

Erste Ergebnisse des Projektes „Genomische Selektion beim Schwein“

Prof. Dr. Jörn Bennewitz,
Fachgebiet Genetik und Züchtung landwirtschaftlicher Nutztiere
Institut für Tierhaltung und Tierzüchtung, Universität Hohenheim

Einleitung

Auf dem Züchterttag im vergangenen Jahr wurde das neue Züchtungsinstrument „Genomische Selektion“ dargestellt und das Pilotprojekt zur Implementierung dieses Instruments in die Schweinezucht beschrieben. Mittlerweile ist das Projekt fortgeschritten und die ersten ermutigenden Ergebnisse liegen vor. In diesem Beitrag werden zunächst die Grundzüge der genomischen Selektion wiederholt dargestellt und dann die ersten Ergebnisse des Pilotprojekts zusammenfassend präsentiert.

Grundprinzip der genomischen Selektion

Die genomische Selektion beschreibt den Gebrauch von genomweiten und massiven 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 genotypisiert als auch in irgendeiner Form phänotypisiert sind. In dieser Population werden dann die Effekte aller Marker mit entsprechenden statistischen Modellen geschätzt. Die genetischen Marker werden dann an den Selektionskandidaten genotypisiert. Der genomische Zuchtwert eines Selektionskandidaten ist dann die Summe der Markereffekte (geschätzt in der Referenzpopulation), welche das Tier trägt. Die genomische Selektion wird zurzeit in vielen Milchrinderpopulationen implementiert. Das Hauptziel ist die Verkürzung des Generationsintervalls auf der männlichen Seite von ca. 6 Jahren auf vielleicht 2 Jahre und zudem die Optimierung der zeit- und kostenaufwendigen Nachkommenschaftsprüfung. In der Schweinezucht sind die Potentiale weniger offensichtlich, da dort die Generationsintervalle bereits deutlich geringer sind und es schwierig ist, eine Referenzstichprobe von substantieller Größe aufzustellen. Zudem ist eine Refinanzierung der hohen Anfangskosten, die durch die Genotypisierung der Referenzstichprobe entstehen, deutlich schwieriger, da ein Zuchttier im Vergleich zur Rinderzucht deutlich weniger wert ist, die Typisierungskosten jedoch ungefähr gleich sind. Trotzdem wird dieses Instrument auch in der Schweinezucht als überaus interessant angesehen.

Genomische Selektion bei den baden-württembergischen Piétrain

Aktuell wird ein Projekt zur Implementierung der genomischen Selektion bei der baden-württembergischen Piétrainpopulation mit dem Ziel einer routinemäßigen genomischen Vorselektion von Ebern bearbeitet. Beteiligt waren zunächst das Bildungs- und Wissenszentrum Boxberg, der Schweinezuchtverband Baden-Württemberg e.V. sowie das Hohenheimer Tierzuchtinstitut und das FBN Dummerstorf. Hinzu kamen der Schweineherdbuchzuchtverband Schleswig-Holstein, die GFS Ascheberg und die Abteilung Haustiergenetik der Universität Bonn. Finanziert wird dieses Projekt im Wesentlichen vom Land Baden-Württemberg, mit Beteiligung des Schweinezuchtverbandes B.-W. und anteilig von den beiden anderen Wirtschaftspartnern.

Im Projekt wurden bisher 500 nachkommengeprüfte Eber mit dem porcinen SNP-Chip mit ca. 60.000 SNPs genotypisiert. Sie bilden die erste Referenzpopulation. Eine Qualitätskontrolle ergab eine hohe Anzahl an nutzbaren SNPs (ca. 48.000) und von nahezu allen Ebern konnten die Genotypen ermittelt werden. Es wurde ein Modell zur genomweiten Zuchtwertschätzung angepasst, welches ein Random-Regression-BLUP-Modell ist. Die Annahme dieses Modells ist, dass die genetische Varianz gleichmäßig auf alle Marker verteilt ist, welches dem oft genutzten Infinitesimalmodell nahe kommt. Als Merkmale wurden zunächst de-regressierten BLUP-Zuchtwerte für die Lebenstagszunahme, die Prüftagszunahme sowie die Nettolebenstagszunahme der Eber herangezogen, welche zum großen Teil auf Nachkommenschaftsergebnissen basieren. Das aufgestellte Gleichungssystem

chungssystem wurde mit dem Gauss-Seidel-Verfahren gelöst, wobei heterogene Restvarianzen der Beobachtungen über entsprechende Gewichtungsfaktoren mit berücksichtigt wurden.

Um eine Modellvalidierung vorzunehmen, wurde eine wiederholte Kreuzvalidierung durchgeführt. Dabei wurde ein Set von Beobachtungen durch Ziehen mit Zurücklegen aufgestellt und zur Schätzung der Markereffekte genutzt (Referenzpopulation). Die Beobachtungen, die nicht in der Referenzpopulation vertreten waren, wurden als Validierungsdatensatz herangezogen. Ein Abgleich der geschätzten genomischen Zuchtwerte mit den konventionellen BLUP-Zuchtwerten lieferte ein Maß für die Genauigkeit der genomischen Selektion. Diese Kreuzvalidierung wurde pro Merkmal 100-mal wiederholt.

Es zeigte sich, dass die Genauigkeit der genomischen Selektion für diese Lernstichprobe und das gewählte Verfahren zwischen 0,4 und 0,45 ist. Dies ist in Anbetracht der geringen Größe der Lernstichprobe (bisher nur 500 Eber) als sehr ermutigend anzusehen.

Ausblick

Mittlerweile wurde die Lernstichprobe um weitere 300 Eber vergrößert, wodurch sich die Zuverlässigkeit der Technik erhöhen wird. Die nächsten Schritte umfassen die Anpassung weiterer Verfahren der genomischen Zuchtwertschätzung, die Identifizierung derjenigen Marker mit den größten Effekten für die einzelnen Merkmale, die Entwicklung eines Low-Density-SNP-Sets, der merkmalsunabhängig eingesetzt werden kann sowie weiterer populationsgenetischer und quantitativ-genetischer Untersuchungen.