



# Strategien der Rinderzucht unter Berücksichtigung von Ressourcen- und Umweltschutz

H. H. Swalve

23. Hülseberger Gespräche 2010  
2. bis 4. Juni, Lübeck



# Gliederung

- Einführung
- Zucht auf Funktionalität und Gesundheit
- Zucht für Klimaschutz
- Methodische Aspekte
  - Genomische Selektion
- Schlußfolgerungen



# Möglichkeiten der Zucht zur Vermeidung von Emissionen beim Milchrind

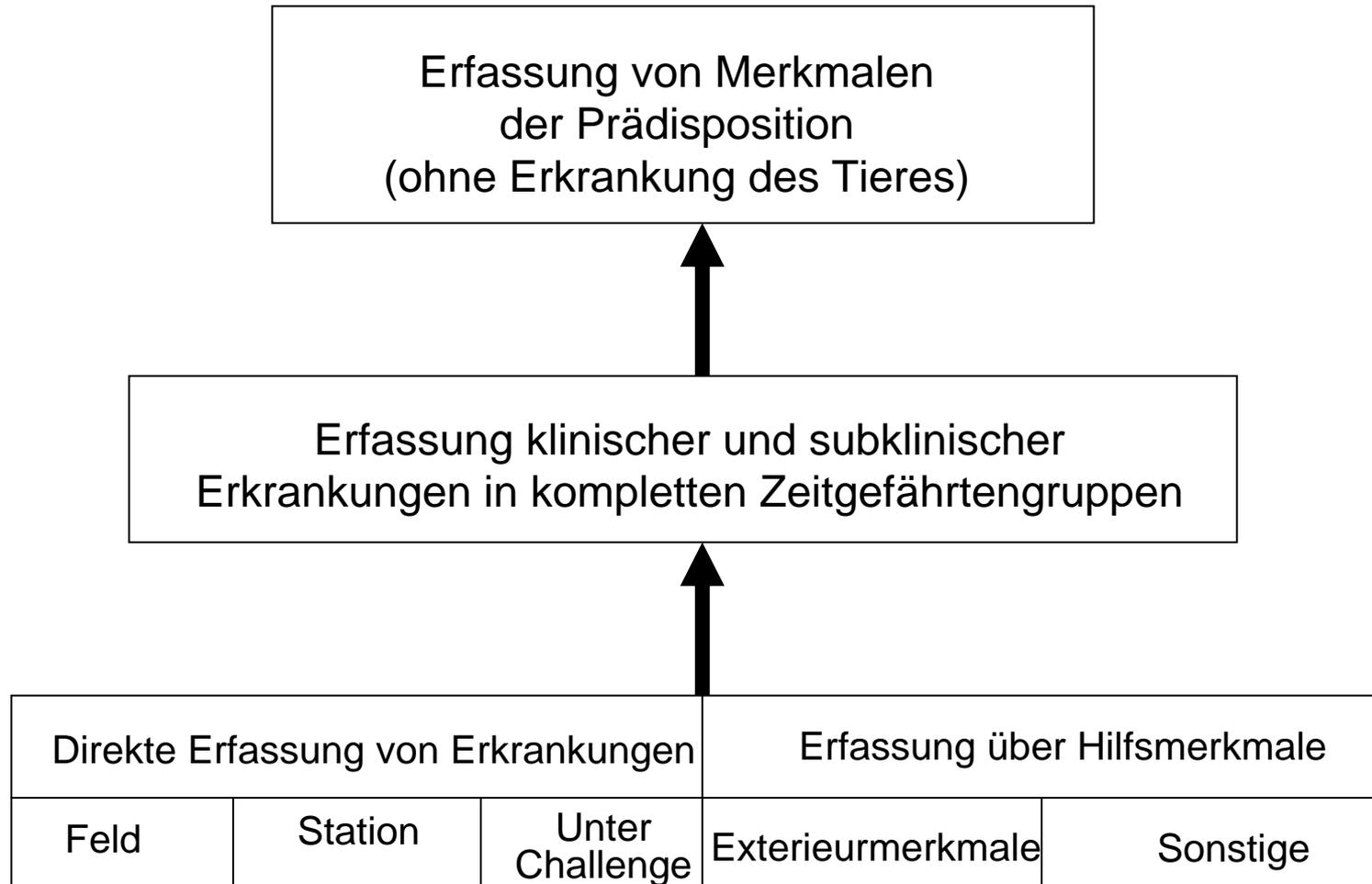
(Wall, 2009, WDS Berlin)

- ❖ Zucht für verbesserte Effizienz des Tieres
  - ➔ Weniger Emissionen je kg Produkt bei höherer Leistung
- ❖ Zucht für verbesserte Effizienz des Produktionssystems
  - ➔ Weniger Emissionen durch Verbesserung der funktionalen Merkmale, da z.B. eine Verlängerung der Nutzungsdauer eine relative Verkleinerung der „unproduktiven“ Aufzucht mit sich bringt
- ❖ Direkte Zucht für weniger Emissionen
  - ➔ Welche Tiere emittieren weniger?

## Zuchtziele: Zukünftige Themenfelder

- ✓ Funktionale Merkmale, besonders Gesundheit

# Leistungsprüfung für Krankheitsmerkmale



# Stufenmodell zur Erfassung von Krankheitsparametern

Beispiele

Betriebe mit ...	
Physiologisch aussagefähige Parameter in der Milch	Zukünftig (wenn Chips billig): SNP-Tests aller Kühe

Beispiele

Beispiele

Betriebe mit ...	
Regelmäßige Erregerbestimmung in der Milch	Regelmäßige Zellzahlbestimmung zu fixen Zeiten
Regelmäßige Trächtigkeitsuntersuchungen nach Schema	Regelmäßiger Klauenschnitt mit Befunderhebung
Erfassung Kalbeverlauf und Totgeburten mit Beob. ja/nein	Exterieurklassifizierung der ganzen Herde (in 1. Laktation)
Erfassung sämtlicher Krankheiten und Behandlungen	

Beispiele

## Grunddaten

- MLP-Standarddaten incl. Abgänge, Kalbungen, etc.
- Besamungsdaten, etc.

# Eigene Großprojekte auf diesem Themengebiet

## ❖ GENE-FL (FUGATO-Plus, BMBF)

- Rind: Befundung beim Klauenschnitt; molekularer Ansatz
- Partner u.a. FBN, Uni Gö, u.a.
- Koordination MLU Halle

## ❖ INNO-Z (BLE-Innovations-Projekt)

- Messung der Zyklusaktivität
- Automatische Lahmheitserkennung
- Partner NOG, LFAs MV + Sachsen, FBN, CAU Kiel
- Koordination MLU Halle gemeinsam mit CAU Kiel

