

# Consequences of applying Optimum Contribution Selection on conventional and genomic based breeding schemes.

MSc Jan Körte

1. Berichterstatter: Prof. Dr. G. Thaller

In den vergangenen Jahren wurden im Rahmen der Zuchtplanung bei Nutztieren Methoden entwickelt, die den genetischen Fortschritt bei einer zuvor festgelegten Inzuchtrate maximieren. Mit Hilfe dieser so genannten „Optimum Contribution“ Methoden lässt sich die Abnahme der additiv genetischen Varianz, die einen wichtigen Aspekt in langfristig ausgelegten Zuchtprogrammen darstellt, verringern.

Zielsetzung dieser Arbeit war es den Einsatz der „Optimum Contribution“ Methode in Zuchtprogrammen zu untersuchen, wobei ein besonderes Augenmerk auf die Nutzung und Implementierung von genetischen Markerinformationen gelegt wurde.

In **Kapitel 1** wurde die Umstellung einer konventionellen Abschnittsselektion nach BLUP Zuchtwerten auf die „Optimum Contribution“ Selektion analysiert. Die Untersuchung verfolgte zwei Schwerpunkte. Zum einen, wie viel genetischer Fortschritt erzielt werden kann, wenn der Inzuchtzuwachs konstant gehalten wird. Zum anderen, um welchen Anteil die Inzuchtrate reduziert werden kann, wenn ein bestimmter genetischer Fortschritt erzielt werden soll. Nach 20 Generationen des Selektionsschemas konnte mit der Umstellung der Selektionsmethode ein um 41% höherer Genetischer Fortschritt erzielt werden, wenn die Rate der Inzucht auf 0,01 beschränkt wurde. Bei einer Beschränkung der Inzuchtrate auf 0,025 lag der genetische Fortschritt um 10% höher als bei der vergleichbaren Abschnittsselektion.

In **Kapitel 2** wurde die „Optimum Contribution“ Methode erweitert, in dem eine Verwandtschaftsmatrix basierend auf genomischen Daten verwendet wurde. Im Folgenden wurden die Auswirkungen dieser Erweiterung auf die Inzuchtrate, welche wiederum entweder auf genomischen oder Pedigree Daten basierte, den Selektionserfolg, Verschiebungen in den QTL Allelfrequenzen, Verluste von günstigen QTL Allelvarianten und die Anzahl selektierter Individuen an Hand eines Merkmals mit einer Heritabilität von 0.1 evaluiert. Die Ergebnisse zeigen, dass bei der Pedigree basierten „Optimum Contribution“ Methode mit der Selektion nach genomischen Zuchtwerten die wahre Inzucht unterschätzt wird. Daher lässt sich sagen, dass in Zuchtprogrammen, in denen genomische Daten zur Zuchtwertschätzung herangezogen werden, auch die genomische Inzucht in Selektionsentscheidungen berücksichtigt werden sollte. Im Weiteren führt die genomische „Optimum Contribution“ Selektion zu einer höheren genetischen Variabilität in Form von niedrigeren Frequenzen der günstigen QTL Variante, einem niedrigeren Anteil an fixierte QTL Allelen und eine geringere Abnahme der genetischen Varianz.

Im **Kapitel 3** wurde die wahre Inzucht (identity by descent), eines QTL und der umliegenden Genomregion untersucht. Dabei wurde der Einfluss der „Optimum Contribution“ Selektion basierend auf genomischen oder Pedigree Daten quantifiziert. Die wahre Inzucht in den betrachteten Genomregionen wurde bei der Anwendung von Pedigree basierender „Optimum Contribution“ Selektion unterschätzt. Das spiegelte sich auch in höheren durchschnittlichen Frequenzen des günstigen QTL Alleles wider. Hingegen führte die „Optimum Contribution“ Methode basierend auf genomischen Daten zu einem nahezu gleichbleibenden Anstieg aller untersuchten Varianten der Inzuchtrate. Daraus konnte man schließen, dass Pedigree basierende Inzuchtraten hinsichtlich der langzeitigen Variabilität und Zuchterfolges keine gute Grundlage für genomische Zuchtprogramme darstellen.