

## Ergebnisse aus der Wissenschaft

Autoren: Prof. Dr. Gudrun A. Brockmann, Dr. Paula Korkuć, Dr. Saskia Meier, Guilherme Neumann (Humboldt-Universität zu Berlin)

Das Deutsche Schwarzbunte Niederungsgrind (DSN) steht aufgrund seines kulturellen Wertes als ein genealogischer Vorfahre aller heutigen Schwarzbunten Milchrinder und seines Beitrags zur Diversität der Rinderrassen im Fokus wissenschaftlicher Arbeiten an der Humboldt-Universität zu Berlin sowie der Justus-Liebig-Universität Gießen. Die Forschung zur Verbesserung der Züchtung in der Rasse DSN als ein Beitrag zur Erhaltung der gefährdeten Nutztier rasse wurde permanent vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft gefördert. Die wichtigsten Erkenntnisse dieser Forschungen sind nachfolgend zusammengefasst.

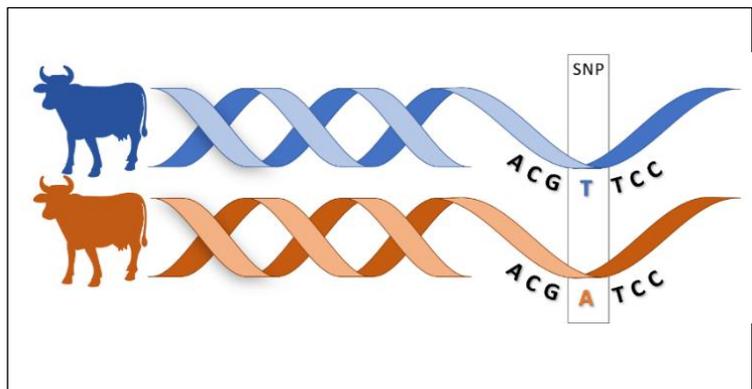
### Genomische Information von DSN

Die Zuchtarbeit hat das Ziel, die vorhandenen Genvarianten dieser Rasse im Sinne einer Genreservehaltung zu sichern bei gleichzeitiger züchterischer Verbesserung der Rasse. Die aktuelle DSN-Population zählt ca. 2.600 Herdbuch-Kühe in Deutschland.

Seit Beginn des DSN-Projekts 2016 an der Humboldt Universität zu Berlin unter der Leitung von Prof. Dr. Gudrun Brockmann wurden Dank der Kooperation mit den beteiligten Züchtern 3.700 DNA-Proben von DSN-Tieren gesammelt. Damit wurde über die letzten 6 Jahre das Erbgut der gesamten reinrassigen DSN-Population in einer Gewebe- und DNA-Datenbank konserviert. Die Proben stammen aus neun Betrieben: den Agrargenossenschaften Gräfendorf, Züllsdorf, Beyern und Strodehne, der Agrar GmbH Lebusa, dem Gut Ogrosen, dem Gut Kerkow, dem Demeterhof Rittgarten und der Hessischen Staatsdomäne Frankenhausen. Hauptsächlich aus Ohrstanzproben von Kühen und Kälbern, aber auch aus Blut, Haarwurzeln oder Sperma von Bullen wurde DNA in hoher Qualität isoliert, die für Sequenzierungen des gesamten Rindergenoms oder Genotypisierungen mittels SNP-Chips verwendet wurde.

Bisher wurden 302 DSN Tiere über das gesamte Genom sequenziert. Diese Tiere umfassen alle Zuchtbullen und Kühe, die im Stammbaum der heutigen Population eine zentrale Stellung haben. Die Gesamtgenomsequenz des Rindes besteht aus zirka 3 Milliarden Basenpaaren. Durch den Vergleich der DNA-Sequenzdaten können Unterschiede zwischen Tieren innerhalb der Rasse und zwischen DSN und anderen Rassen gefunden werden.

Die Unterschiede sind hauptsächlich Einzelnukleotidpolymorphismen, die im Englischen „single nucleotide polymorphisms“ heißen und als SNPs abgekürzt werden (Abbildung 51). Beim Vergleich der Sequenzen der 302 DSN-Tiere zum Referenzgenom wurden 21 Millionen SNPs identifiziert. Unter Verwendung dieser Information haben wir zusammen mit der Universität Gießen und der Firma Thermo Fisher Scientific den DSN200K Chip entwickelt, der 182.000 DSN-spezifische SNPs trägt.



**Abbildung 51**

Ein Unterschied in der Nukleotidsequenz der DNA wird als SNP (dt. Einzelnukleotidpolymorphismus) bezeichnet. Das Genom eines Rindes besteht aus 3 Milliarden Basenpaaren. Je näher einzelne Tiere oder gar Rassen miteinander verwandt sind, desto weniger Unterschiede kann man identifizieren.

