



Genomik in der Rinderzucht für bessere Tiergesundheit



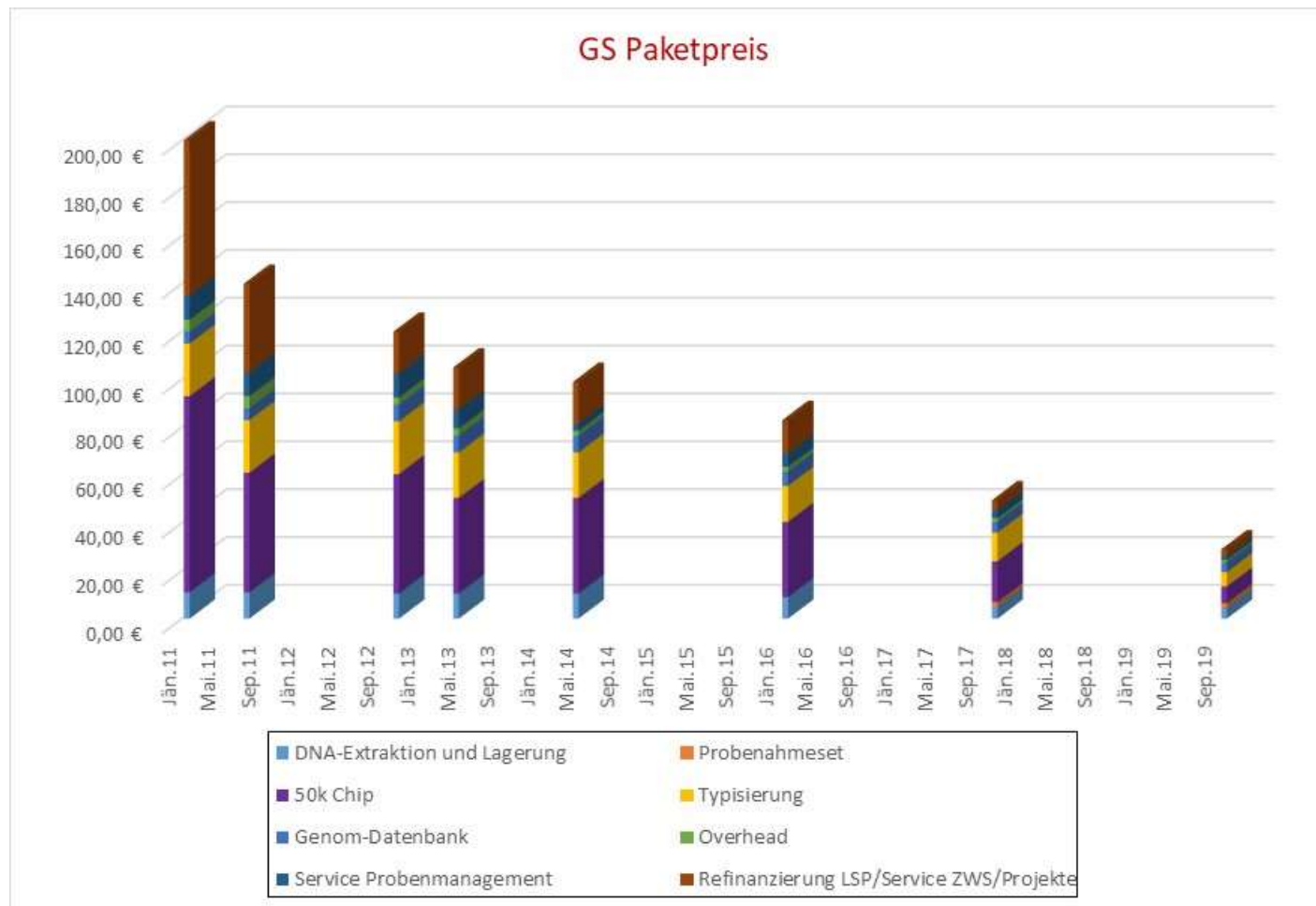
Dr. Hermann Schwarzenbacher, Dr. Christian Fürst ZuchtData GmbH

*Salzburger Managementprofi 2019
Pfarrwerfen, am 29. Jänner 2020*

SNP Chips haben die Rinderzucht verändert!



Entwicklung der Genotypisierungspreise



1) Herdengenotypisierung

- Projekt FoKUHs

2) Prinzip genomische ZWS

- Neues Verfahren: Single-Step ZWS

3) Was bringt die Herdentypisierung am Betrieb?

Teil 1 Herdengenotypisierung

Herdengenotypisierung

- **Genotypisierung von weiblichen Tieren für Züchter zunehmend interessant**
 - Innerbetrieblichen Selektion
 - Kosten Bestandesergänzung reduzieren
 - Gezielte Paarung und betriebsspezifische Zuchtziele
- Kuhtypisierung **besonders wichtig** bei Merkmalen die erst seit kurzer Zeit erhoben werden → **Gesundheitsmerkmale**
 - Lernstichprobe über geprüfte **Stiere: 10 bis 15 Jahre**
 - Über Kuhtypisierung grundsätzlich **innerhalb weniger Jahre** möglich

Herdengenotypisierung

- Typisierung weiblicher Tiere ist heute strategischer Faktor im **Wettbewerb der Rassen**
Stand in den USA
 - **2,43 Mio** Genotypen total, **91% weiblich**
 - 10.000-20.000 Neutypisierungen pro Woche
 - **>400.000** Kühe in **Lernstichprobe** Milch
- **Projekte zur systematischen Geno- und Phänotypisierung** von weiblichen Tieren in vielen Ländern
- Das Ziel ist **Aufbau einer Kuhlernstichprobe**, häufig Schwerpunkt auf **Gesundheitsmerkmale**

Förderung / Finanzierung

„BLÜM“: Sonderrichtlinie zur Förderung der Land- und Forstwirtschaft aus nationalen Mitteln

Eckpunkte

- 5 Jahre Laufzeit
- Förderquote 62,5%
- Bund 60%, Länder 40%
- Eigenmittel:
 - Beitrag Zuchtorganisationen
 - Beitrag Züchter

- Genomische Zuchtwerte für Gesundheitsmerkmale und Klauengesundheit
- Erhöhung der Sicherheiten für genomische Zuchtwerte
- Erwartungstreue Genomzuchtwerte

FoKUHs Projektstruktur

Projektmanagement

Genotypisierung

Phäno-
typisierung

Zuchtwert-
schätzung

Management-
tools

Phänotypisierung

Phänotypen im Projekt (gesamte Laufzeit!)

- Abstammung + Standardmerkmale
- Valide Gesundheitsdatenerfassung
(auf Basis von tierärztlichen Diagnosen, egal wer erfasst)
- Lineare Beschreibung aller Erstlaktierenden durch den ZVB
- Stoffwechsel (2 x Ketotest bei Erstlaktierenden, RDV-Eingabe LKV)
- Klauengesundheit Klauenpflegedaten von allen Kühen

Genotypisierungszahlen

Juli 2018

Panel	nSNP	nSample	SNP(mio)
geno_Illumina_K50_v2	54609	51775	2827
geno_Illumina_K50_CustV2	56715	33092	1876
geno_Illumina_HD	777962	1254	975
geno_Illumina_K50_CustV1	56263	15692	882
geno_Illumina_K50_CustV4	46691	15262	712
geno_Illumina_K50_CustV3	45994	14547	669
geno_Illumina_K50_V1A	54001	6301	340
geno_Illumina_K80GGPHD	76879	2975	228
geno_Illumina_K50_V1B	54001	4160	224
geno_Illumina_K50_V2_FRA	54609	682	37
geno_Illumina_K50_V3_FRA	53218	94	5
Total	-	145834	8775

Dezember 2019

Panel	nSNP	nSample	SNP(mio)
geno_Illumina_K50_CustV4	46691	100261	4681
geno_Illumina_K50_v2	54609	51775	2827
geno_Illumina_K50_CustV2	56715	33091	1876
geno_Illumina_K50_CustV5	56460	21750	1228
geno_Illumina_HD	777962	1254	975
geno_Illumina_K50_CustV1	56263	15691	882
geno_Illumina_K50_CustV3	45994	14547	669
geno_Illumina_K50_V1A	54001	6301	340
geno_Illumina_K80GGPHD	76879	2975	228
geno_Illumina_K50_V1B	54001	4160	224
geno_Illumina_K50_V3	53218	962	51
geno_Illumina_K50_V2_FRA	54609	682	37
geno_Illumina_K50_V3_FRA	53218	213	11
Total	-	253662	14029