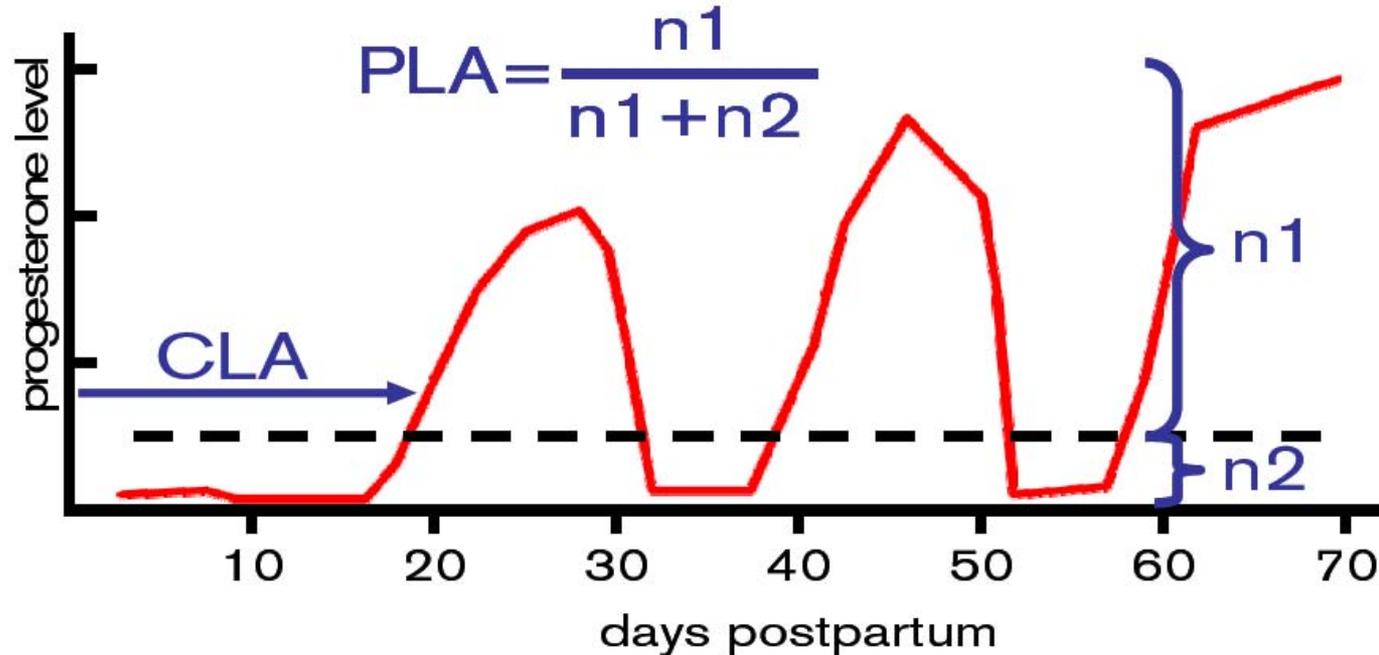
## ❖ BHNP (BLE-Innovations-Projekt)

- Erfassung Gesundheitsmerkmale
- Zellzahl zu fixen Zeitpunkten
- Partner LKVs und Zuchtverbände in Sachsen-Anhalt und Thüringen, VIT (Verden)
- Koordination MLU Halle

Gibt es „neue“ Merkmale mit „aussichtsreicher“ Heritabilität?  
(1a)

## Progesteron Maßzahlen

(Berglund, 2008)



- CLA - commencement of luteal activity
- PLA - percentage of samples above the limit for luteal activity within the first 60 days postpartum
- $CLA_m$  or  $PLA_m$  - CLA or PLA based on monthly sampling

# Gibt es „neue“ Merkmale mit „aussichtsreicher“ Heritabilität? (1b)

## Progesteron: Genetische Parameter

(Berglund, 2008)

	$h^2$ (%)	SE
$PLA_m$	11.3	5.0
$CLA_m$	9.2	4.9
PLA (Petersson et al., 2007)	29.5	5.8
CLA (Royal et al., 2002)	16.1	5.0

Genetic correlations between  $PLA_m$  or  $CLA_m$  and CLA had on average an absolute value of 0.85 (SE 0.18)

Selection index calculations with  $PLA_m$  or  $CLA_m$  predicted breeding values for CLA with high accuracy (0.64-0.72 with 50 daughters/bull)



# Gibt es „neue“ Merkmale mit „aussichtsreicher“ Heritabilität? (2)

## Heritabilitätsschätzung "Befunde beim Klauenschnitt"

(Swalve, Alkhoder, Pijl, 2008; IB Bull.)

	Neue Analyse FUGATO+ GENE-FL  N = 2000 Kühe	Schwellen- wertmodell	Huang and Shanks 1995	König et al. 2005	van der Waaij et al. 2005
Laminitis		.28	.14	-	-
Dermatitis digitalis		.25	-	.07	.10
Dermatitis interdigitalis		.22	.07	-	.05
Weißer Linie D.		.35	.08	-	.02
KSG		.02	-	-	-
Tylom			-	-	-

Außerdem:

❖ Befall in eigener Studie ca. 65 % (alle Krankheiten)

## Zuchtziele: Zukünftige Themenfelder

- ✓ **Direkte und indirekte Selektion zur Vermeidung von Emissionen**

FEB 25 The AUSTRALIAN

Wickham  
25 FEB 09



We're just trading emissions

Emissionen in kg je Tonne Produkt für  
verschiedene Nutztiere 2007 (Jones, 2009; WDS Berlin)

	<b>NH<sub>3</sub></b>	<b>CH<sub>4</sub></b>	<b>N<sub>2</sub>O</b>	<b>GWP<sub>100</sub></b>
Dairy	3.4	18.9	0.6	958
Layers	28.0	7.5	3.8	3791
Broilers	23.0	4.9	3.4	3448
Pigs	27.8	48.8	2.3	4689
Beef	71.4	264.5	11.6	14704
Sheep	41.3	300.9	11.3	15813

**GWP = Global Warming Potential = CO<sub>2</sub>-Äquivalent**

# Veränderung der Emissionen je Tonne Produkt durch züchterische Maßnahmen im Zeitraum 1988 - 2007 (Jones, 2009; WDS Berlin)

	<b>NH<sub>3</sub></b>	<b>CH<sub>4</sub></b>	<b>N<sub>2</sub>O</b>	<b>GWP<sub>100</sub></b>
Dairy	-17	-25	-30	-16
Layers	-36	-30	-29	-25
Broilers	10	-20	-23	-23
Pigs	-18	-17	-14	-15
Beef	0	0	0	0
Sheep	0	-1	0	-1

# Züchterische Möglichkeiten zur Verringerung der CH<sub>4</sub>-Emission durch Rinder

1. Steigerung der Produktivität
2. Zucht auf verringerte CH<sub>4</sub>-Emission je Einheit Produkt
3. Zucht auf weniger Futterverbrauch bei gleicher Leistung  
→ Restfutterraufnahme (Residual feed intake = RFI;  
Net feed efficiency = NFE)
4. Kombination von 2. + 3.

# Futterverwertung - "Tatsächliche Futterverwertung"

**H.O. GRAVERT**

*Livestock Production Science*, 13 (1985) 87—99

Für die Bestimmung der tatsächlichen Futterverwertung sind neben den direkten Leistungen an Milch, Milchfett, Protein und Laktose auch die Bildung von Depotfett, das Wachstum, die Nährstoffversorgung des Kalbes, der Erhaltungsbedarf und eine genetisch beeinflusste Resistenz gegen Stoffwechselkrankheiten zu beachten

# Restfutterraufnahme (RFI)

- ❖ Moderat heritabel
- ❖ Van Arendonk, 1991:  $h^2 = 0.19$
- ❖ Mittlerweile auch QTL und GWA-Ergebnisse

# Ergebnis einer GWA-Studie für RFI: 27 SNP signifikant

**Table 1.** Associations with residual feed intake of 27 SNP markers, which were common to the multivariate and sequential molecular breeding value models