Weitere 3.400 DSN-Tiere wurden mit SNP Chips genotypisiert, die nur einen Teil der SNPs tragen. Etwa 1.850 Tiere wurden mit dem Illumina BovineSNP50 SNP-Chip, der 54.000 SNPs trägt, genotypisiert, 50 Tiere mit dem Illumina BovineHD SNP-Chip, der 777.000 SNPs enthält, und etwa 1500 Tiere mit dem selbst entwickelten DSN200K SNP-Chip, der 182.000 SNPs enthält. In die Genotypen dieser 3.400 Tiere wurden dann die 21 Millionen SNPs, die mittels der Sequenzdaten identifiziert wurden, computergestützt eingefügt. Dieser Prozess wird auch als Imputierung (Einfügen) von SNPs bezeichnet. Somit stehen etwa 3.700 Tiere mit Gesamtgenomsequenzdaten für weitere Analysen zur Verfügung.

**Infobox**

Basenpaar	Die DNA ist ein doppelsträngiges Molekül, bei dem zwei gegenüberliegende Nukleotide, die auch Basen genannt werden, ein Paar bilden. Die Abkürzung für Basenpaar ist bp. 1.000.000 Basenpaare (bp) werden als 1 Mb (Mega-Basenpaare) abgekürzt.
DNA	Die Desoxyribonukleinsäure (engl. deoxyribonucleic acid) ist eine Sequenz von unterschiedlichen Desoxyribonukleotiden (kurz: Nukleotiden), die die Erbinformation bei allen Lebewesen trägt.
Genom	Gesamtheit der DNA eines Lebewesens, die im Zellkern jeder Zelle vorkommt. Es besteht beim Rind aus ungefähr 3 Milliarden Basenpaaren und wird auch als Gesamtgenomsequenz bezeichnet.
Imputierung	SNPs aus Gesamtgenomsequenzdaten können in SNP-Chip-Datensätze, die weniger SNPs enthalten, computergestützt eingefügt (imputiert) werden.
SNP	Einzelnukleotidpolymorphismus (engl. single nucleotide polymorphism); Unterschied in der DNA an einer einzigen Position.
SNP-Chip	Trägermaterial, auf dem eine begrenzte Zahl von kurzen DNA-Stücken fixiert ist, mit denen SNPs nachgewiesen werden können. Ein üblicher SNP-Chip enthält 50.000 SNPs (50K).

**Reinzucht und Diversität in der lebenden DSN-Population**

Zu den Zuchtzielen in der Rasse DSN gehören, die Inzucht zu minimieren und den Holstein-Genanteil auf max. 10 % zu begrenzen. Um dieses Ziel zu testen, wurden vergleichende Analysen der Sequenzdaten von 302 DSN- und 150 Holstein-Tieren gemacht.

Die genomische Inzucht wurde sowohl als Überschuss der Reinerbigkeit oder Homozygotie ( $F_{\text{HOM}}$ ) als auch über das Auftreten unterschiedlich langer homozygoter Segmente (1 Mb, 2 Mb, 4 Mb) im Genom ( $F_{\text{ROH}}$ , ROH „runs of homozygosity“) beurteilt. Je höher die entsprechenden F-Werte als Parameter der Homozygotie sind, desto höher ist die Inzucht. Je länger ein homozygoter Segment im Genom ist, desto kürzer liegt das Inzucht-Ereignis zurück. Im Vergleich zu Holstein haben wir in der DSN-Population einen geringeren Überschuss der Homozygotie ( $F_{\text{HOM}}$ ) und auch geringere Werte basierend auf den ROHs ( $F_{\text{ROH}}$ ) nachgewiesen (Tabelle 24).

