



Marker für die Verbesserung der Züchtung in der Rasse DSN - ein Beitrag zur Erhaltung gefährdeter Nutztierassen



Abb. 1: Deutsches Schwarzbuntes Niederungsriind (DSN) Kuh.

Steckbrief

Das Ziel des Projekts war, die robuste, für Weidehaltung typische, aber weniger leistungsfähige und daher gefährdete Rasse des Deutschen Schwarzbunten Niederungsriinds (DSN) (Abb. 1) nachhaltig zu verbessern. Dafür soll sie im Vergleich zur intensiv auf Milchleistung gezüchteten Hochleistungsrasse Deutsche Holstein für den Öko-Landbau sowie bestimmte Standorte und Haltungsbedingungen wirtschaftlich attraktiver gemacht werden.

Projektlaufzeit: 06/2016 – 12/2023

Empfehlungen für die Praxis

Genetischer Score für die Selektion

Ein tierindividueller genetischer Score, der GenScore, wurde für ausgewählte Merkmale berechnet. Dieser Score berücksichtigt die signifikantesten Marker aus Assoziationsanalysen. Er ist kein genomischer Zuchtwert. Hierfür müssen für die Tiere genomische Informationen (z.B. SNP-Chip-Daten oder Sequenzdaten) vorhanden sein. Ein höherer GenScore deutet auf eine bessere genetische Prädisposition z.B. für höhere Milch- oder Wachstumsleistung hin (Tab. 1).

Anwendung des genetischen Scores

Der GenScore unterstützt die übliche Anpaarungsstrategie mit genomischer Information für die

- Auswahl von Zuchtbullen aus potentiellen DSN-Jungbullen.
- Auswahl von Zuchtbullen aus sehr nah-verwandten Rassen.
- Eingruppierung weiblicher Kälber in über- und unterdurchschnittliche Leistungsträger.
- Auswahl weiblicher Kälber als potentielle Bullenmütter

Perspektive

Die identifizierten Marker sollen auf einen bestehenden SNP-Chip integriert werden, um routinemäßig in einer breiten Population die genetische Information zu erhalten.

„Der genetische Score ist ein erster Schritt in Richtung genomischer Zuchtwertschätzung in kleinen Rinderpopulationen.“

Prof. Dr. Gudrun A. Brockmann

Kuh	Milch kg	Eiweiß kg	Eiweiß %	Fett kg	Fett %	Geburtsgewicht kg
1	1018	63,0	-0,142	52,6	0,084	2,2
2	1018	49,6	-0,006	16,0	0,288	-10,5
3	1018	40,6	0,108	3,8	0,290	-7,0
4	1018	40,6	0,064	-15,4	0,206	-1,9
5	1018	27,2	-0,034	-34,2	-0,196	10,5
6	1018	24,4	0,204	34,8	0,326	4,5
7	1018	24,4	-0,032	24,8	-0,212	-3,2
8	1018	24,4	-0,072	8,4	0,040	1,6
9	1018	18,2	0,038	-1,6	0,404	2,2
10	1018	18,2	-0,194	-22,6	-0,530	1,3

Tab. 1: GenScores für Milchleistungs- und Wachstumsmerkmale.

Hintergrund

Aufgrund ihrer geringeren Milchleistung sind DSN-Rinder wirtschaftlich weniger rentabel als Holstein-Rinder und wurden daher fast vollständig von diesen verdrängt. Ihr Erhaltungswert resultiert maßgeblich daraus, dass

- DSN sehr robust, widerstandsfähig, fruchtbar und langlebig ist und gute Kalbeeigenschaften hat,
- die DSN dem Bild der Konsumentinnen und Konsumenten von einer Milchkuh im Öko-Landbau durch die ausgeweitete Weidehaltung und der nicht auf Höchstleistung selektierten Milchleistung entspricht und
- die Vorfahren der DSN den genetischen Ursprung der heutigen Holstein-Rindern bilden und deshalb zur Erhaltung der genetischen Diversität aller Rinderrassen beitragen.