Marker	BTA	cM	Sequential MBV model <sup>1</sup>			Multivariate model <sup>2</sup>		
			Estimate <sup>3</sup>	SE	<i>P</i> -value <sup>4</sup>	Estimate <sup>3</sup>	SE	<i>P</i> -value
rs43703977 > G:T	1	5	0.147	0.072	0.043*	-0.188	0.058	0.001
rs29025433 > C:T	1	97.4	-0.172	0.069	0.013*	-0.136	0.058	0.02
NW_001494654.1_246241 > A:G	2	86.7	-0.232	0.097	0.017*	-0.189	0.081	0.021
rs29014082 > C:T	2	118.6	-0.218	0.077	0.005**	-0.143	0.048	0.003
rs29017229 > C:T	4	22.4	0.186	0.072	0.010*	-0.115	0.057	0.044
rs43710085 > A:G	6	83.6	-0.18	0.055	0.001***	-0.144	0.047	0.003
rs41793507 > C:G	8	64	0.166	0.069	0.016*	-0.128	0.055	0.02
rs43705534 > A:G	8	107.7	-0.228	0.064	0.0004***	-0.183	0.053	0.001
rs41605841 > A:G	10	15.2	-0.151	0.069	0.029*	-0.276	0.055	8.68 × 10 <sup>-7</sup>
rs43705629 > C:T	10	18.4	0.142	0.071	0.046*	-0.118	0.055	0.032
rs29011971 > C:T	11	65.7	0.158	0.064	0.014*	-0.223	0.061	3.16 × 10 <sup>-4</sup>
rs29013423 > C:T	11	69.6	0.161	0.076	0.034*	-0.142	0.052	0.006
rs29012348 > C:A	12	96.2	0.166	0.078	0.034*	-0.24	0.063	1.72 × 10 <sup>-4</sup>
rs29015791 > C:T	15	59.6	0.42	0.165	0.011*	-0.308	0.136	0.024
rs43708449 > C:T	18	13.5	-0.177	0.063	0.005**	-0.218	0.051	2.76 × 10 <sup>-5</sup>
rs41570611 > C:T	18	23.9	-0.215	0.095	0.024*	-0.295	0.079	2.08 × 10 <sup>-4</sup>
rs42536809 > A:C	18	26.6	0.257	0.087	0.004**	-0.189	0.072	0.008
rs29009652 > A:C	18	68.5	0.161	0.055	0.004**	-0.156	0.046	0.001
rs29015137 > T:G	18	71.8	-0.268	0.102	0.009**	-0.228	0.086	0.008
rs29015011 > T:C	19	85.3	-0.205	0.068	0.003**	-0.18	0.053	0.001
rs29014055 > C:T	23	15.2	-0.173	0.078	0.026*	-0.169	0.065	0.009
rs29027245 > C:G	24	26.3	-0.175	0.059	0.003**	-0.151	0.048	0.002
rs29013464 > A:G	25	66.3	-0.12	0.06	0.045*	-0.13	0.05	0.009
rs29013727 > A:G	26	10.1	-0.125	0.058	0.033*	-0.143	0.049	0.004
rs43708521 > A:C	26	45.6	-0.122	0.057	0.034*	-0.131	0.048	0.007
rs29011694 > T:A	28	26.4	0.168	0.063	0.008**	-0.135	0.052	0.011
rs17872022 > G:A	29	55.5	0.229	0.071	0.001**	-0.122	0.056	0.03

<sup>1</sup>Single point allele substitution effects, SE, and *P*-value for SNP used in the sequential molecular breeding value (MBV) model.

<sup>2</sup>Partial regression coefficients, SE, and *P*-value for SNP when combined in single multivariate model.

<sup>3</sup>Allele substitution effect is the effect of substituting one allele in the population with the other allele (Falconer and Mackay, 1996). For this analysis, the SNP were recoded as 2, 1, and 0, and the effect was calculated as the parameter estimate for the SNP as a covariate during analysis.

<sup>4</sup>*P*-value based on single SNP analysis. Levels of significance are indicated as \*\*\**P* < 0.001, \*\**P* < 0.01, \**P* < 0.05.

## Zusammenhang zwischen Genomischem Zuchtwert für RFI und dem RFI-Phänotyp

→ Keine echte Validierung, da die Daten, an denen die SNP-Effekte geschätzt wurden, mit den Daten, an denen der Zusammenhang demonstriert wird, identisch sind

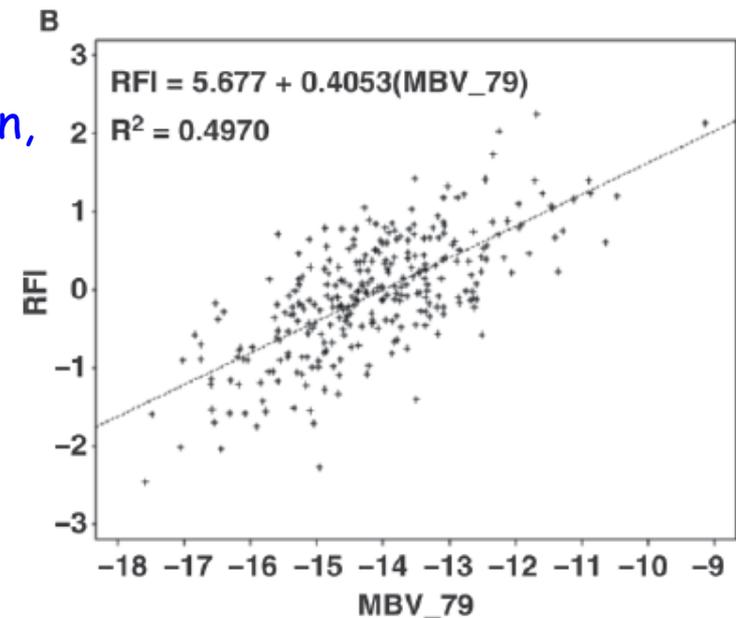
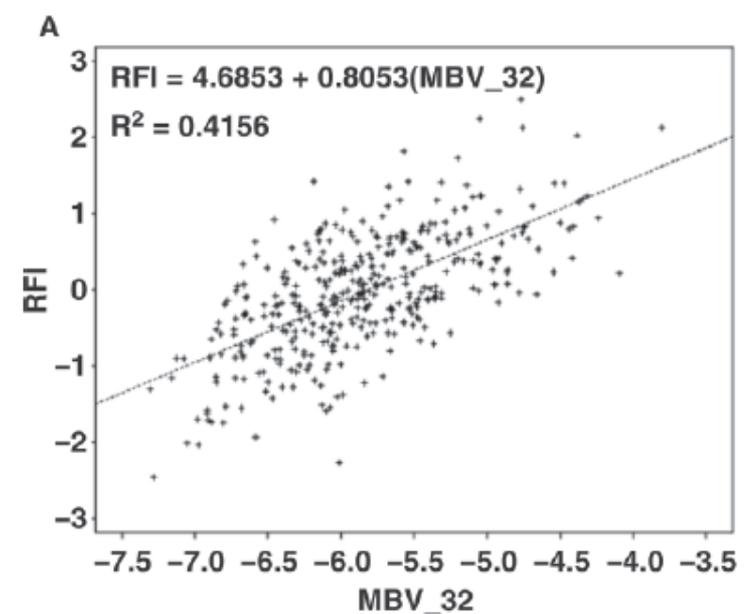
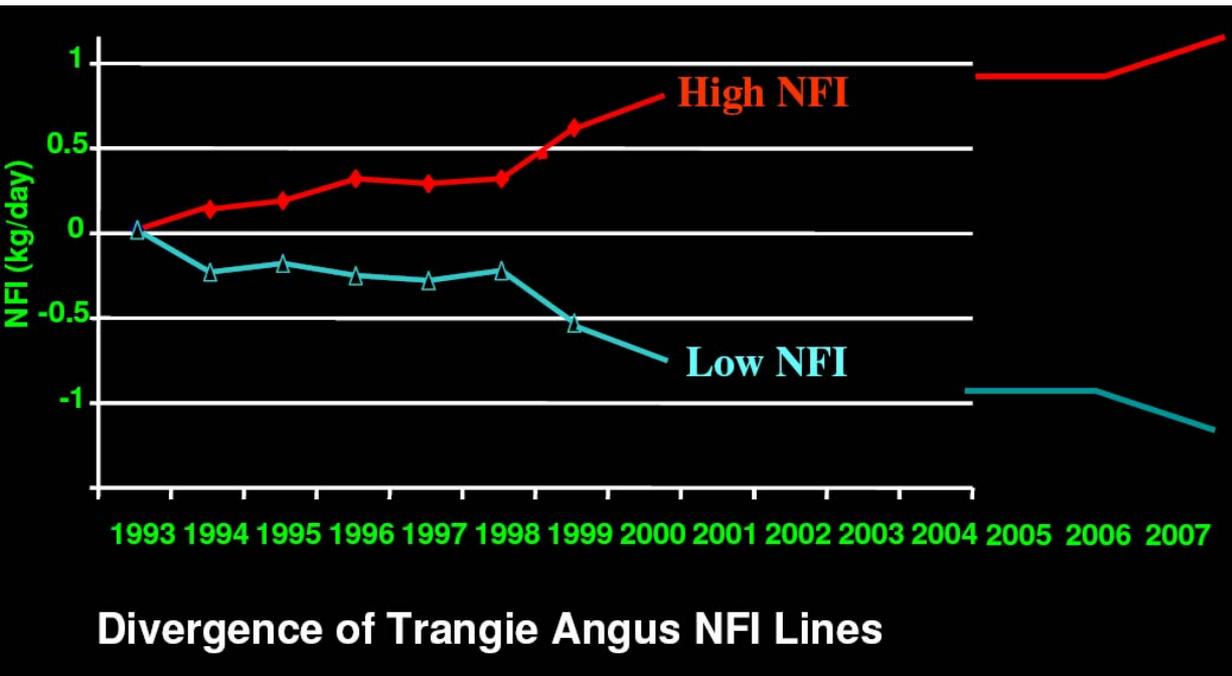