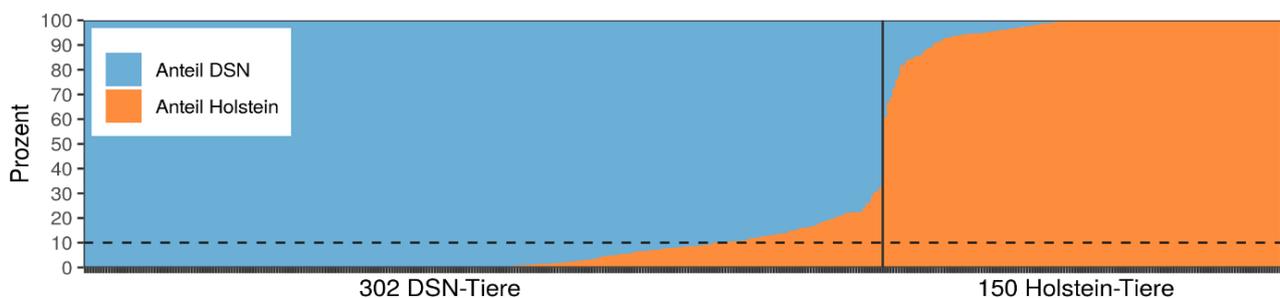
Die Diversität innerhalb der DSN-Population wurde auf dem genomischen Level als Nukleotiddiversität ( $\pi_{\text{total}}$ ) und als beobachtete Heterozygotie (Ho) bewertet. Geringe Werte deuten auf eine geringe genetische Variabilität hin. Der Vergleich von DSN zu Holstein zeigt, dass sowohl die Nukleotiddiversität ( $\pi_{\text{total}}$ ) als auch die beobachtete Heterozygotie (Ho) bei DSN höher sind (Tabelle 24). Das ist der Nachweis für eine höhere Diversität im Genom der DSN-Tiere verglichen mit Holsteins.

DSN-Tiere lassen sich als eine eigenständige Rasse genomisch klar von den Holsteins abgrenzen. Dies ist in der Strukturanalyse mit der Software fastStructure sichtbar (Abbildung 52). Der Anteil von Holstein im Genom der DSN-Population liegt unter 10 %, mit Ausnahmen von Kühen aus der Hessischen Staatsdomäne Frankenhausen.

**Tabelle 24**

Vergleich der genomischen Inzucht und genetischen Diversität zwischen DSN und Holstein. Die mittleren Werte sind in Prozent dargestellt und die dazugehörige Standardabweichung steht in Klammern.

	DSN	Holstein
Genomische Inzucht (%)		
Überschuss der Homozygotie ( $F_{\text{HOM}}$ )	2,7 (2,7)	6,4 (7,0)
> 1 Mb	4,8 (2,5)	8,2 (3,5)
Inzuchtkoeffizient ( $F_{\text{ROH}}$ )		
> 2 Mb	2,9 (1,9)	5,4 (2,8)
> 4 Mb	1,1 (1,0)	2,5 (1,7)
Genetische Diversität (%)		
Nukleotiddiversität ( $\pi_{\text{total}}$ )	0,152 (0,012)	0,148 (0,013)
Beobachtete Heterozygotie (Ho)	22,4 (0,9)	21,2 (1,9)



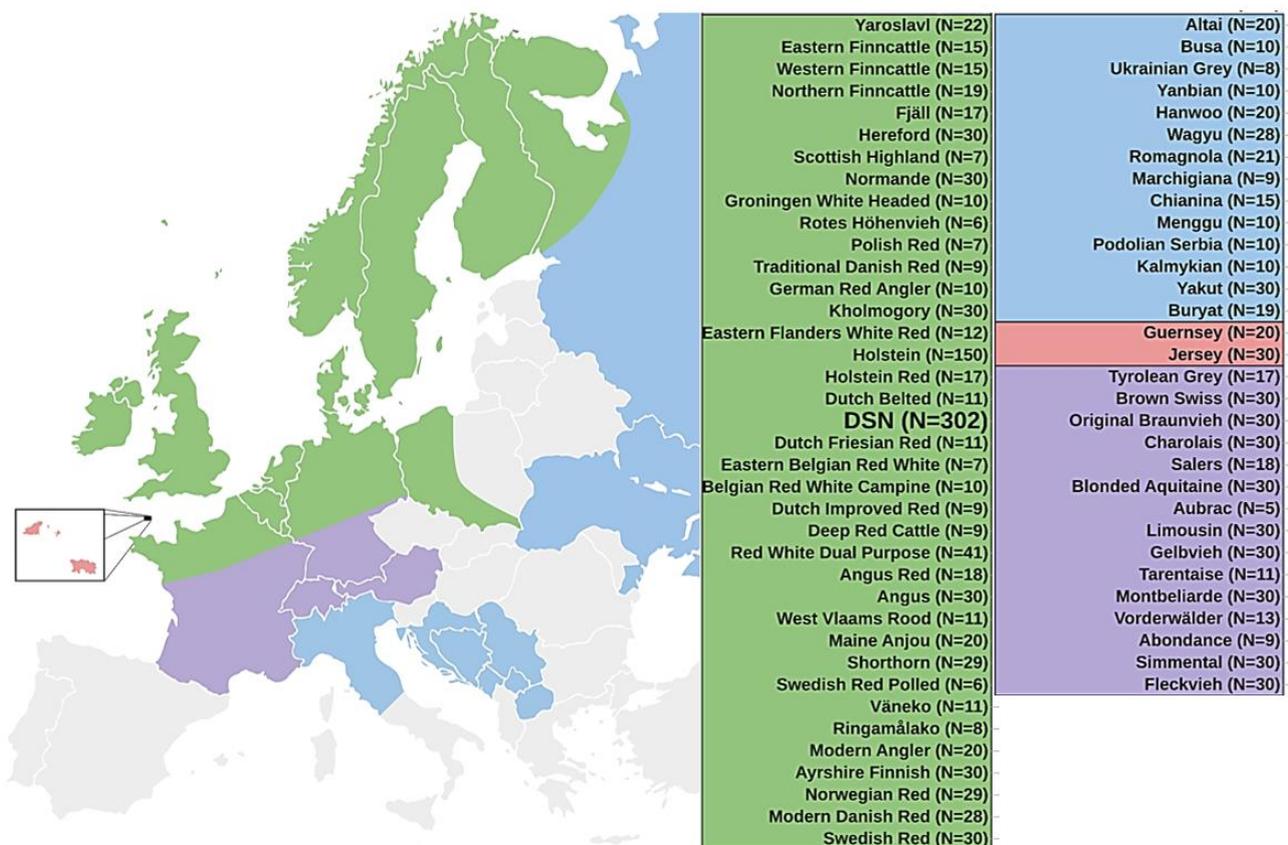
**Abbildung 52:** Strukturanalyse von 302 DSN und 150 Holstein basierend auf Sequenzdaten. Der Holstein-Anteil in DSN ist gering. DSN-Tiere mit über 10 % Holstein-Anteil (gestrichelte Linie) stammen maßgeblich aus der Hessischen Staatsdomäne Frankenhausen.

