

## Beiträge zur Optimierung von Züchtungsplanungsrechnungen

MSc Vinzent Börner

1. Berichterstatter: Prof. Dr. N. Reinsch

Züchtungsplanung muss neue molekulargenetische Erkenntnisse berücksichtigen, wenn durch diese der vorhergesagte Zuchtfortschritt betroffen ist. Eine dieser Erkenntnisse ist die Entdeckung der genomischen Prägung. Genomische Prägung kann durch Modellierung jeweils eines Zuchtwertes als Vater und als Mutter für jedes Individuum in der Zuchtwertschätzung berücksichtigt werden. Gewichte zur Zusammenfassung dieser Zuchtwerte in einem Gesamtzuchtwert können durch eine Erweiterung der Genflussmethode abgeleitet werden. Diese Erweiterung erlaubt die Ableitung von diskontierten und summierten Merkmalsrealisierungen aus maternal bzw. paternal vererbten Genen der Gründertiere, welche dann als Gewichte zur Zusammenfassung der Zuchtwerte als Vater und als Mutter dienen. Die Anwendung der erweiterten Genflussmethode auf ein hypothetisches Schweinezuchtprogramm zeigt, dass die Gewichte für die beiden o.g. Zuchtwerte in Abhängigkeit vom Zuchtplan und dem Planungshorizont differieren können. Ebenfalls neu ist die Entdeckung und Nutzung von hunderttausenden SNP-Markern. Genomische Zuchtwerte (GZW) als die Summe über alle SNP-Markereffekte können dazu dienen, Individuen zu selektieren sobald deren Markergenotyp bekannt ist. Die Anwendung dieser genomischen Selektion (GS) könnte insbesondere in der Milchrindzucht zu Zuchtprogrammen mit mehr als zwei Selektionsstufen führen. Die Auswahl des richtigen Zuchtprogrammes wird jedoch durch die Notwendigkeit multipler numerischer Integration zur exakten Berechnung der Selektionsintensität erschwert. Der zweite Teil dieser Arbeit beschäftigt sich daher mit einem Vergleich von einer approximativen und einer neuen, exakten Methode zur Berechnung der Selektionsintensität und des Zuchtfortschrittes bei der Optimierung von mehrstufigen Zuchtprogrammen. Die Ergebnisse des Methodenvergleiches zeigen deutlich, dass die exakte Methode dank ihrer Schnelligkeit und Stabilität sehr gut geeignet ist, um selbst eine große Anzahl von Zuchtprogrammen zu vergleichen. Dagegen führt die Anwendung der approximativen Methode zu einem nicht vorhersehbaren Verlust von vorhergesagtem Zuchtfortschritt. Durch GS steigen die Züchtungskosten linear mit der Anzahl genotypisierter Tiere an. Wenn große Teile einer Population genotypisiert werden, können unverhältnismäßig hohe Kosten entstehen, was insbesondere auf Selektion von Bullenmüttern in Milchviehzuchtprogrammen zutrifft. Ein möglicher Ausweg ist die Verwendung preisgünstiger SNP-Chips mit geringerer Markerzahl. Die damit zu schätzenden Zuchtwerte besitzen eine geringere Genauigkeit, die sich jedoch durch Anwendung von Zuweisungsalgorithmen verbessern lässt. Der dritte Teil dieser Arbeit untersucht mehrstufige Milchviehzuchtprogramme, welche die Möglichkeit berücksichtigen, unterschiedliche SNPChips in jedem Selektionspfad zu verwenden bzw. diese zu kombinieren. Die Ergebnisse dieser Untersuchung zeigen deutlich das Potenzial der genomischen Selektion auf Basis kostengünstiger SNPChips für die Selektion von Bullenmüttern aus großen Kuhpopulationen, unterstreichen jedoch auch den bei bereits hohem Niveau abnehmenden Nutzen gesteigerter Selektionsintensität für den Zuchtfortschritt. Weiterhin wurde der Zuchtfortschritt durch den Preis des kostenintensiven Chips und die mit ihm erzielte Genauigkeit der GZW wesentlich stärker beeinflusst als durch Änderung dieser Parameter für den preisgünstigen Chip. Im Gegensatz dazu war der Einfluss auf die Struktur des Zuchtprogrammes durch Veränderungen der Kosten und erzielten Genauigkeiten der GZWs auf Basis des kleinen Chips am größten.