Figure 1. Regression plot of molecular breeding value (MBV) on residual feed intake (RFI). A) The multivariate MBV model had 32 SNP in the panel. B) The sequential MBV model had 79 SNP in the panel.

# Zucht von Angusrindern für Restfutterverzehr (= RFI bzw. NFI) in Trangie, NSW, Australien

→ Highline

→ Lowline



Keine Unterschiede in

- Absetzgewicht
- Tägliche Zunahme
- Anteil Teilstücke
- Fleischqualität

(Artur und Herd, 2008)

Donoghue, K. et al. (2009)  
Animal Variation Workshop "Livestock Breeding for Greenhouse Gas Outcomes"  
Wellington, NZ, 3. - 5. März

# Methanmessung bei Angus-Ochsen in Trangie, NSW



**Figure 1.** Steer fitted with methane collection apparatus. An aluminum collection canister (5 L) connected to air sampling points above the nose was mounted on a plastic saddle held in place by an elastic girth.

## Vergleich von Ochsen mit niedrigem /hohem RFI hinsichtlich der Methanproduktion

**Table 4.** Methane, feed intake, and growth characteristics of steers with the lowest (L; n = 10) and greatest (H; n = 10) residual feed intake measured over 15 d (RFI<sub>15d</sub>)

Item	L-RFI <sub>15d</sub>	H-RFI <sub>15d</sub>	SED	<i>P</i> -value
DMI, kg/d	8.38	14.13	0.83	<0.001
ADG, kg	1.126	1.229	0.080	0.21
G:F	0.142	0.088	0.006	<0.001
Methane, g/d	142.3	190.2	16.5	0.01
Methane, g/kg of ADG	131.8	173.0	22.8	0.09
Methane, g/kg of DMI	16.3	14.7	1.8	0.37

# Bisherige Ergebnisse des Trangie-Versuches

- ❖ Trotz der Ergebnisse wie in JAS (2007) ist der Zusammenhang zwischen RFI und der Methanproduktion nicht sehr ausgeprägt
- ❖ Es gab aber Tiere, die wenig Methan emittierten
- ❖ Bei Wechsel der Diät ist die Methanemission hinsichtlich der Rangierung der Tiere evtl. nicht wiederholbar

Hegarty, R.S. (2009)

Animal Variation Workshop "Livestock Breeding for Greenhouse Gas Outcomes"

Wellington, NZ, 3. - 5. März

# Forschung in Neuseeland zur Frage Methanausstoß durch das PGgRc:

F2-Design HOL x JER zur

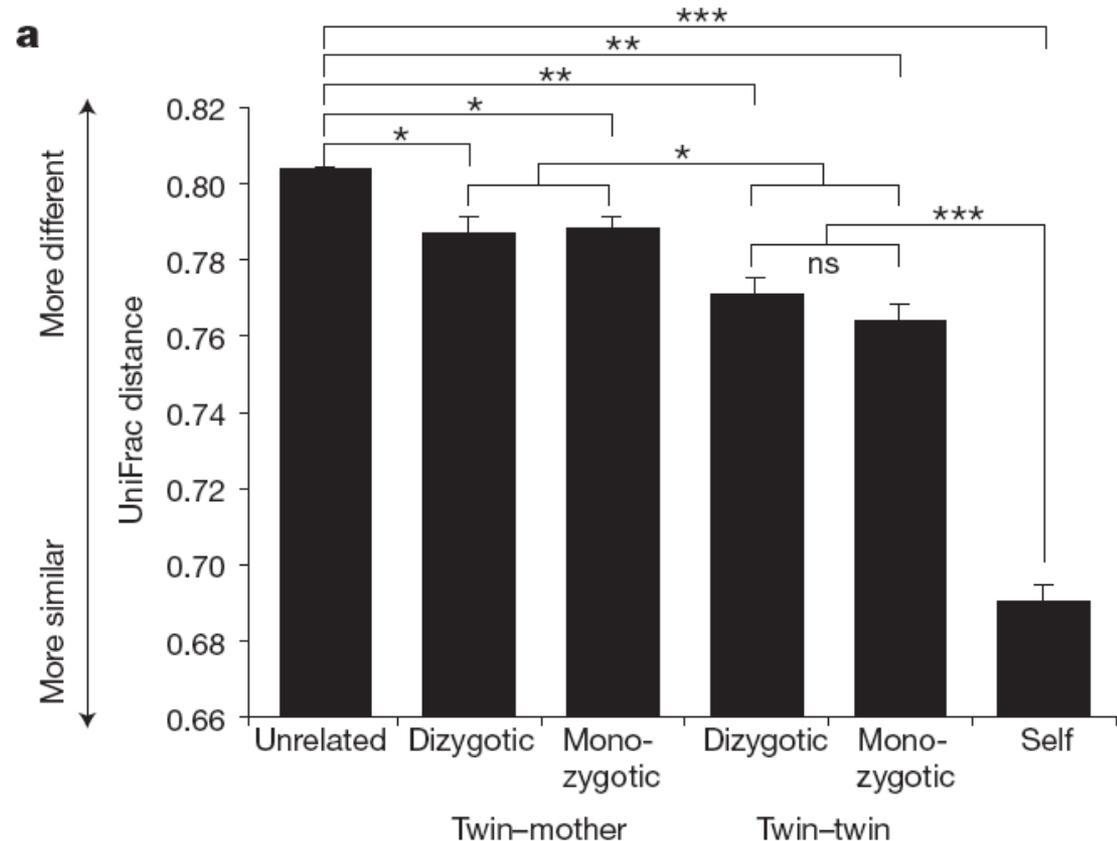
- QTL-Suche (herk. / Kandidatengene)
- Genome-wide association (SNPs)



