

Untersuchungen zur Optimierung von markerunterstützten Zuchtwertschätzverfahren in der Rinderzucht

Dipl.-Ing. agr. Stefan Jochen Neuner

1. Berichterstatter: Prof. Dr. Georg Thaller

Das Ziel der Arbeit war es, die Anforderungen und Voraussetzungen für die Entwicklung und Umsetzung einer markergestützten Selektion für die süddeutschen Rinderrassen zu untersuchen. Wesentliche Fragen waren die notwendigen Pedigree- und Leistungsdaten, sowie die erforderliche Struktur der Genotypisierung für die Schätzung von Varianzkomponenten und Zuchtwerten in MA-BLUP Modellen (marker assisted best linear unbiased prediction). Zudem wurden für Fleckvieh die genetischen Parameter für zwei quantitative Merkmalsgenorte (QTL) für das Merkmal Zellzahl geschätzt und das Potential einer markergestützten Selektion erörtert.

Die Bearbeitung der Aufgabenstellung erfolgte mittels Simulationsstudien, innerhalb derer realitätsnahe Populationsstrukturen für ein Rinderzuchtprogramm simuliert wurden. Beginnend mit der Anwendung von MA-BLUP bei einer ganzen Population wurden die Annahmen schrittweise an praktische Gegebenheiten angepasst. In einem Zweistufenansatz kann MA-BLUP jedoch zu einem deutlichen Informationsverlust führen, da im Vergleich zum klassischen Tiermodell meist nur ein kleiner Teil der gesamten Population im Modell enthalten ist. Es ist daher notwendig, möglichst viele Informationen über die gesamte Population mit dem klassischen Tiermodell zu aggregieren, und diese in das reduzierte Modell zu übertragen. In der Umsetzung gelang dies sowohl hinsichtlich der verwandtschaftlichen Strukturen der Tiere untereinander, als auch für ihre Leistungswerte nicht vollständig. Ein geeigneter Ansatz, um phänotypische Information zu transferieren war die Verwendung der aggregierten Phänotypen Daughter Yield Deviations (DYD) für geprüfte Bullen und Yield Deviations (YD) für Kühe. Damit eine präzise Schätzung der Varianzkomponenten und möglichst hohe Genauigkeiten für die Zuchtwerte in MA-BLUP gewährleistet werden konnten, mussten beide Informationsarten ins Modell eingehen und exakt zueinander gewichtet werden. Dennoch war für das simulierte Merkmal Milchleistung ein QTL mit einem Anteil von 10% an der additiv genetischen Varianz erforderlich, um den Informationsverlust auszugleichen. Eine Modellrechnung für das Merkmal Zellzahl zeigte, dass der Informationsverlust für Merkmale mit niedriger Heritabilität noch schwerer wiegt. Wurden grundsätzlich nur die DYD von Bullen in MA-BLUP Zuchtwertschätzungen berücksichtigt, so war der Verlust an Information deutlich höher.

Untersuchungen zum Einfluss des Umfangs der Pedigrees für MA-BLUP und des Ausmaßes fehlender Genotypisierungen haben gezeigt, dass möglichst umfangreiche und vollständig genotypisierte Pedigrees angestrebt werden sollten. Allerdings ist hierbei zu bemerken, dass umfangreichere Pedigrees mit fehlenden Genotypen meist eine exaktere Schätzung als kleine, aber vollständig typisierte Pedigrees. Dies galt besonders in Situationen, in denen Algorithmen für die Rekonstruktion fehlender Genotypen verwendet wurden.

Anhand dieser Arbeit wird deutlich, dass in praktischen Anwendungen insbesondere der Informationsverlust im Zweistufenansatz begrenzt werden muss, um den Nutzen für die Selektion sicherzustellen. Aus den Ergebnissen lässt sich zudem ableiten, dass für die Rassen Holstein Friesian und Fleckvieh unterschiedliche Strategien in der Umsetzung von MA-BLUP angebracht sind. Das liegt an der unterschiedlichen Datenstruktur, dem Aufbau und der Historie beider Populationen.

Eine Aussage über das Potential einer markerunterstützten Selektion bei Fleckvieh erlaubt ein Vergleich der Simulationsergebnisse mit der Schätzung genetischer Parameter für zwei QTL mit einer Wirkung auf Zellzahl, die in dieser Arbeit bestätigt werden konnten. Mit den geschätzten Varianzanteilen der beiden QTL an der additiv genetischen Varianz ist demnach auch für die praktische Fleckviehzucht eine Erhöhung der Genauigkeiten für die Vorselektion von Jungbullen zu erwarten.