Die Ergebnisse der geringen genomischen Inzucht, der hohe Diversität und des geringen Holstein-Anteils unter 10% weisen auf eine gute Zuchtarbeit in DSN trotz der kleinen Populationsgröße.

Für die Zucht ist der Ausschluss rezessiv vererbter Gendefekte relevant. In Holsteins ist beispielsweise der Haplotyps 5 (HH5) bekannt. Dieser Haplotyp führt zu einer Deletion des Gens *TFB1M* (*Transcription Factor B1, Mitochondrial*), das essentiell für die Synthese und Funktion von Mitochondrien, den Energielieferanten der Zellen, ist. Bei heterozygoten Kühen, die mit einem HH5-Träger angepaart werden, kann es zum Abbruch der Trächtigkeit vor dem 60. Tag kommen. In den Sequenzdaten von DSN wurde HH5 und damit der Erbdefekt nicht gefunden.

### Verwandtschaft von DSN zu anderen Rinderrassen

Unter Verwendung von Gesamtgenomsequenzdaten haben wir die Verwandtschaft unserer 302 sequenzierten DSN-Tiere und 1092 weiteren Tieren von 68 anderen Rinderrassen visualisiert. Die anderen Rinderrassen stammen aus dem 1000-Bullengenome-Projekt, einem internationalen Projekt zum Sammeln und Untersuchen der Gesamtgenomsequenzdaten von mindestens 1000 Rindern.



**Abbildung 53**

Die vier sichtbaren Cluster können geografischen Regionen zugeordnet werden.