Berry, S. (2009)  
Animal Variation Workshop  
"Livestock Breeding for Greenhouse Gas Outcomes"  
Wellington, NZ, 3. - 5. März

- n = 677 Tiere mit Methanmessung
- Ergebnisse:
  - Methanausstoß variiert von Tier zu Tier
  - Ein Teil davon ist genetisch bedingt
  - Es gibt QTL (z.B. für Methan g /kg TS u. Tag)
  - Phänotyp noch nicht akkurat genug
  - Mögliche Kandidatengene:
    - ✓ Futteraufnahme
    - ✓ Speichelfluß
    - ✓ Pansenmotilität
    - ✓ Anti-bakterielle Stoffwechselprodukte

# Ein Hinweis auf die genetische Determinierung der gastrointestinalen Mikrobienpopulation: Das Mikrobiom im Menschen: Ergebnis einer Zwillingsstudie



**Figure 1 | 16S rRNA gene surveys reveal familial similarity and reduced diversity of the gut microbiota in obese individuals. a,** Average unweighted UniFrac distance (a measure of differences in bacterial community structure) between individuals over time (self), twin pairs, twins and their mother, and unrelated individuals (1,000 sequences per V2 data set; Student's *t*-test with Monte Carlo; \* $P < 10^{-5}$ ; \*\* $P < 10^{-14}$ ; \*\*\* $P < 10^{-41}$ ; mean  $\pm$  s.e.m.).

## A core gut microbiome in obese and lean twins

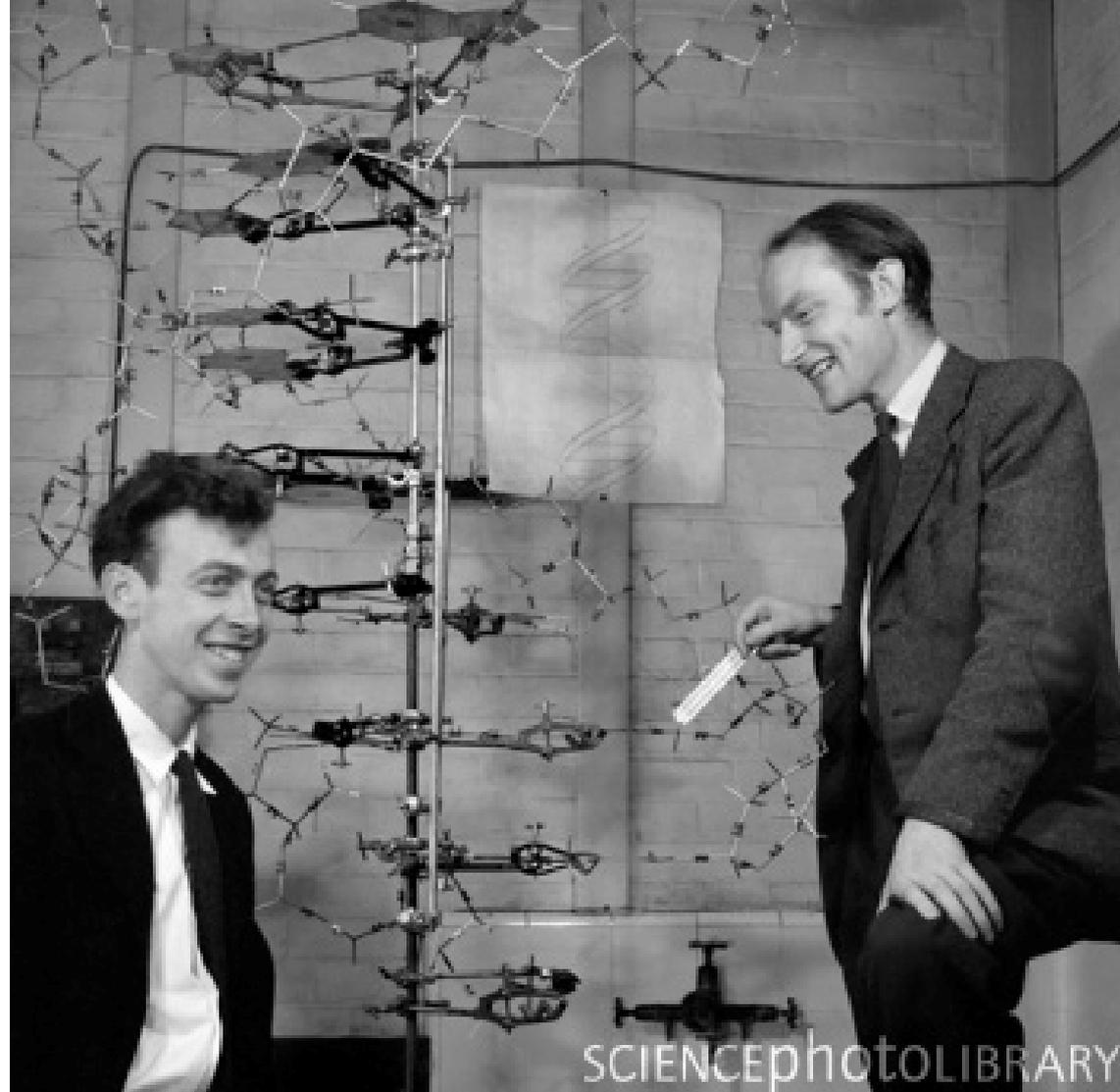
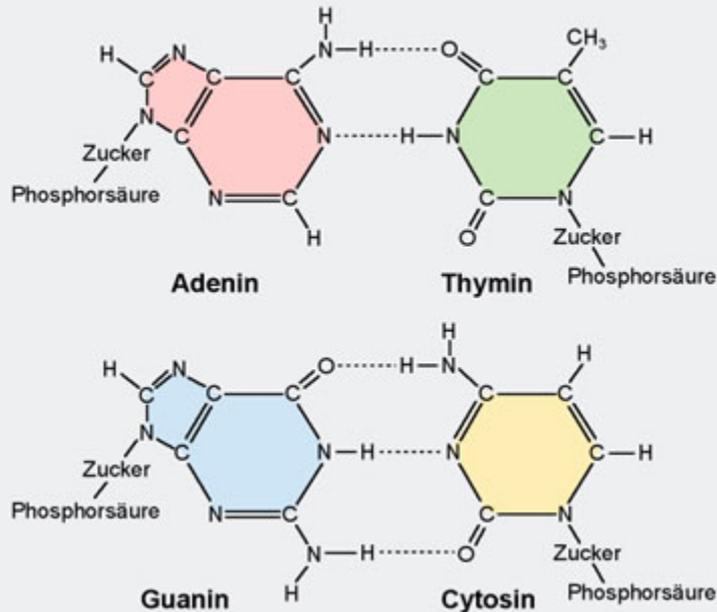
Peter J. Turnbaugh<sup>1</sup>, Micah Hamady<sup>3</sup>, Tanya Yatsunenکو<sup>1</sup>, Brandi L. Cantarel<sup>5</sup>, Alexis Duncan<sup>2</sup>, Ruth E. Ley<sup>1</sup>, Mitchell L. Sogin<sup>6</sup>, William J. Jones<sup>7</sup>, Bruce A. Roe<sup>8</sup>, Jason P. Affourtit<sup>9</sup>, Michael Egholm<sup>9</sup>, Bernard Henrissat<sup>5</sup>, Andrew C. Heath<sup>2</sup>, Rob Knight<sup>4</sup> & Jeffrey I. Gordon<sup>1</sup>

Methodische Aspekte:

Die Genomische Selektion

# Struktur der DNA

## Basenpaarungen in der DNS



J.D. Watson and F.H.C. Crick,  
*Nature*, **171**, 737-738 (1953)

## MOLECULAR STRUCTURE OF NUCLEIC ACIDS

**A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid**

**W**E wish to suggest a structure for the salt of deoxyribose nucleic acid (D:N.A.). This

# Single Nucleotide Polymorphism (SNP)

CCAGGTATTGAGGACTAATTGCCG

CCAGGTATTGAGGACGAATTGCCG



©2008, Illumina Inc. All rights reserved.