74% Datenzuwachs in letzten 1 1/2 Jahren

Aktueller Stand des Projekts

Entwicklung der Erfassung der Phänotypen (Stand 01/2020)

- 21.469 Genotypisierungen
- 8.800 LBEs von Erstlaktierenden
- 403 Betriebe mit validen GMON Daten
- 13.391 Klauenpflegeaufzeichnung von Tieren
- 5.355 Ketotests von Kühen am Tag 7
- 5.203 Ketotests von Kühen am Tag 14

Herdentypisierung

Übersicht über laufende Projekte in AT und DEU

Projekt				
Land	Österreich	Bayern, Baden-Württemberg	Baden-Württemberg	Deutschland (incl. AT)
Laufzeit	01.18-12.22	07.17-06.20	01.19-12.21	06.16-09.20
Anzahl Betriebe	463 346-FV 57-BV 60-HF (Teiln. an Kuhvision)	182 (Stand 02.19)	200	1.250 (Stand 01.19, incl.Herdentypisierung)
Rassen	FV, BV, HF	BV	FV	HF
Anzahl Genotypisierungen	35.000 (FV) 5.500 (BV) 5.500 (HF)	38.000	20.000	Ziel 250.000 aktuell > 300.000 (Stand 01.19)

FLEQS, Bayern, 3 Jahre Laufzeit, total 80.000 FV Typisierungen

- Bullenmodell: 50 Töchter / KB Stier (15000Toe/Jahr), Exterieurbeschreibung
- Herdenmodell: Ziel 300 Betriebe, Gesundheitsdaten, Klauenpflegedaten, Verhalten

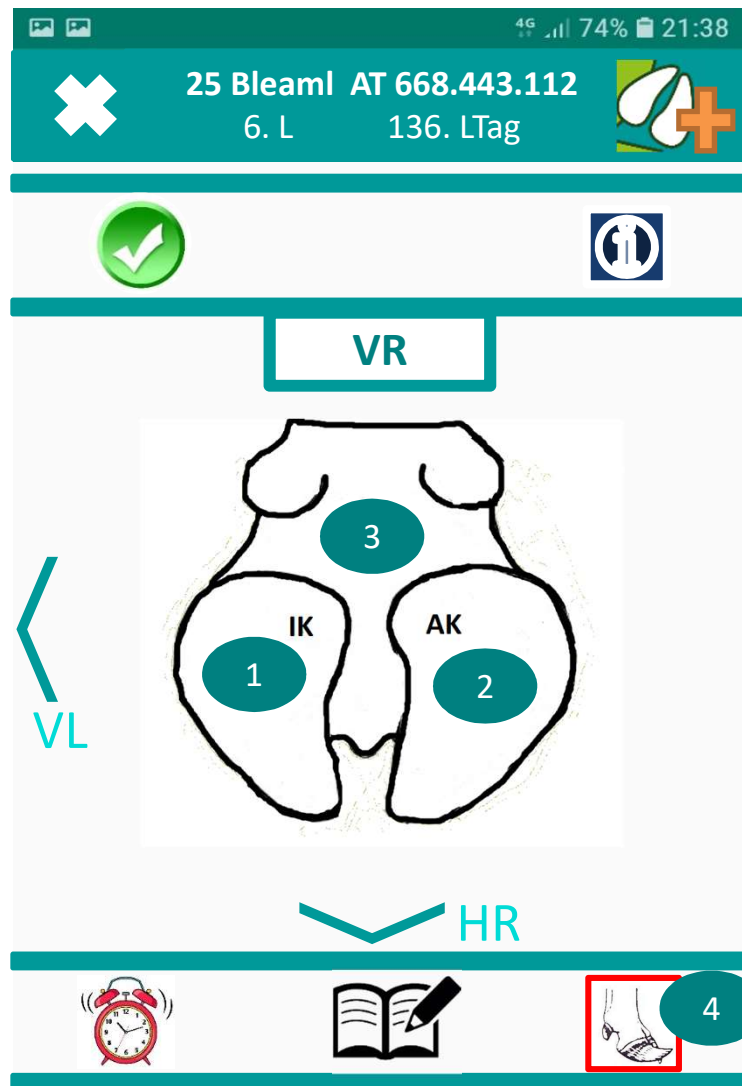
Herdentypisierung

Übersicht über laufende Projekte in AT und DEU

Projekt				
Erfasste Phänotypen	Ein Programm für alle	Ein Programm für alle	Mehrere Programme: Basis, Premium, Premium+	Mehrere Programme: Basis, Basis+, Basis++
	Standardmerkmale	Standardmerkmale	Standardmerkmale	Standardmerkmale
	Gesundheitsdaten über GMON als tierärztl. Diagnosen	Gesundheitsdaten über ProGesund und GMON als Diagnosen und Beobachtungen; Kälbererkrankungen incl. Trinkschwäche	Gesundheitsdaten über GMON; Kälbererkrankungen incl. Trinkschwäche	Gesundheitsdaten über GMON;
	Stoffwechsel (Ketotests)		Verhalten: (Saugverhalten, Melkverhalten, Kuhcharakter)	
			Legendgewichte und Körpermaße	
	Klauenpflegedaten		Klauenpflegedaten	Klauenpflegedaten
	lineare Beschreibung	lineare Beschreibung	lineare Beschreibung	lineare Beschreibung

Neuerung I: App zur Erfassung von Klauenpflegedaten (Einführung ab 06/2020)





Erfassung Klauenbefunde

4 mögliche Klauenzonen:

1. Innenklaue
2. Außenklaue
3. Zwischenklauenspalt + Kronsaum +
Haut ober Weichballen
4. Besonderheiten

25 Bleaml AT 668.443.112
6. L 136. LTag

VR

VL

HR

1

25 Bleaml AT 668.443.112
6. L 136. LTag

Klauenbefunde Innenklaue

Konkave Vorderwand (KV)

Klauenfäule (ID)

Doppelte Sohle (DS)

Ballenhornfäule (BF)

Hornspalt/-kluft (HR)

Sohlenblutung (SB)

Klauengeschwür (KG)

Dünne Sohle (DUN)

Weißer-Linie-Erkrankung (WL)

Dermatitis Digitalis (DD)