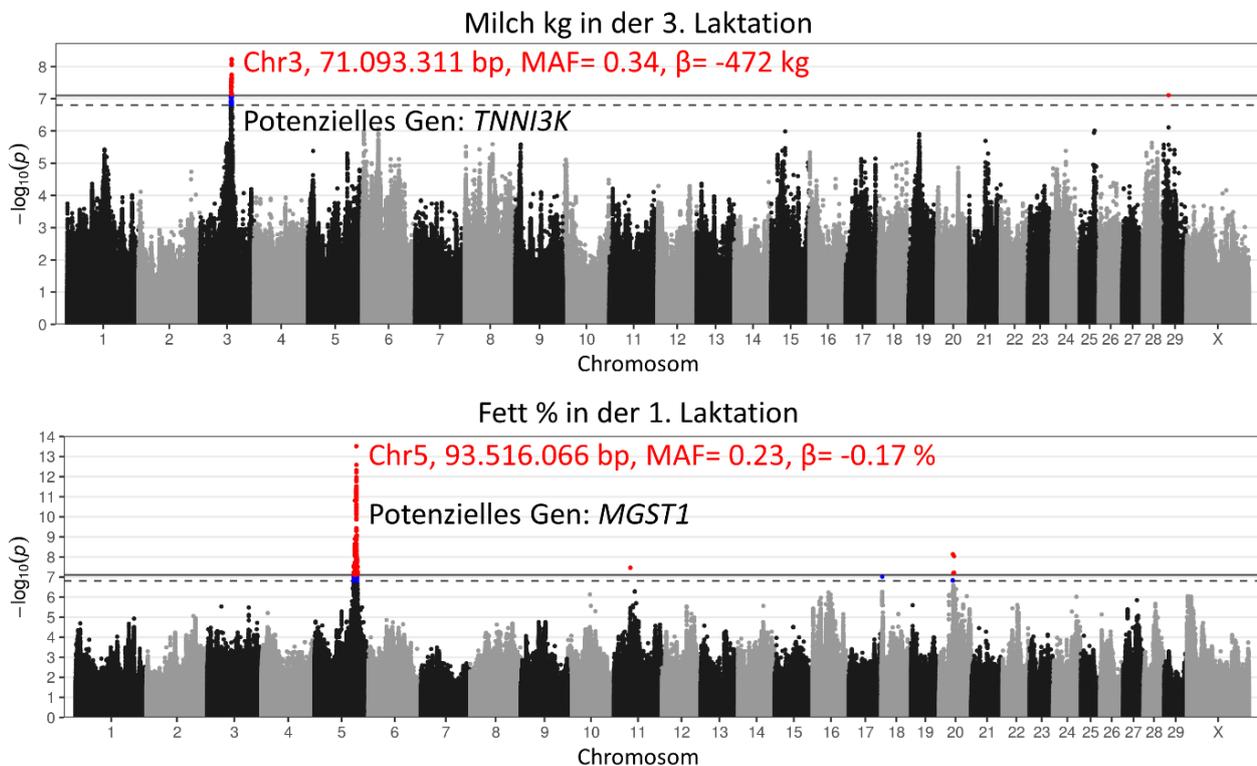
Im grünen Cluster befindet sich die Rasse DSN.

Die in der Analyse verwendeten verschiedenen Rassen lassen sich grob in vier geografische Regionen einteilen (Abbildung 53): Die meisten Rassen inklusive DSN und Holstein stammen aus Nordeuropa (grün). Das Cluster aus Zentraleuropa (violett) umfasst hauptsächlich Doppelnutzungsrassen aus bergigen Regionen in Österreich, der Schweiz, sowie dem Süden Deutschlands und Frankreichs. Jersey und Guernsey bilden ein separates Cluster (rot). Das vierte Cluster umfasst die restlichen Rassen aus Asien, Italien und Osteuropa (blau). Einschränkend wollen wir hier ergänzen, dass die Verwandtschaftsübersicht unvollständig ist, da nur Rassen in die Analyse eingeflossen sind, von denen Sequenzinformation im 1000-Bullengenome-Projekt vorhanden waren.

Die Rassen mit der höchsten Verwandtschaft zu DSN sind Dutch Friesian Red, Dutch Belted, Holsteins, Eastern Flandern White Red. Diese Rassen stammen aus Deutschland, den Niederlanden und Belgien, Ländern um den Nordseeraum. Kholmogory aus Russland geht auf Rinder aus den Niederlanden zurück. Die nahe genomische Verwandtschaft spiegelt damit die geografische Nähe wieder, die den Handel mit Rindern begünstigt hat.

## Genetische Assoziationen mit Milchleistungsdaten

Eine genomweite Assoziationsanalyse (GWAS) basierend auf 2.160 DSN-Kühen und Sequenzdaten mit 11,7 Millionen informativen SNPs identifizierte 2.077 SNPs, die mit Milchleistungsmerkmalen assoziiert sind. Die assoziierten SNPs konnten zu 14 Regionen auf 10 Chromosomen zusammengefasst werden. Signifikante genetische Effekte wurden u.a. für die Milchmenge in der 3. Laktation auf Chromosom 3 und für den Fettgehalt in der 1. Laktation auf Chromosom 5 gefunden (Abbildung 54).



**Abbildung 54:** Genomweite Assoziationen mit Milchmenge in der 3. Laktation (oben) und dem Fettgehalt in der 1. Laktation (unten). Die signifikanten SNPs (rot) bilden „Wolkenkratzer“ in diesem sogenannten Manhattan-Plot und deuten auf chromosomale Regionen, in denen Gene liegen, die das untersuchte Merkmal beeinflussen.

Das unvorteilhafte SNP-Allel auf Chromosom 3 hat eine Frequenz von 0.34 in DSN und verringert die Milchleistung in der 3. Laktation um 472 kg. Anhand der Sequenzdaten konnten in dieser Region vier Kandidatengene favorisiert werden, darunter ist das Gen *TNNI3K* (*Troponin I Interacting Kinase*) das wahrscheinlichste Kandidatengen. Dieses Gen kodiert für ein Protein, das Bestandteil des Herzmuskels ist. Es wurde beim Menschen mit der Körpergröße in jungen Jahren und dem Body Mass Index assoziiert. DSN-Tiere tragen in diesem Gen zwei Mutation, die zu einer Änderung der Aminosäure führen, wodurch das *TNNI3K* Protein möglicherweise weniger wirksam ist. Die regulatorisch wirkenden Nachbargene *FPGT* (*Fucose-1-Phosphate Guanylyltransferase*) und *LRRIQ3* (*Leucine Rich Repeats And IQ Motif Containing 3*) scheinen mit dem Gen *TNNI3K* gekoppelt zu sein, könnten aber auch einzeln an der Merkmalsausprägung beteiligt sein.