- ❖ Je Individuum „möglichst viele“ SNP bestimmen, dabei das ganze Genom „stichprobenmäßig“ abdecken
  - z.B. Boviner Chip mit 50.000 SNP
  - Humane Chips mit 100.000 oder 200.000 SNP
- ❖ Auch möglich: Custom-made-chips zur Untersuchung spezieller Regionen
- ❖ Preis derzeit ca. 100 bis 140 Euro je Individuum
- ❖ Technologie bekannt unter **Genome-wide Association**  
**Genome-wide Selection** (in der Zucht)

# Grundsätzliches Vorgehen in der Genomischen Selektion



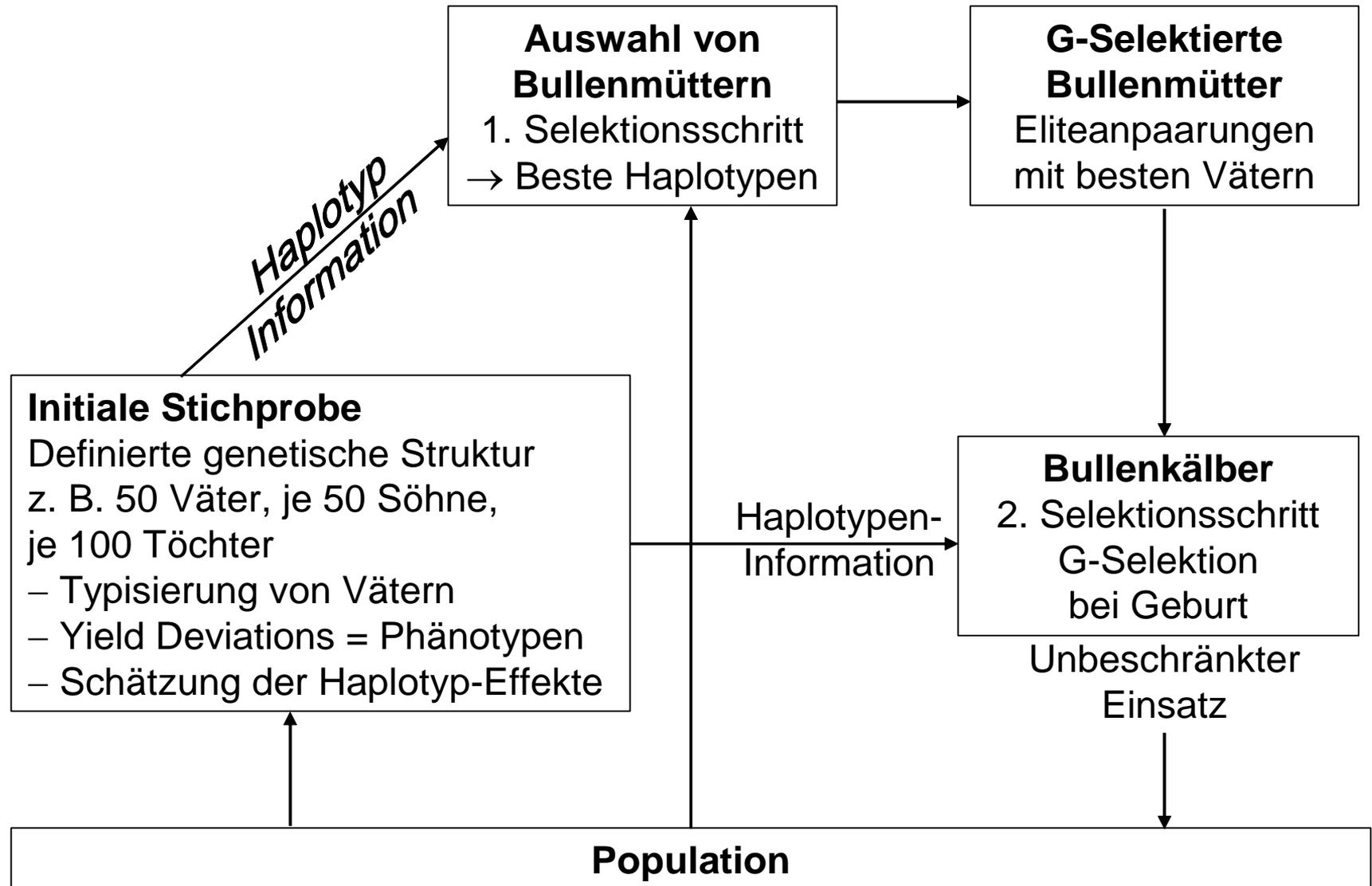
Typisierung einer initialen Stichprobe,  
Abgleich von SNP gegen Phänotypen  
(→ Schätzung der SNP-Effekte)

Verifikation der geschätzten SNP-Effekte  
in einer zweiten, unabhängigen Stichprobe  
(z. B. jüngere Bullengeburtjahre, Schätzung von GZW  
auf der Basis der SNP, Vergleich mit ZW von heute  
aus der Nachkommenprüfung)