bestätigen

Auswahlfenster
Mehrfachauswahl

Neuerung: Klauengesundheit im LKV Herdenmanager

Klauenbefunde aktuell



Klauengesundheit >

Klauenbefunde aktuell

Zeitraum variabel

Datum von: 10.12.2018

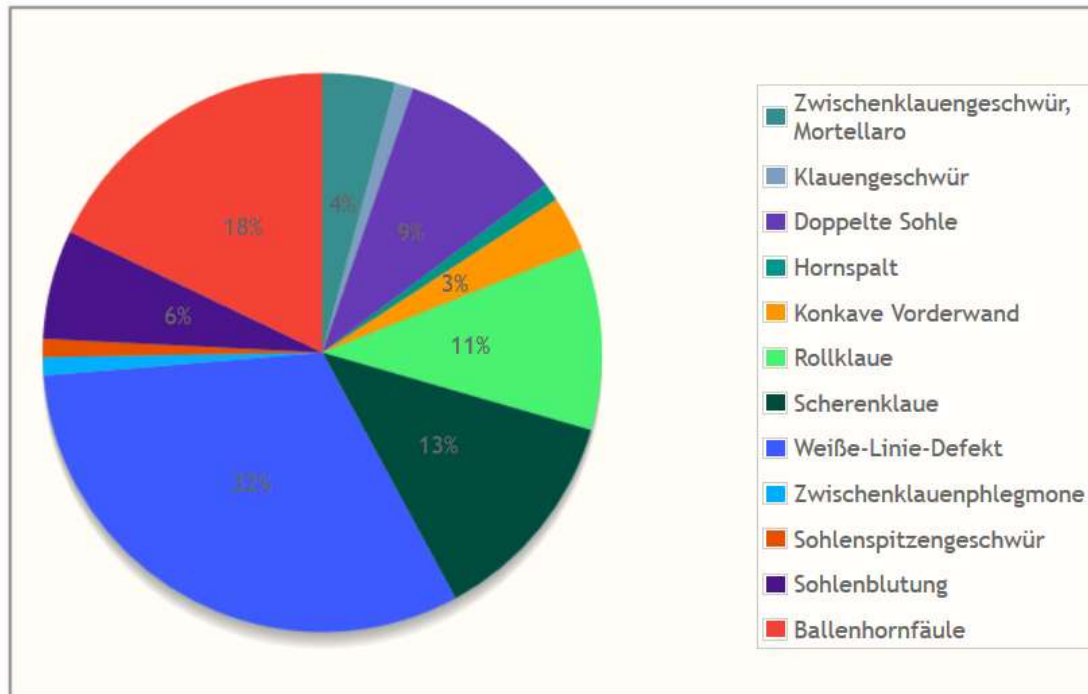


Datum bis: 10.12.2019



Anzeigen

Anzahl Befunde	95	Tiere
Anzahl betroffene Tiere	39	Tiere
Durchschnittliche Kuhzahl:	38,7	Tiere



Probemelkungen

Tierlisten

Tiere

Dateneingabe

Aktionslisten

Auswertungen

Eutergesundheit

Fruchtbarkeit

Stoffwechsel

Kälbergesundheit

Klauengesundheit

Klauenbefunde aktuell

Entwicklung
Klauengesundheit

Diagnosen

Einstellungen

Klauenbefunde aktuell

- 🎯 Tiere
- 📄 Dateneingabe
- 📅 Aktionslisten
- 📊 Auswertungen
- 📈 Eutergesundheit
- ⚙️ Fruchtbarkeit
- ⚙️ Stoffwechsel
- ⊕ Kälbergesundheit
- 📊 Klauengesundheit
 - Klauenbefunde aktuell**
 - Entwicklung Klauengesundheit
- 📁 Diagnosen
- ⚙️ Einstellungen

Klauenbefunde im Zeitraum			
Befunde	Anzahl Befunde	Anzahl Tiere	Anteil betroffene Tiere (%)
Zwischenklauengeschwür, Mortellaro	4	4	10,3
Klauengeschwür	1	1	2,6
Doppelte Sohle	9	9	23,1
Hornspalt	1	1	2,6
Konkave Vorderwand	3	3	7,7
Rollklaue	10	10	25,6
Scherenklaue	12	11	28,2
Weißer-Linie-Defekt	30	28	71,8
Zwischenklauenphlegmone	1	1	2,6
Sohlenspitzen-geschwür	1	1	2,6
Sohlenblutung	6	6	15,4
Ballenhornfäule	17	17	43,6

betroffene Tiere aufrufen

Teil 2 genomische Zuchtwertschätzung

Prinzip Zuchtwertschätzung (ZWS)

Verwandte Tiere sind sich ähnlicher!

- Grad der Verwandtschaft: **Verwandtschaftskoeffizient**
- **Erblichkeitsgrad**: umso höher, desto mehr Info in einer Leistungsinformation über Genetik

Was macht die ZWS?

- nutzt gesamte verfügbare Leistungsinfo
 - Erblichkeit **geschätzt** in vorgelagerten Studien
- paarweise Anteile gleicher Gene für alle Tiere in der ZWS
 - über Pedigree abgeleitet → „Verwandtschaftsmatrix“
 - sind **Durchschnittswerte**
- wechselseitige Abhängigkeiten
 - daher ZW für alle Tiere gleichzeitig geschätzt

Prinzip genomische ZWS

Erweiterung der konventionellen ZWS

- genomweite Genotypisierung aller Tiere mit je 40.000 **SNP Marker** über **SNP Chips**
- erlaubt **genaue** Schätzung der **Verwandtschaft** zwischen Tieren

konventionelle ZWS

paarweise Anteile gleicher Gene für alle Tiere in der **ZWS**

- über **Pedigree** abgeleitet
→ „Verwandtschaftsmatrix“
- sind **Durchschnittswerte**

genomische ZWS: „G-BLUP“

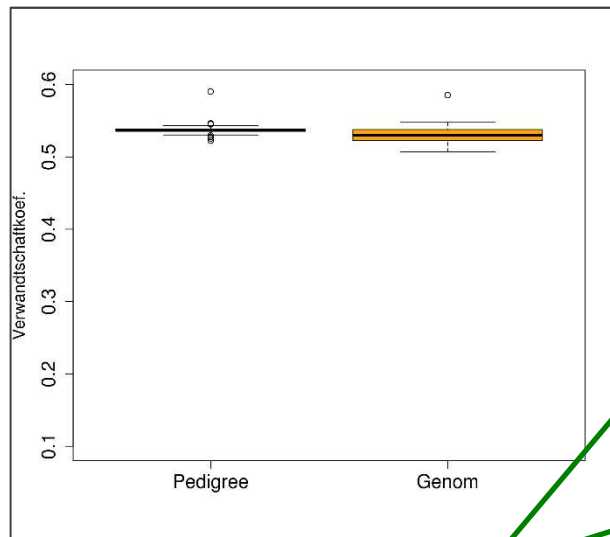
paarweise Anteile gleicher Gene für alle Tiere in der **gZWS**

- über **SNP Marker** abgeleitet
→ „genom. Verwandtschaftsmatrix“
- sind **exakte Werte**

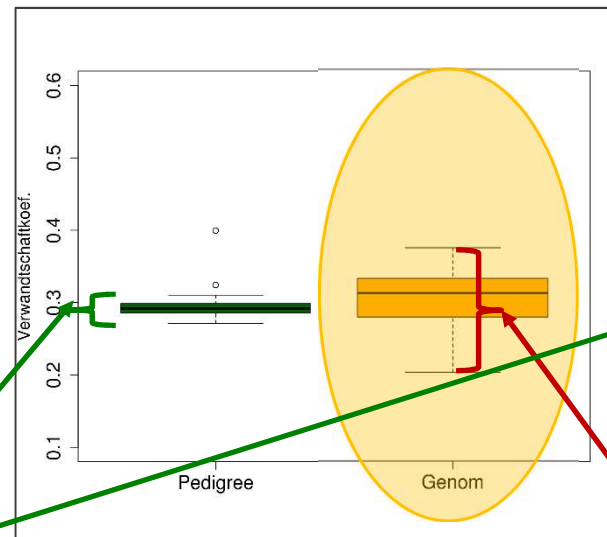
Prinzip genomische ZWS

Verwandtschaftskoeffizienten aus konventioneller und genomischer ZWS (Fleckvieh, Dez. 2018).

