

26. HÜLSENBERGER GESPRÄCHE

Größer, schneller, präziser: Die Versprechen der genomischen Tierzucht – und wie wir sie einlösen

Prof. Dr. Ruedi Fries, Lehrstuhl für Tierzucht, Technische Universität München (TUM)

Tierzüchterisches Wirken strebt oft sehr allgemein formulierte Zuchtziele an. Die Zuchtziele sollen durch Selektionsmaßnahmen auf der Basis eines Selektionsindexes erreicht werden. Im Selektionsindex werden die einzelnen Merkmale ökonomisch und vermehrt gemäß gesellschaftlicher Vorgaben gewichtet, die vor allem Gesundheit und Wohlbefinden der Tiere betreffen. Entsprechende Merkmale, oft als funktionale oder Fitness-Merkmale bezeichnet, weisen meistens eine niedrige Erbllichkeit auf, so dass trotz überproportionaler Gewichtung im Selektionsindex kaum Zuchterfolg erzielt wird. Ausgeprägte Merkmalsantagonismen reduzieren gleichzeitig den Selektionserfolg bei Leistungsmerkmalen. Dazu kommt, dass die der Selektion unterliegenden Merkmale als Hilfsmerkmale die Zielmerkmale oft nur unzulänglich abbilden.

Genomische Ansätze ermöglichen es grundsätzlich, Zuchtziele schneller zu erreichen. Aber auch hier wirkt sich die niedrige Heritabilität limitierend aus, so dass von der genomischen Selektion in der gegenwärtig implementierten Version keine merkliche Verbesserung funktionaler Merkmale zu erwarten ist, zumindest nicht innerhalb nützlicher Frist. Der Grund dafür ist, dass die konventionelle und die genomische Selektion auf phänotypischer Ebene ansetzen. Die niedrige Heritabilität hat für beide Ansätze eine geringe Selektionseffizienz zur Folge.

Ein alternatives Protokoll besteht darin, (1) die wichtigsten Merkmalsloci im Genom als „Selection Targets“ festzustellen, (2) die entsprechenden Allele genau zu charakterisieren und (3) das Zusammenspiel der jeweils wichtigsten Loci zu erfassen. Die Mächtigkeit, mit der Loci-komplexe Merkmale identifiziert werden können, hängt von der Erbllichkeit und der genetischen Architektur ab. Beispiele aus der Humangenomik zeigen jedoch, dass die wichtigsten Loci auch für sehr niedrig erbliche, hoch-komplexe Merkmale durch genomweite Assoziationsstudien mit bis zu mehreren Hunderttausenden von Individuen kartiert werden können. Entsprechende Unterfangen bei Nutztieren setzen voraus, dass (1) nicht nur genom- sondern auch populationsweit genotypisiert wird, dass (2) eine repräsentative Gruppe von Tieren genomweit sequenziert wird und dass (3) die Herausforderung angenommen wird, mit gesundheitsbezogenen und anderen Daten aus heterogenen Informationsquellen im Sinne von „Big Noisy Data“ zu arbeiten.

Die Identifizierung von „Selection Targets“ wird (1) den Selektionsfortschritt für funktionale Merkmale beschleunigen, (2) die Präzision der Selektion im Sinne einer gezielten Nutzung von Genotyp-Umwelt-Interaktion erhöhen, (3) eine Grundlage für „Precision Animal Husbandry“ und „Precision Veterinary Medicine“ legen und (4) die Option des „Genome Editing“ für die Korrektur ungünstiger Allelkombinationen oder das Auflösen von Merkmalsantagonismen eröffnen.