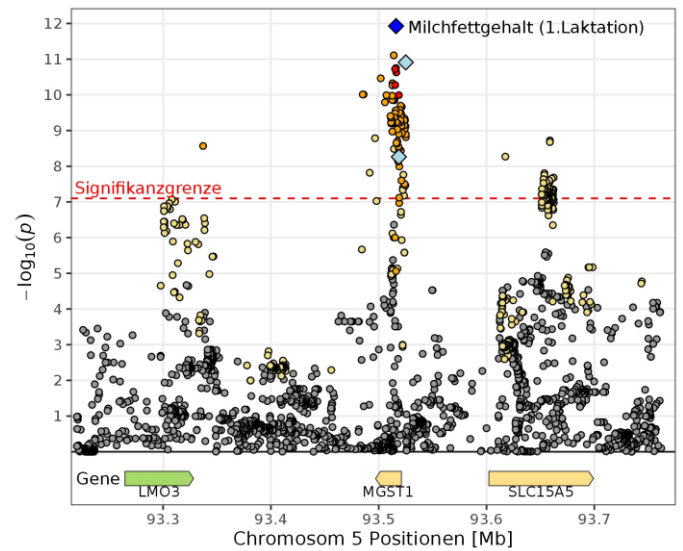


Abb. 2: Region bei MGST1 zeigt hohe Signifikanz für Milchfettgehalt.

Ergebnisse

Aufbau einer Gewebe-/DNA-/Genotypen-Datenbank

Umfangreiche Datenbanken mit Gewebe-, DNA- und Genotypen-Informationen wurden für eine DSN-Population aufgebaut, die eine geeignete Lernstichprobe für genomische Analysen basierend auf SNPs (Unterschiede in der DNA an einzelnen Positionen des Genoms) darstellt.

Genetische Marker aus genomischen Analysen

In genomweiten Assoziationsstudien wurden die Merkmale von DSN-Tieren mit der genomischen Information statistisch in Verbindung gebracht. Damit wurden SNPs und Gene identifiziert, die Merkmale der Milchleistung, Wachstums- und Fleischleistung, des Geburtsgewichts, der Fruchtbarkeit und der Tiergesundheit beeinflussen.

Das Gen MGST1 beeinflusst den Milchfettgehalt

Der signifikanteste Effekt wurde auf Chromosom 5 für den Milchfettgehalt gefunden (Abb. 2). Das wahrscheinlichste kausale Gen ist MGST1, das die Produktion von Fetten in der Milchdrüse regulieren könnte und bereits mit dem Milchfettgehalt bei Holsteins in Verbindung gebracht wurde.

Weitere Ergebnisse der genomischen Analyse

- Die genomische Inzucht ist in der DSN-Population geringer und die genetische Diversität höher als in Holsteins.
- Die für die hohe Milchleistung bei Holstein verantwortliche DGAT1-Variante ist in DSN fixiert und wird somit nicht zur Erhöhung der Milchleistung genutzt.
- Die für die menschliche Gesundheit günstige A2 Variante des β Kasein-Proteins liegt in DSN nur in geringer Frequenz (16,5%) vor. Die Erhöhung der A2-Variante könnte eine Vermarktung von A2-Milch als Nischenprodukt ermöglichen.
- Bekannte Mutationen für Hornlosigkeit liegen in DSN nicht vor. Somit können keine hornlosen DSN-Rinder gezüchtet werden, um das Tierwohl zu steigern.

Fazit

Die Rasse DSN erfordert eine sorgfältige Balance in der Zucht, um die Milch- und Fleischleistung zu berücksichtigen. Ein Fokus liegt darauf, Inzucht zu minimieren und die genetische Diversität in dieser Rasse zu erhalten.



Abb. 3: DSN sind gut geeignet für den ökologischen Landbau.

Projektbeteiligte:

Prof. Dr. Gudrun A. Brockmann, Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Züchtungsbiologie und molekulare Genetik, Berlin

Kontakt:

Humboldt-Universität zu Berlin
Unter den Linden 6, 10099 Berlin
Prof. Dr. Gudrun A. Brockmann
gudrun.brockmann@hu-berlin.de / Tel. +49 (0)30 2093-49872

Abb. 1, Wolfhard Schulze, Kuh-Momente

Abb. 2, Gudrun A. Brockmann, Humboldt-Universität zu Berlin

Abb. 3, Manfred Gassan, RBB Rinderproduktion Berlin-Brandenburg GmbH

Tab. 1, Gudrun A. Brockmann, Humboldt-Universität zu Berlin



Die ausführlichen Ergebnisse des Projekts
2815NA010 finden Sie unter:
<https://orgprints.org/id/eprint/52451/>