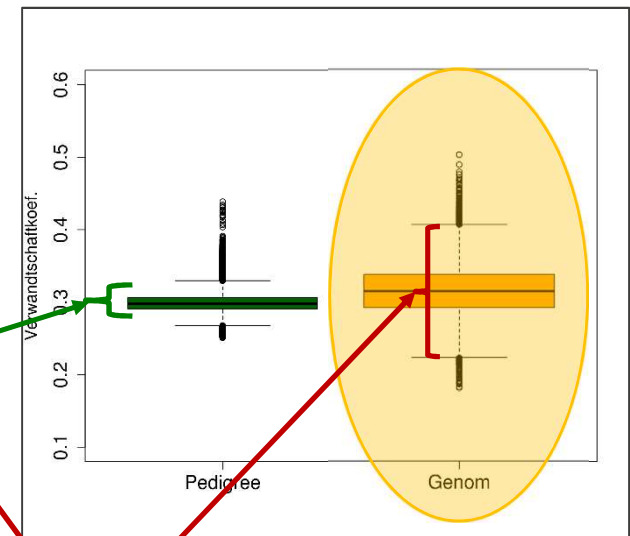
**Nachkommen-
Väter**



**Nachkommen-
Großväter**



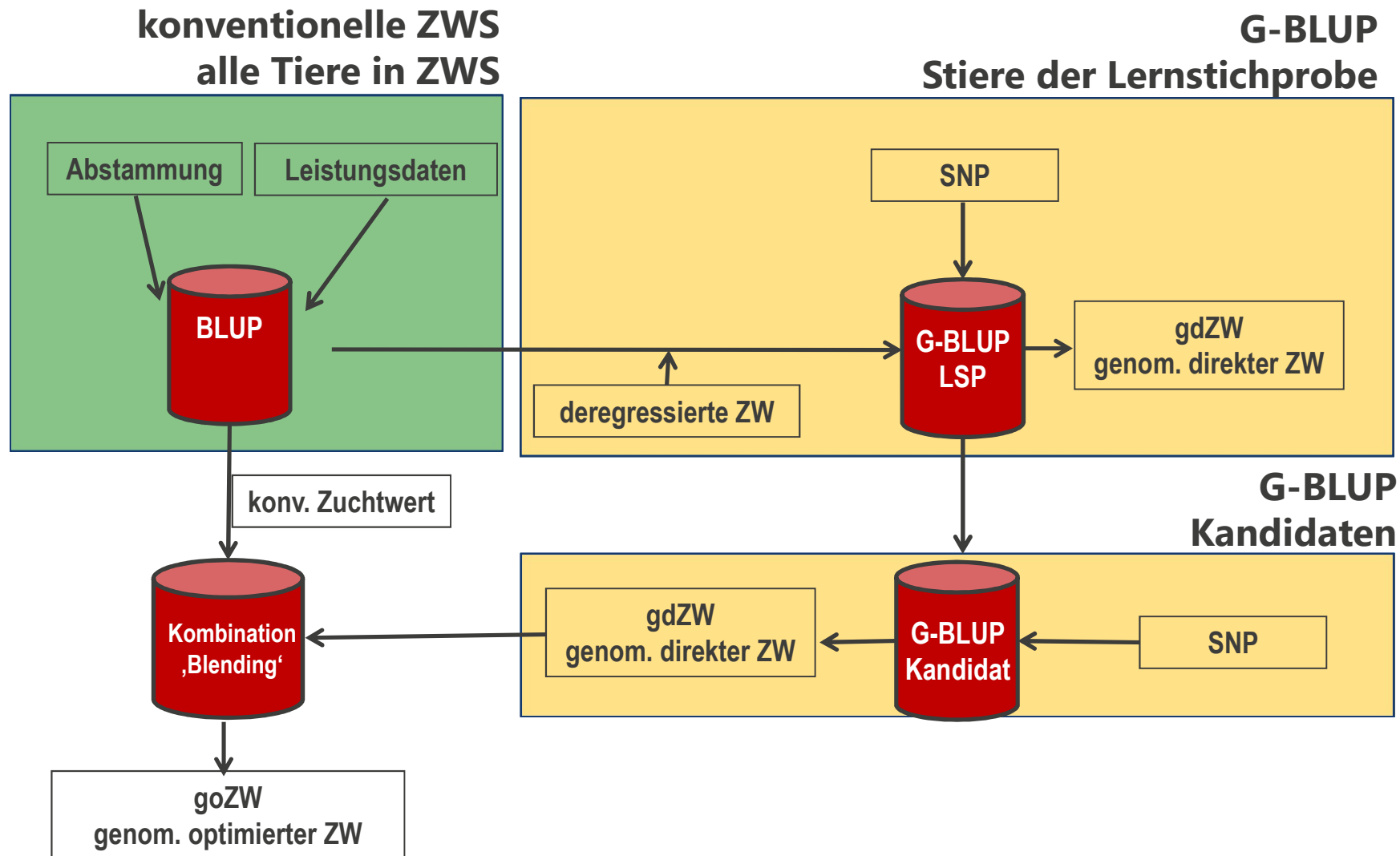
**väterliche
Halbgeschwister**



**BLUP: Durchschnittswerte
aus Pedigree**

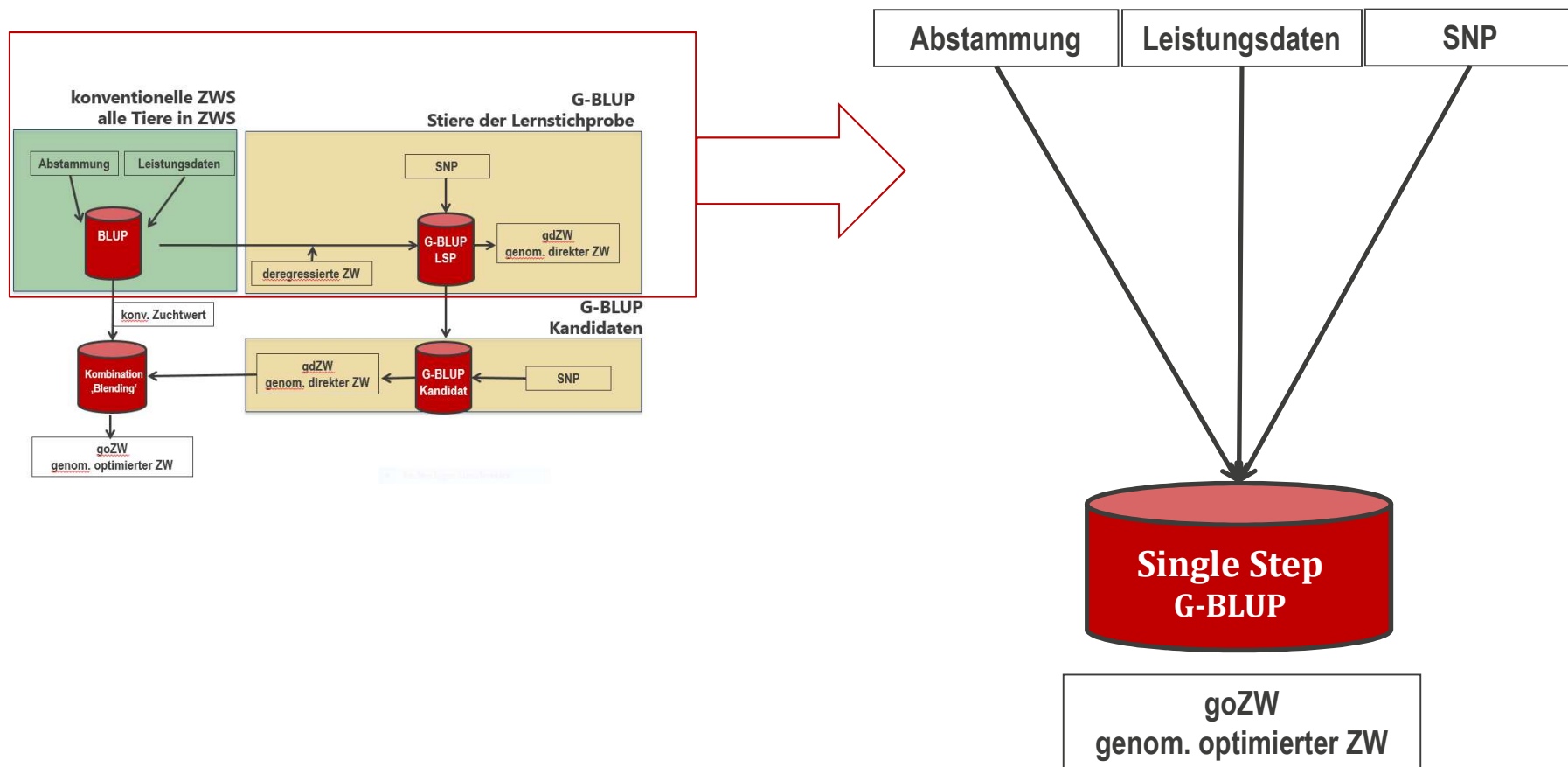
**G BLUP: wahre Verwandtschaft,
daher auch mehr Streuung**

Zum genom. Zuchtwert in 2 Stufen



NEU: Single Step ZWS

Legarra und Misztal, 2009: Zusammenführung konv. und genom. ZWS in ein Verfahren



Single Step ZWS

Herzstück: Kombination von genomischer und abstammungsbasierter Verwandtschaft

- Genominfo **ins Pedigree ,zurückgerechnet'**
 - Sehr geringe Auswirkung auf entfernte Vorfahren
 - Große Auswirkung auf **junge Tiere ohne Genotyp**
 - **Informationszugewinn** wenn diese mit Leistung

Nutzen aus neuem Verfahren

- Berücksichtigung von **genomischer Vorselektion**
- Alle Tiere mit Leistung tragen zur Schätzung bei
- Daher optimal zur **Einbeziehung** von Daten aus **Herdentypisierungsprojekten** in Genomik

Einführung Aug. 2019 bei Exterieur im Fleckvieh!