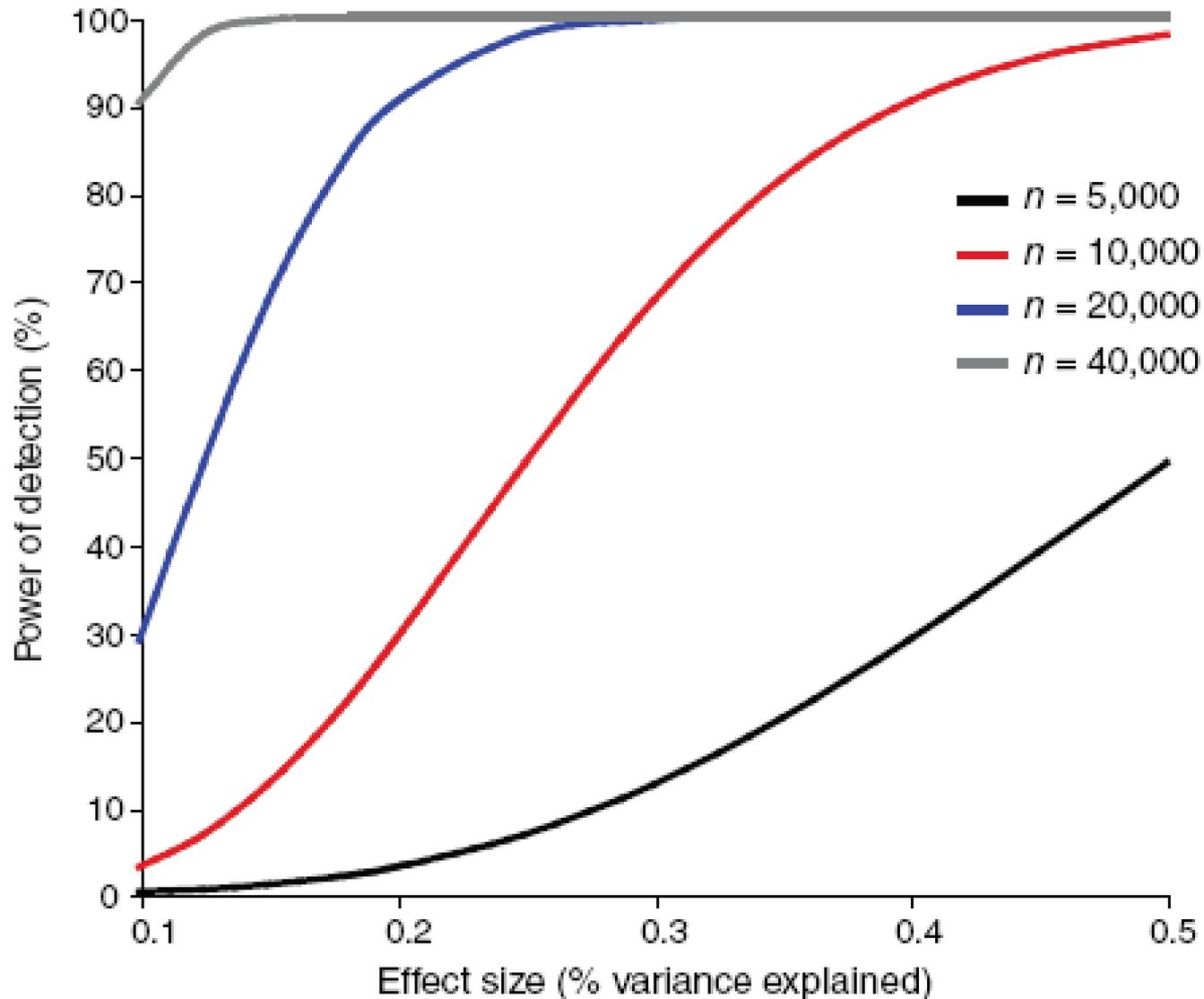
Erste Anwendung  
der Kenntnis der SNP-Effekte zur ZWS von Tieren,  
die (noch) keine Nk oder EL haben

Periodische Neuschätzung der SNP-Effekte

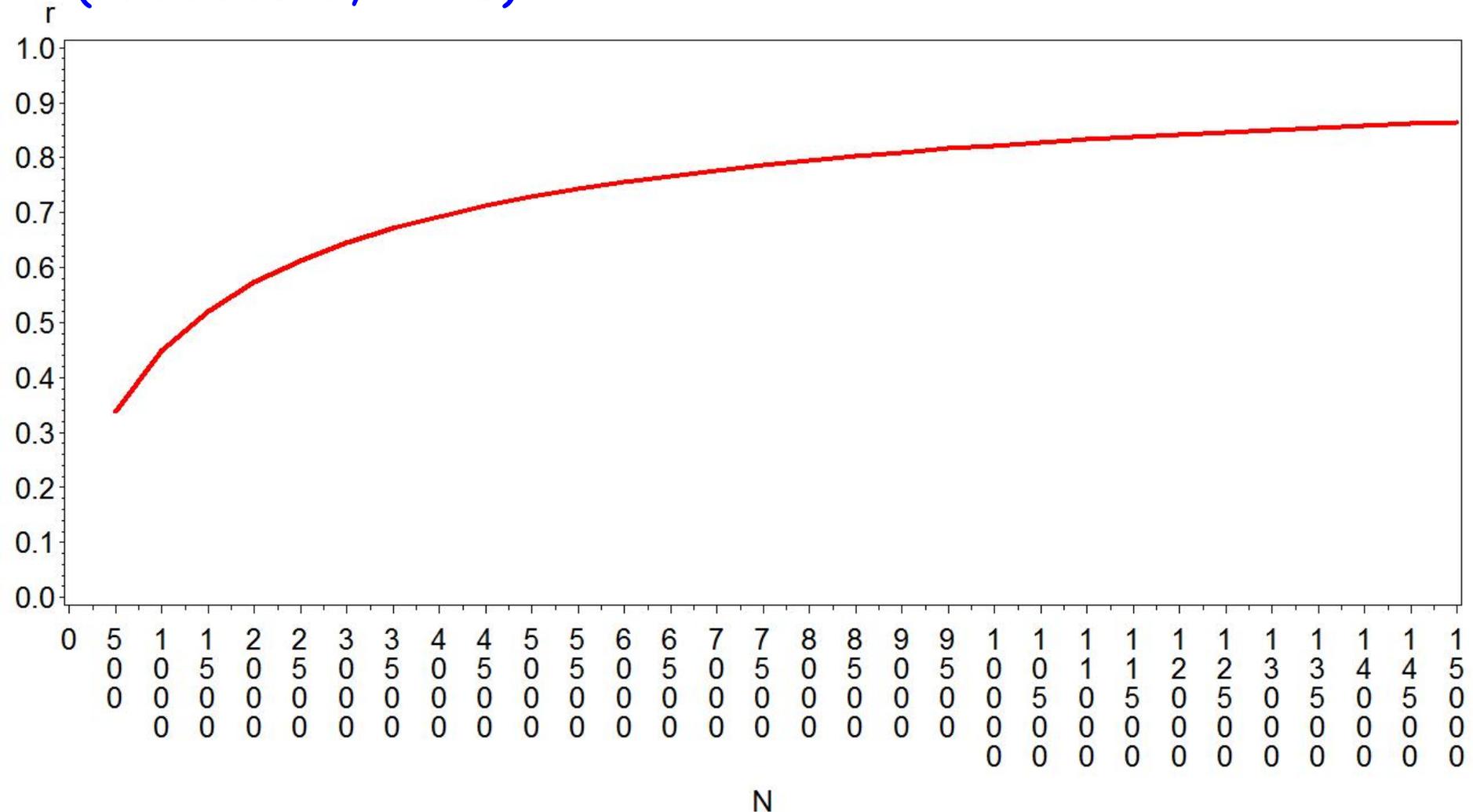
# Eckdaten des Genomischen Zuchtprogramms (1)



Die Mächtigkeit (Power), signifikante SNPs in einer GWA-Studie zu finden in Abhängigkeit von der Größe des Effektes (% variance explained) und der Stichprobengröße (Visscher, Nature Genetics, 2008)