Das unvorteilhafte SNP-Allele auf Chromosom 5 hat in DSN eine Frequenz von 0.23 und verringert den Fettgehalt in der 1. Laktation um 0.17 %. In dieser Region ist *MGST1* (*Microsomal Glutathione S-Transferase 1*) mit der höchsten Signifikanz das wahrscheinlichste Kandidatengen. Dieses Gen beeinflusst die Synthese und Sekretion von Lipiden und wurde bereits in der Rasse Holstein mit dem Fettgehalt der Milch assoziiert. Die Gene *LMO3* (*LIM Domain Only 3*) und *SLC15A5* (*Solute Carrier Family 15 Member 5*) stehen in Kopplung mit *MGST1* und könnten auch ursächliche Mutationen mit Einfluss auf den Fettgehalt enthalten.

Die unvorteilhaften Allele von *TNNI3K*, *MGST1* und den Kaseingenen in DSN sind bekannt. Die entsprechenden SNP-Marker können zur Selektion auf bessere Milchleistung genutzt werden.

Die Region der Kaseingene auf Chromosom 6, die in anderen Rinderrassen die Milchmenge und -zusammensetzung beeinflusst, weist auch in DSN signifikante Assoziationen auf. Interessant ist, dass das Gen *DGAT1* (*Diacylglycerol O-*

*Acyltransferase 1*), das die Milchmenge sowie -zusammensetzung in Holstein signifikant beeinflusst, in DSN keine Rolle spielt. Aufgrund der nahen Verwandtschaft von DSN zu Holstein ist überraschend, dass die kausale *DGAT1*-Mutation K232A in DSN nur eine geringe Frequenz von 2,8 % hat und daher keine Assoziation aufweisen kann.

### Assoziationen mit Fleischleistungsmerkmalen

DSN ist eine Zweinutzungsrasse. Hier sind die weiblichen Tiere fleischiger und die Jungbullen werden zur Mast genutzt. Damit der Doppelnutzungstyp der Rasse DSN erhalten bleibt sollen genetische Marker gefunden werden, die das Risiko minimieren, dass die Verbesserung der Milchleistung durch gekoppelte Vererbung zur negativen Beeinflussung der Fleischleistung führt. Für diese Untersuchungen werden Schlachtdaten von gemästeten Jungbullen und abgehenden Kühen erhoben. Erste Korrelationsanalysen zeigen, dass sowohl bei Bullen als auch bei Kühen die Fleischigkeitsklasse mit dem Schlachtkörpergewicht signifikant korreliert. Da die Kühe aus unterschiedlichen Gründen und in unterschiedlichem Alter zum Schlachten gehen, lassen sich die Einflussfaktoren auf das Schlachtgewicht nur schwer kontrollieren. Die Schlachtdaten sind deshalb nur begrenzt nutzbar. Für die Jungbullen sollen möglichst zusätzlich verlässliche Daten zum Wachstum und Fleischansatz erhoben werden, die dann für genomweite Assoziationsanalysen verwendet werden können.

### Assoziationen mit Gesundheitsmerkmalen

Bei den Gesundheitsdaten wurde der Fokus auf Mastitis gelegt. In einer genomweiten Assoziationsstudie mit ca. 1000 Tieren der zwei größten DSN-Betriebe wurden 5 Marker identifiziert, die signifikant mit klinischer Mastitis assoziiert waren. Diese Marker sind für 1-3 % der Varianz von klinischer Mastitis in der untersuchten DSN-Population verantwortlich. Ein Marker befindet sich direkt im Gen *NEURL1* (*Neutralized E3 Ubiquitin Protein Ligase 1*) auf Chromosom 26. Die anderen vier liegen in intergenischen Regionen auf den Chromosomen 3, 6, und 9. Die Regionen um das Gen *BMPRI1B* (*Bone Morphogenetic Protein Receptor Type 1B*) auf Chromosom 6 wurde bereits mit klinischer Mastitis in anderen Milchrindrassen assoziiert. Die signifikanten Marker könnten zur gezielten Reduktion von Mastitiserkrankungen in der DSN-Population eingesetzt werden.