Teil 3 Was bringt die Typisierung am Betrieb?

Teil 3.1

Was taugen die Genomzuchtwerte?

Dr. Christian Fürst, ZuchtData, Wien

*Verwendung von Daten des ZWS-Teams Deutschland-Österreich-Tschechien,
insbesondere von Dr. Reiner Emmerling und Dr. Dieter Krogmeier, LfL Grub*

Auswertung 1: Milch

STIERE:

Genomischer Zuchtwert und Töchterleistung

- **Daten:**

- Fleckvieh-Stiere, die im Apr. 16 noch ein genom. Jungvererber (GJV) waren ($\text{Si.GZW} \leq 70\%$) und im Aug. 19 Nachkommen-geprüft (NK, $\text{Si.GZW} \geq 80\%$)
- $n=1.063$

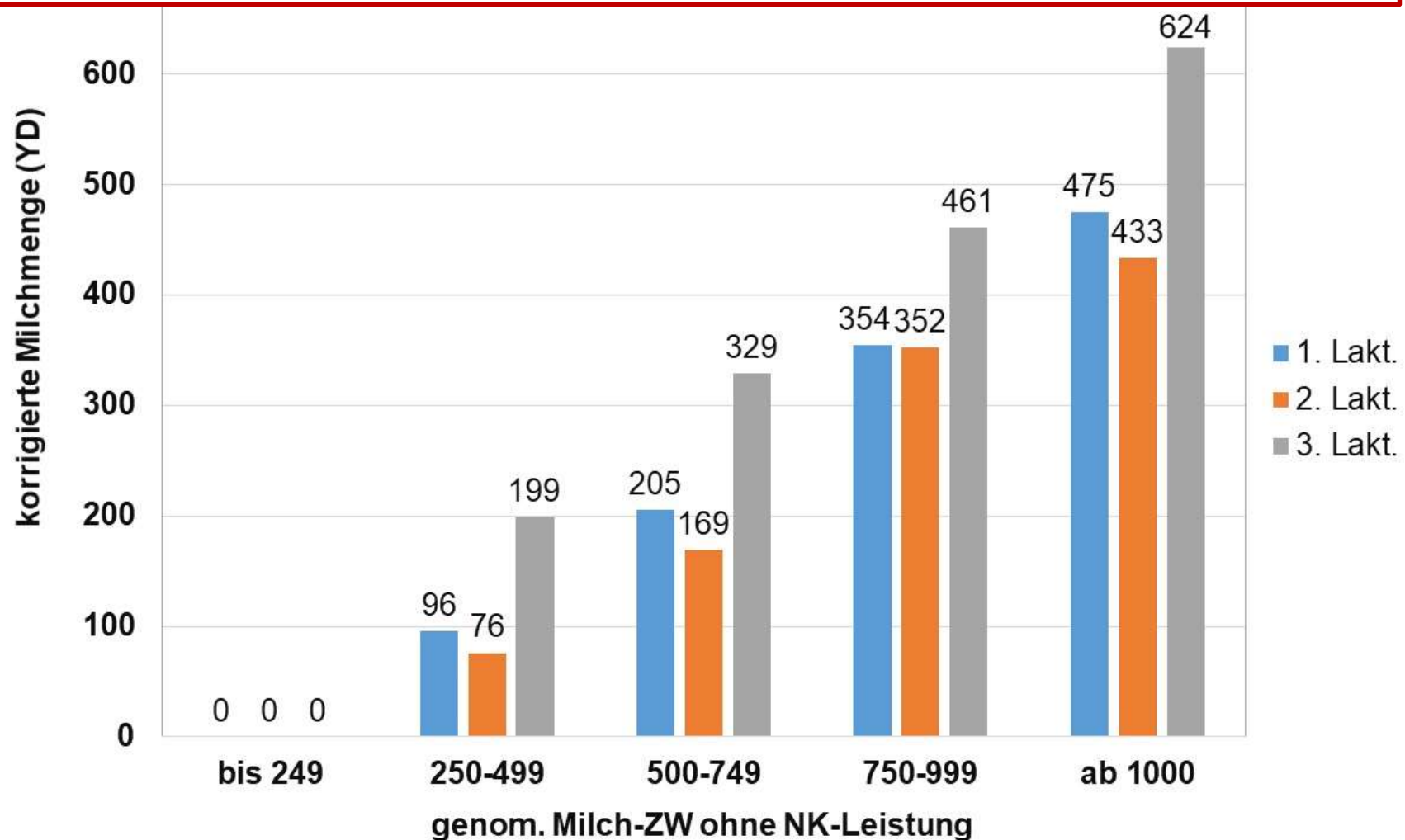
- **Frage:**

- **wie ist die Milchleistung der Töchter in Abhängigkeit vom genom. ZW der Väter als GJV?**

ausgedrückt als umwelt- und anpaarungskorrigierte Milchleistung
(daughter yield deviation = DYD)

Zusammenhang zw. gZW als GJV und MILCHLEISTUNG der Töchter beim Fleckvieh

gZW für Milch-kg +1000 → Töchter um 500 kg überdurchschnittlich



Auswertung 1: Milch

KÜHE:

Genomischer Zuchtwert und Eigenleistung

- **Daten:**

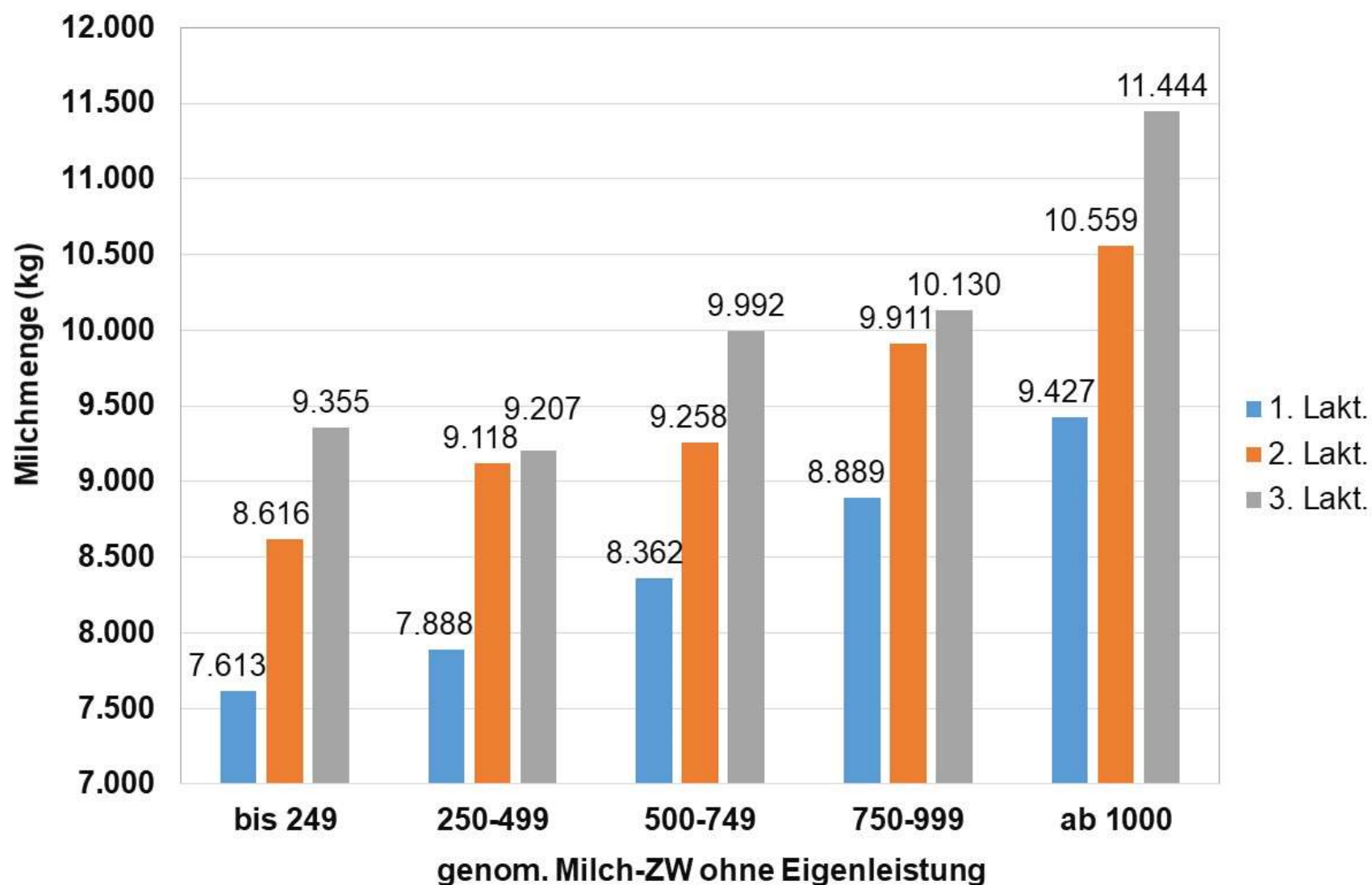
- weibliche Fleckvieh-Jungtiere, die im Apr. 16 einen genom. ZW hatten (ohne Eigenleistung) und jetzt mind. 6 Probemelkergebnisse
- $n=3.450/2.468/747$

