einfluss auf die Häufigkeit klinischer Mastitiden haben könnten (Meier et al., 2020). Darunter *BMP1B*, ein Gen auf Chromosom 6, das in einer Studie von 2018 bereits mit einer *Staphylococcus aureus* Mastitis bei Kühen assoziiert wurde (Ju et al., 2018). Weiterhin konnten SNP-Marker gefunden werden, die für Milchmenge und Milch Inhaltsstoffe relevant sind. An der Veröffentlichung dieser Studie wird derzeit gearbeitet. Die Ergebnisse aus diesen Untersuchungen können dazu genutzt werden, Besamungsbullen anhand der gewünschten Allele auf den bekannten Markern zu selektieren und damit günstige Eigenschaften (niedrigere Mas-

tisanfälligkeit, hohe Inhaltsstoffe, höhere Milchmenge) in der Population zu verfestigen.

Die Ökonomie im Blick

In Anlehnung an den ökonomischen Zuchtwerte RZ€ für die Deutschen Holsteins wurde eine Übertragung der Methodik auf die Rasse DSN erarbeitet, die zusätzlich die Daten aus der Schlachtleistung der Jungbullen berücksichtigt, um den ökonomischen Wert der Doppelnutzung einzubeziehen. Auch Jungbullen zur Produktion hochwertigen Rindfleisches wurden inzwischen beprobt, um ihre DNA-Varianten mit den erzielten Schlachtmerkmalen (Schlachtgewicht und tägliche Zunahme, Fleisch- und Fettklasse) zu assoziieren und zukünftig Marker für die Fleischmerkmale in dieser Doppelnutzungsrasse zu liefern.

Ausblick

Von einer genomischen Zuchtwertschätzung, wie sie in der Rasse Deutsche Holstein realisiert wurde, sind die DSN-Züchter noch ein Stück weit ent-

fernt. Daran wird jedoch zielstrebig gearbeitet. Mit den vorliegenden Forschungsergebnissen ist ein erster großer Schritt gemacht, um die Züchtung in der Rasse an moderne Techniken wie der Typisierung weiblicher und männlicher Tiere heranzuführen.

Für die Zukunft steht die genetische Untersuchung weiterer Merkmale (z.B. Exterieur, Fleischleistung, Kalb bewerte) in den Startlöchern. Neben dem unermüdlichen Engagement der DSN-Züchter, die sich in unserem Zuchtgebiet im Verein Genreserve „Deutsches Schwarzbuntes Niederungs-rind“ e.V. unter dem Vorsitz von Michael Jänsch organisieren und einen stetigen Erfahrungsaustausch pflegen, kann dieses Projekt einen Beitrag zum Erhalt dieser kulturell bedeutenden Rasse leisten.

Förderhinweis

BÖLN

Bundesprogramm Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft

Das Projekt wurde von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Bundesprogramm Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft (BÖLN) gefördert (Fördernummer 2815NA010).

Veröffentlichungen im

Zusammenhang mit dem DSN-Projekt:

Korkuč P, Arends D and Brockmann GA (2019) Finding the Optimal Imputation Strategy for Small Cattle Populations. *Front. Genet.* 10:52. doi: 10.3389/fgene.2019.00052
 Meier S, Korkuč P, Arends D and Brockmann GA (2019a) DNA Sequence Variants and Protein Haplotypes of Casein Genes in German Black Pied Cattle (DSN). *Front. Genet.* 10:1129. doi: 10.3389/fgene.2019.01129
 Meier S, Arends D, Korkuč P, Brockmann GA (2019b) Marker zur Verbesserung der Eutergesundheit in der Genreserve-Population „Deutsches Schwarzbuntes Niederungs-rind“ (DSN). Vortragstagung der DGfZ und GfT am 11./12. September 2019, Gießen.
 Meier S, Arends D, Korkuč P, Neumann GB, Brockmann GA (2020) A genome-wide association study for clinical mastitis in the dual-purpose DSN cattle breed. *Journal of Dairy Science*, accepted.

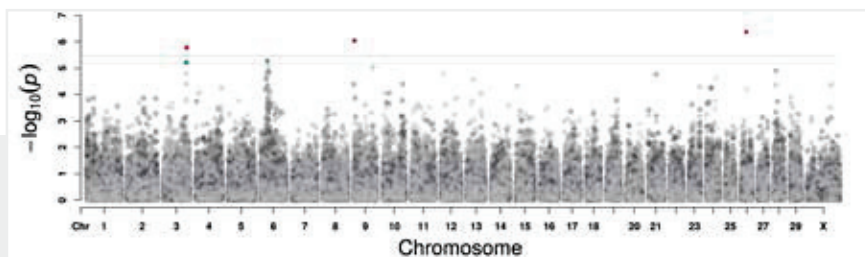


Abbildung 2: In einer genomweiten Assoziationsstudie werden die Ergebnisse in Manhattan-Plots dargestellt. Hier werden die Ergebnisse aus der Analyse für Marker mit Einfluss auf das Merkmal klinische Mastitis in DSN gezeigt. Fünf Marker auf den Chromosomen 3, 6, 9 und 26 erreichen das Signifikanzniveau $\alpha < 0.10$ (blau) bzw. $\alpha < 0.05$ (rot) (nach Meier et al., 2020).