In Zusammenarbeit mit der Universität Gießen wurden Fruchtbarkeits- und Gesundheitsmerkmale von ca. 1,900 DSN Kühen durchgeführt. In dieser Studie wurden 40 Sequenzvarianten für Fruchtbarkeitsmerkmale und 61 für Gesundheitsmerkmalen identifiziert und dazugehörige Kandidatengene und Stoffwechselwege aufgezeigt. Für Endoparasitenresistenz wurden 200 Kandidatengene gefunden, die zu 16 Stoffwechselwegen der direkten Immunantwort gehören. Nachfolgende Analysen werden jedoch benötigt, um die Anzahl der Kandidatengene zu reduzieren.

### Ökonomischer Zuchtwert für DSN

Der ökonomische Zuchtwert gibt in Euro an, wie hoch der Grenzgewinn oder -verlust auf die Lebensdauer einer DSN-Kuh gerechnet ausfällt. In Anlehnung an den ökonomischen Zuchtwert (RZ€) für die Deutsche Holstein Population wurde eine Methode entwickelt, um für DSN ebenfalls einen ökonomischen Zuchtwert zu berechnen. Der „DSN Net Merit“ beinhaltet neben der Milchleistung (DSN Net Milk) und den Fitnessmerkmalen (DSN Net Fitness) auch die für eine Doppelnutzungsrasse wichtige Fleischleistung (DSN Net Beef).

In den DSN Net Milk fließen die Milchinhaltsstoffe Protein und Fett sowie die produzierte Laktose-Menge ein. Im DSN Net Fitness sind die Zuchtwerte der Fruchtbarkeits- und Kalbmerkmale sowie Kälberfitness enthalten, jedoch keine Gesundheitszuchtwerte, da diese aktuell für DSN noch nicht zur Verfügung stehen. In den DSN Net Beef fließen die Merkmale der Fleischleistung ein, die aus Schlachtleistungsdaten erhoben wurden.

Der Milchleistung wird mit 53 % das höchste ökonomische Gewicht beigemessen, gefolgt von den Fitness-Parametern mit 43 % und der Fleischleistung mit lediglich 4 % (Abbildung 55). Besonders deutlich unterscheiden sich die Werte zwischen Milch und Fleisch in ihrer Spannweite. So reicht der DSN Net Milk bei 37 DSN-Bullen aus der Zuchtwertschätzung Dezember 2020 von -981 bis +669 Euro, der DSN Net Beef jedoch nur von -83 bis +76 Euro. Der DSN Net Merit reicht zur ZWS Dezember 2020 von -1.017 bis +845 Euro. Der Bulle Landvogt mit einem DSN Net Merit von +463 Euro auf (Tabelle 25) bringt dem Betrieb über die Lebensdauer einer Kuh (etwa 3 Laktationen) einen Mehrerlös von 463 Euro/Nachkomme. Die in Tabelle 25 präsentierten Bullen weisen in allen drei Kategorien eine positive ökonomische Vererbungsleistung vor. Das ist besonders erwähnenswert, da Merkmale der Fleischleistung (hohe Zunahmen, hohe Bemuskelung) eher negativ mit einer hohen Milchleistung oder auch Kalbmerkmalen, die im Fitness-Index enthalten sind, korrelieren.



Der DSN Net Merit wird momentan noch nicht routinemäßig geschätzt. Dazu wäre ein kontinuierlicher Datenfluss für die Schlachtkörpermerkmale der Jungbullen erforderlich. Die vorgestellte Methodik liefert jedoch einen ersten Ansatz, wie ein ökonomischer Zuchtwert unter den gegebenen Bedingungen für die Doppelnutzungsrasse DSN ausfallen könnte.

**Abbildung 55**

DSN Net Merit aufgeschlüsselt nach den prozentualen Anteilen für Milch, Fitness und Fleisch.

**Tabelle 25**

DSN-Bullen mit einem positiven ökonomischen Vererbungsprofil (Stand ZWS 12/2020).

Name	HB-Nr.	DSN Net Merit	DSN Net Milk	DSN Net Fitness	DSN Net Beef
Martini	815818	+845	+635	+184	+26
Semper	815802	+693	+459	+205	+29
Relachs	815792	+533	+466	+55	+12
Landvogt	815826	+463	+362	+62	+39
Hermes	815804	+430	+380	+39	+12

### Aufgabe und Herausforderung

Die besondere Herausforderung für die kleine Population der DSN besteht darin, die wissenschaftlichen Erkenntnisse in die praktische Zucht zu überführen und für die DSN-Betriebe nutzbar zu machen.