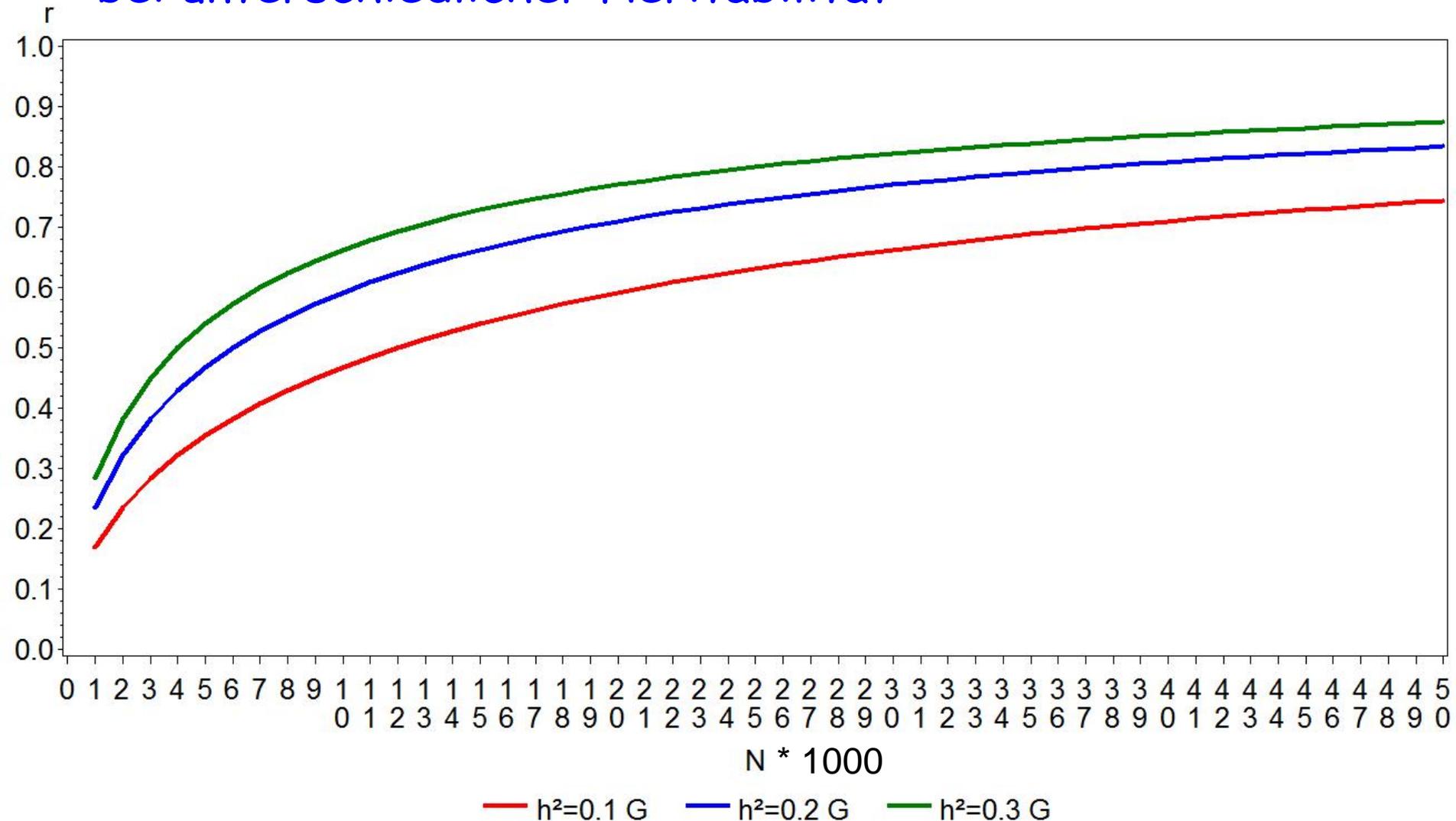


# Genauigkeit der GZW auf der Basis einer Lernstichprobe bestehend aus Bullen mit „sicher“ geschätzten Zuchtwerten (n. Goddard, 2008)

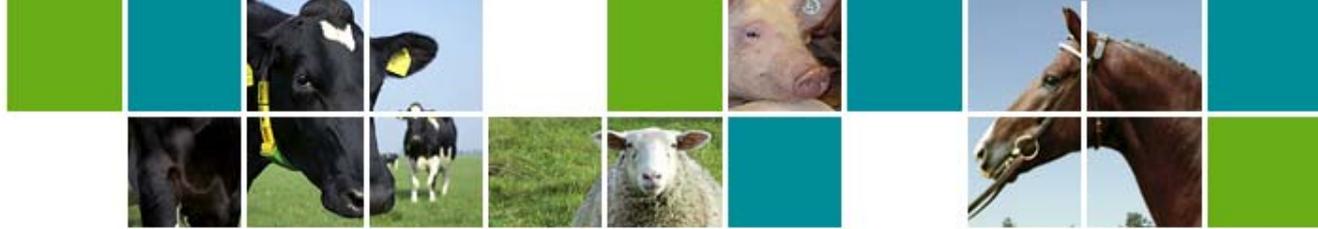


→ N = 15.000 reicht also!

# Genauigkeit der GZW auf der Basis einer Lernstichprobe aus individuellen Phänotypen (n. Goddard, 2008) bei unterschiedlicher Heritabilität



➔ 30.000 Kühe würden reichen,  $h^2$  sollte aber  $> 0.20$  sein!



## Sicherheiten der direkten genomischen Werte (dGW)

Merkmal	Si. dGW
RZM	70 %
RZS	65 %
RZE	63 %
RZN	52 %
RZR	48 %
KVp	64 %
KVm	55 %
RZD	50 %

- Die mittlere berechnete Sicherheit der direkten genomischen Werte reicht von 70% für Leistung bis zu 50% für niedrig erbliche funktionale Merkmale



# Pressemitteilung Eurogenomics 4. März 2010



## PRESSEMITTEILUNG

### EuroGenomics verbessert signifikant die Sicherheit der genomischen Zuchtwertschätzung

Die konventionellen Zuchtwerte der EuroGenomics-Bullen stammen alle aus hoch entwickelten Datenerfassungssystemen und Herdbuchführungen mit umfassenden Fruchtbarkeitsdaten. Sie schließen nicht nur die Milchleistungsdaten aller Kühe (d. h. 19 Mio. Töchter von EuroGenomics-Bullen), sondern auch die Daten der funktionalen Merkmale ein. Dieses ist die Grundlage für die weitere Verbesserung der Sicherheit der genomischen Zuchtwertschätzung. **Die neue Vorgehensweise führt zu Sicherheiten, die die aktuelle Genauigkeit von genomischen Zuchtwerten um rund 10% übertrifft.**

Die hohe Qualität der genomischen Zuchtwerte, die auf mehr als 16.000 Bullen der EuroGenomics Referenzpopulation basiert, wird durch das neue Interbull-Validierungsverfahren für die nationalen genomischen Zuchtwertschätzverfahren bestätigt werden, sobald dieses zur Anwendung kommt.

# Zwischenergebnis für die Milchrinderzucht

- ❖ Lernstichprobe (Bullen) muss möglichst groß sein
  - ✓ Für die Rasse Holstein durch *Eurogenomics* erfüllt
    - ➔ Dies gilt aber nur für die Standard-Merkmale Milch, Nutzungsdauer, Exterieur, Zellzahlen, (Fruchtbarkeit, Kalbeverlauf)
- ❖ Für neue Merkmale, welche nicht flächendeckend erhoben werden können, braucht es neue Lernstichproben
  - ✓ Testherden im Umfang von 30.000 bis 50.000 Kühen
    - ➔ Für Merkmale mit  $h^2 < 0.20$  bleibt es schwierig
    - ➔ Also neue Merkmale suchen, welche dies erfüllen!
    - ➔ Die Kosten je Chip müssen allerdings sinken!

## Testherden unter den Bedingungen der Genomischen Selektion?

- ❖ Grundlage der Merkmalerfassung für neue Merkmale
- ❖ Grundlage für die Daten zur periodischen Neuschätzung
- ❖ Laufende Überprüfung für tatsächliche Auswirkungen bei nur indirekt erfassten Merkmalen
- ❖ Akkurate Erfassung genetischer Defekte

# Schlussfolgerungen

- ❖ Züchterische Anstrengungen zur Senkung von Emissionen und zum Ressourcenschutz sollten beim System der Produktion und beim Tier selbst ansetzen
- ❖ Zwar ist die Restfutteraufnahme ein wesentlicher Ansatz, direkte Emissionsmessungen müssen aber noch verbessert werden, um große Tierzahlen prüfen zu können
- ❖ Die genomische Selektion ist für die Milchrinderzucht tatsächlich eine Revolution
- ❖ Zukünftige Lernstichproben für „neue“ Merkmale werden u.U. auf der Typisierung von Kühen basieren