Seit Januar 2022 werden die genomischen Daten für die zeitnahe Überprüfung der Abstammung genutzt. Die im DSN-Projekt generierten DSN-Genotypen von Kühen und Bullen werden direkt an die Vereinigten Informationssysteme Tierhaltung w.V. (vit) übergeben, sodass dort die Überprüfung der Abstammung stattfinden kann. Außerdem sind Informationen z.B. über Kaseinvarianten abrufbar.

SNPs, die hoch signifikant sind und einen großen Effekt haben, sind züchterisch besonders wertvoll. Solche Top-SNPs haben wir in der Rasse DSN für die Milchleistung und -zusammensetzung, das Auftreten von Mastitis, Endoparasiten und Fruchtbarkeit identifiziert. Die kleine Population macht jedoch die gleichzeitige und wiederholte Selektion auf mehrere positive Allele oder gegen negative Allele bei Minimierung der Inzucht und Beibehaltung des Zweinutzungstyps nahezu unmöglich.

Die genetischen Informationen sollen maßgeblich verwendet werden, um potentiell neue Zuchtbullen aus phänotypisch ähnlichen Populationen vorzuselektieren. Dafür ist es notwendig, die potentiellen Zuchtbullen zu genotypisieren, um Ihre Genotypeninformationen mit den vorliegenden Kenntnissen abzugleichen. So könnte ein Beitrag zur züchterischen Verbesserung der Population bei gleichzeitiger Erhöhung der Vielfalt des Genpools geleistet werden.

Um längerfristig die Kosten für die Genotypisierung zu senken, könnten die relevanten Top-SNPs in DSN auf dem am meisten verwendeten Illumina SNP-Chip oder dem EuroG MD SNP-Chip der Firma EuroGenomics ergänzt werden. Weitere Analysen sind notwendig, um potentiell negative Korrelationen zwischen Merkmalen zu identifizieren. Mit den hier dargestellten Ergebnissen wurden die Vorbereitungen für eine Züchtung gelegt, die durch genomische Selektion auf der Grundlage von genomischer Zuchtwertschätzung unterstützt wird.

Ein besonderer Dank geht an die DSN-Betriebe, die mit der umfangreichen Datenlieferung die Anfertigung dieser Studien ermöglicht haben und engagiert zum Erhalt der Rasse beitragen.

## Chronologische Forschungsübersicht in DSN



### **Imputation** (Humboldt Universität zu Berlin)

Entwicklung einer Imputationsstrategie von 50K auf Sequenzniveau für kleine Populationen (Korkuć et al., 2019, *Frontiers in Genetics*).



### **Milchproduktion** (Humboldt Universität zu Berlin)

Die Sequenzvarianten des Kaseinclusters wurden in DSN untersucht (Meier et al., 2019, *Frontiers in Genetics*). In einer genomweiten Assoziationsanalyse wurden Loci identifiziert, die die Milchleistung in DSN beeinflussen (Korkuć et al., 2021, *Frontiers in Genetics*).



### **Endoparasitenresistenz** (Justus-Liebig-Universität Gießen)

In einer genomweiten Assoziationsanalyse wurden Loci für Endoparasitenresistenz identifiziert (May et al., 2019, *BMC Genomics*).



### **Mastitisresistenz** (Humboldt Universität zu Berlin)

Es wurden genetische Loci für klinische Mastitis in einer genomweiten Assoziationsanalyse identifiziert (Meier et al., 2020, *Journal of Dairy Science*).



### **Ökonomie** (Humboldt Universität zu Berlin)

Ein ökonomischer Zuchtwert für DSN wurde äquivalent zu dem von Holstein entwickelt (Meier et al., 2021, *Agriculture*).



### **Fruchtbarkeit** (Justus-Liebig-Universität Gießen)

In einer genomweiten Assoziationsanalyse wurden Loci für Fruchtbarkeits- und andere Phänotypen identifiziert (Wolf et al., 2021, *Genes*).



### **DSN-spezifischer SNP-Chip** (Humboldt Universität zu Berlin + Justus-Liebig-Universität Gießen)

Design und Evaluierung eines DSN-spezifischen SNP-Chips mit 182K SNPs (Neumann et al., 2021, *BMC Genomics*).



### **Diversität** (Humboldt Universität zu Berlin)

Phylogenetische Analyse und Diversitätsmessungen in DSN im Vergleich zu anderen Rinderrassen aus dem 1000-Bullengenome-Projekt (in Bearbeitung).



### **Fleischleistung** (Humboldt Universität zu Berlin)

Genomweite Assoziationsanalyse mit Phänotypen der Fleischleistung (in Bearbeitung).



### **Genomische Zuchtwertschätzung** (Justus-Liebig-Universität Gießen)

Implementierung und Evaluierung einer genomischen Zuchtwertschätzung in DSN (in Bearbeitung).