- **Frage:**

- **wie ist die spätere Milchleistung in Abhängigkeit vom genom. Milch-ZW als Kalb/Kalbin?**

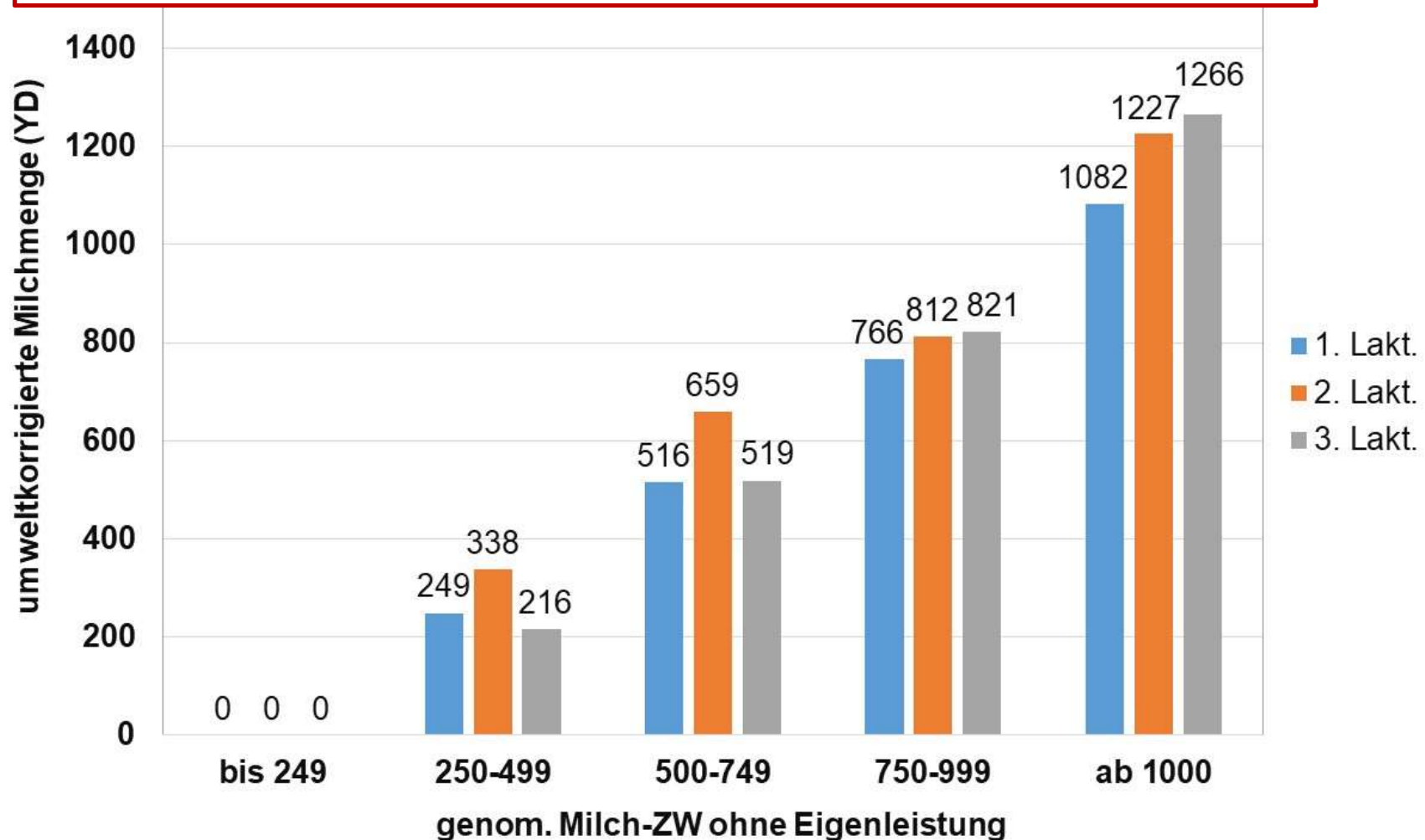
absolut (Ö) und als umweltskorrigierte Milchleistung
(yield deviation = YD)

Zusammenhang zw. gZW als Kalbin und MILCHLEISTUNG als Kuh beim Fleckvieh (StdLakt.)



Zusammenhang zw. gZW als Kalbin und MILCHLEISTUNG als Kuh beim Fleckvieh (YD)

gZW für Milch-kg +1000 → um 1000 kg überdurchschnittlich



Auswertung 2: Nutzungsdauer

STIERE:

Genomischer Zuchtwert und Töchterleistung

- **Daten:**

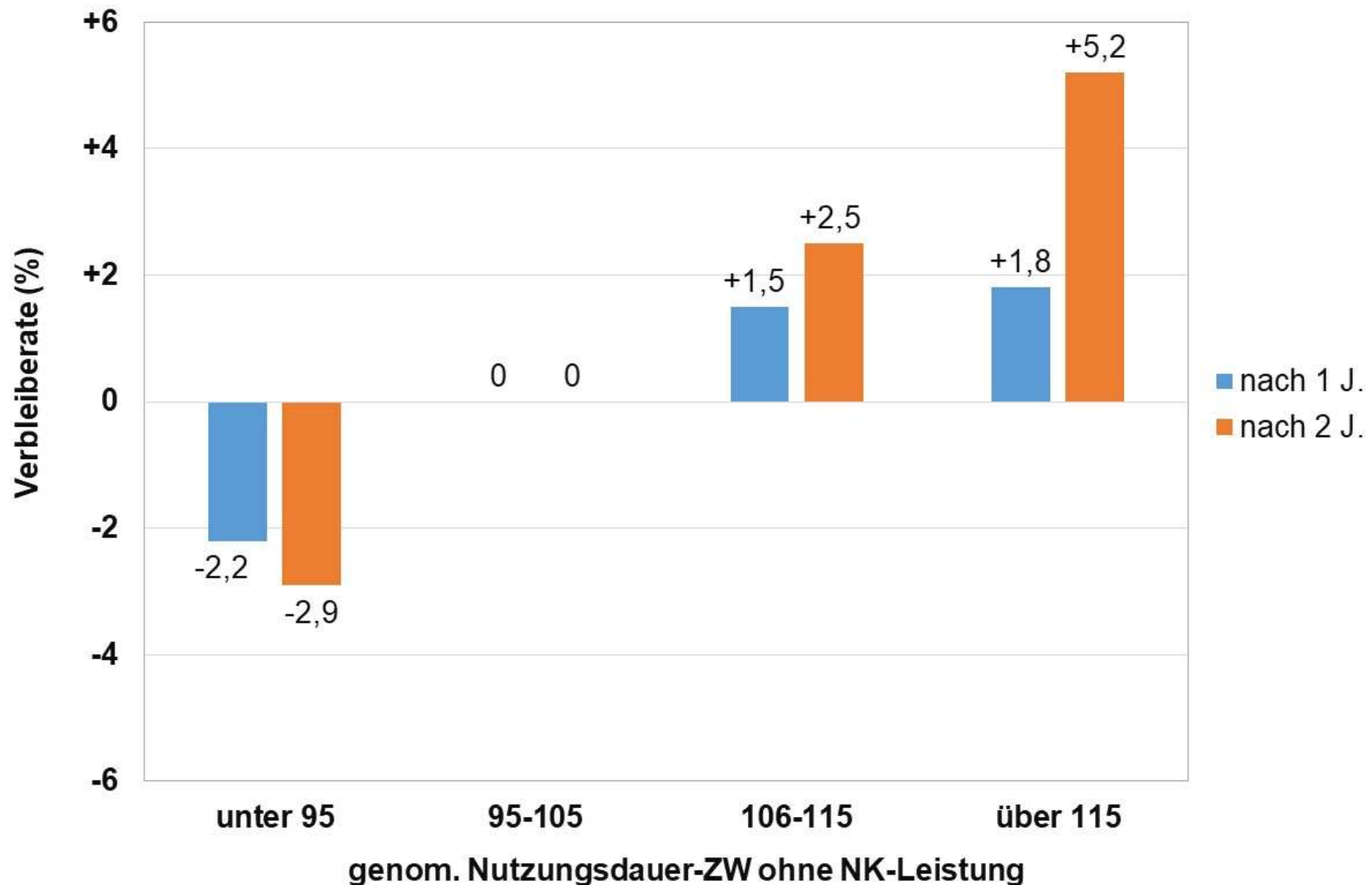
- Fleckvieh-Stiere, die im Apr. 16 noch ein genom. Jungvererber (GJV) waren ($\text{Si.GZW} \leq 70\%$) und im Aug. 19 Nachkommen-geprüft (NK, $\text{Si.GZW} \geq 80\%$)
- mind. 10 Töchter
- $n=887$

- **Frage:**

- **wie ist die Verbleiberate der Töchter in Abhängigkeit vom genom. ZW für (leistungsunabhängige) Nutzungsdauer der Väter als GJV?**

rein phänotypisch (keine Korrekturen)

Zusammenhang zw. gZW als GJV und NUTZUNGSDAUER der Töchter beim Fleckvieh



Auswertung 3: Zellzahl

STIERE:

Genomischer Zuchtwert und Töchterleistung

- **Daten:**

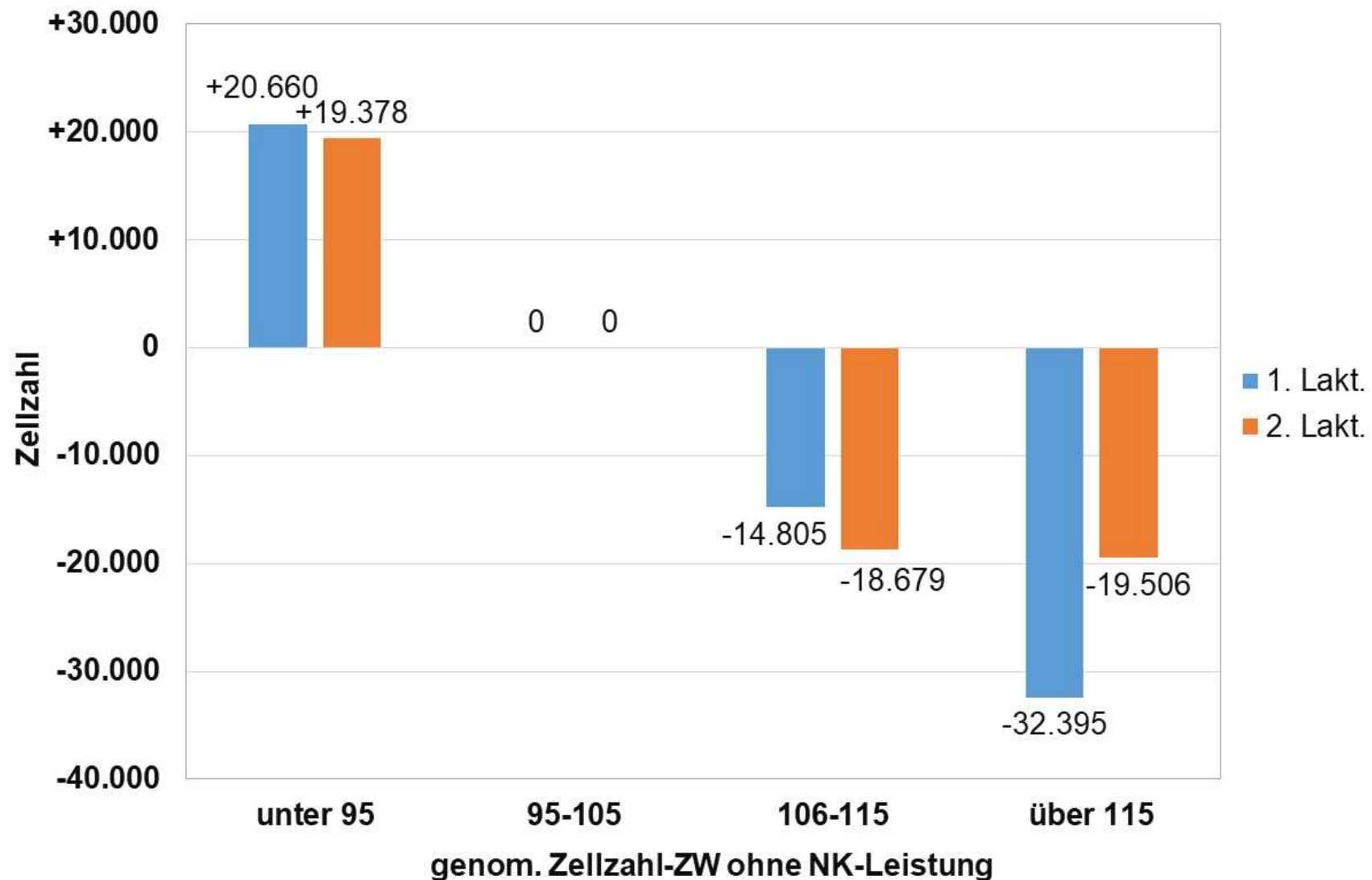
- Fleckvieh-Stiere, die im Apr. 16 noch ein genom. Jungvererber (GJV) waren ($\text{Si.GZW} \leq 70\%$) und im Aug. 19 Nachkommen-geprüft (NK, $\text{Si.GZW} \geq 80\%$)
- mind. 20 Töchter (nur österr. Daten)
- $n=278/169$

- **Frage:**

- **wie ist die Zellzahl der Töchter in Abhängigkeit vom genom. ZW für Zellzahl der Väter als GJV?**

rein phänotypisch (keine Korrekturen)

Zusammenhang zw. gZW als GJV und ZELLZAHL der Töchter beim Fleckvieh



Auswertung 4: Melkbarkeit

STIERE:

Genomischer Zuchtwert und Töchterleistung

- **Daten:**

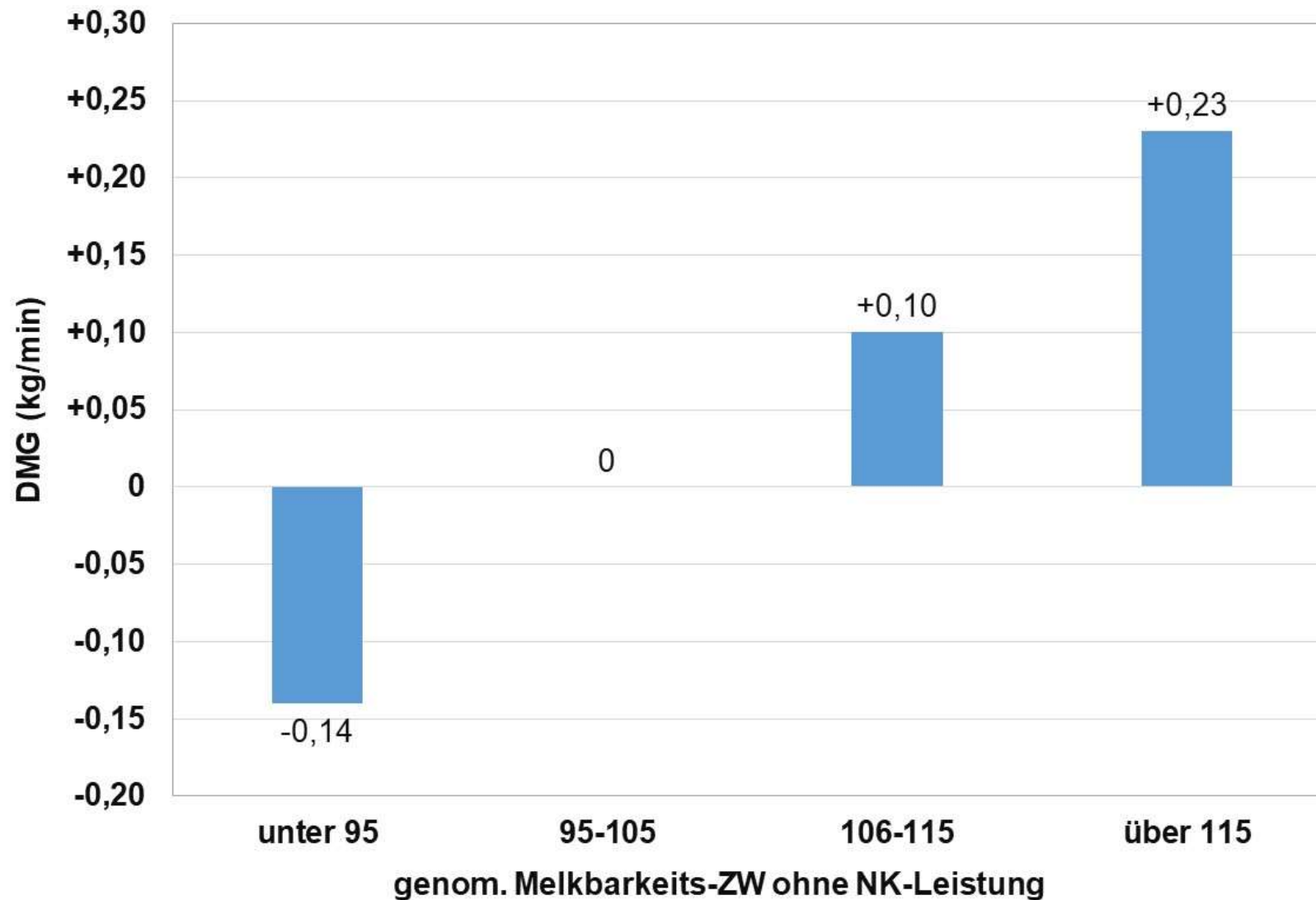
- Fleckvieh-Stiere, die im Apr. 16 noch ein genom. Jungvererber (GJV) waren ($\text{Si.GZW} \leq 70\%$) und im Aug. 19 Nachkommen-geprüft (NK, $\text{Si.GZW} \geq 80\%$)
- mind. 10 Töchter (DMG AT/BW)
- $n=374$

- **Frage:**

- **wie ist das DMG der Töchter in Abhängigkeit vom genom. ZW für Melkbarkeit der Väter als GJV?**

rein phänotypisch (keine Korrekturen)

Zusammenhang zw. gZW als GJV und DMG der Töchter beim Fleckvieh



Auswertung 5: Exterieur

STIERE:

Genomischer Zuchtwert und Töchterleistung

- **Daten:**

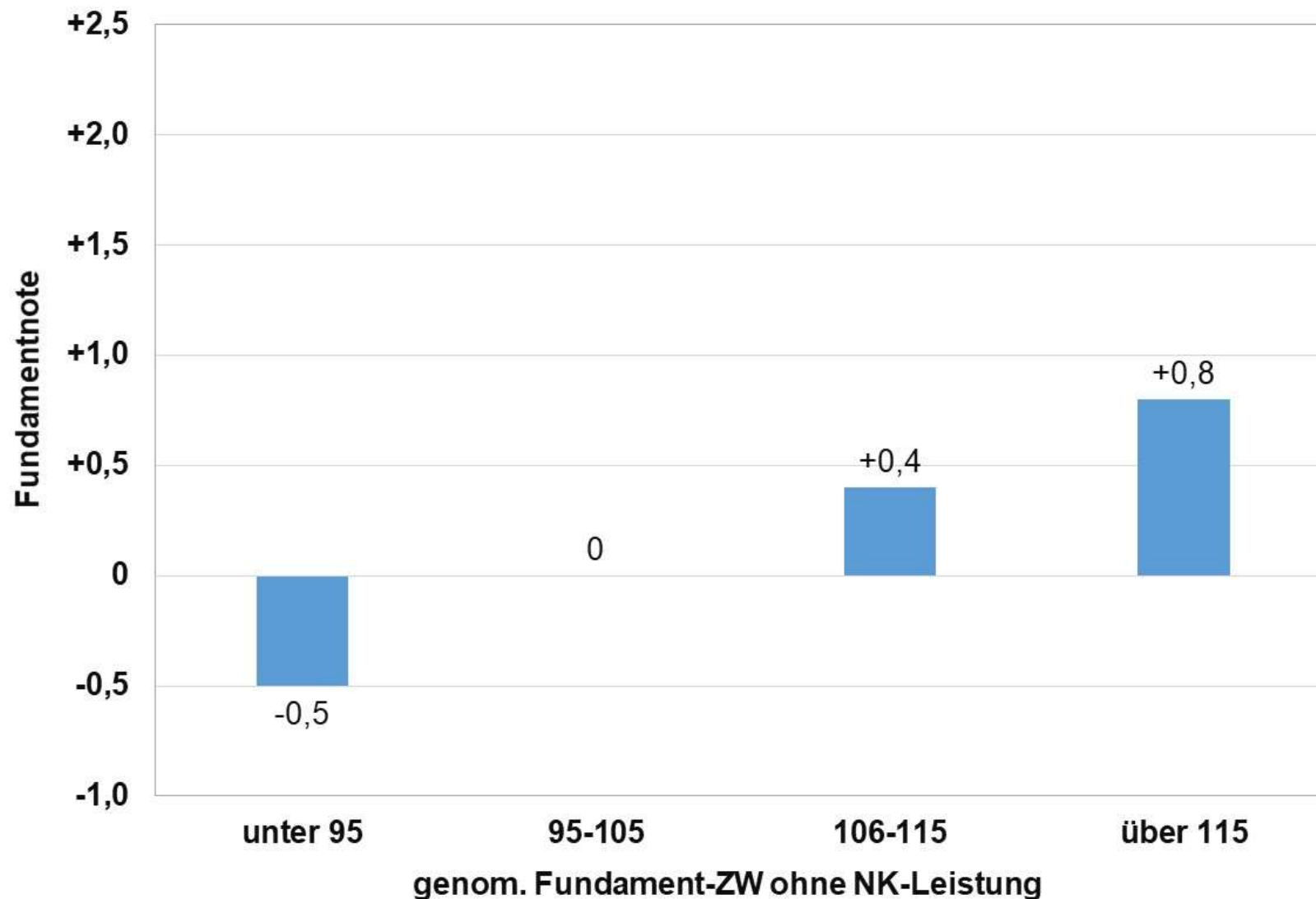
- Fleckvieh-Stiere, die im Apr. 16 noch ein genom. Jungvererber (GJV) waren (Si.GZW $\leq 70\%$) und im Aug. 19 Nachkommen-geprüft (NK, Si.GZW $\geq 80\%$)
- mind. 20 Töchter mit LB
- $n=1.063$

- **Frage:**

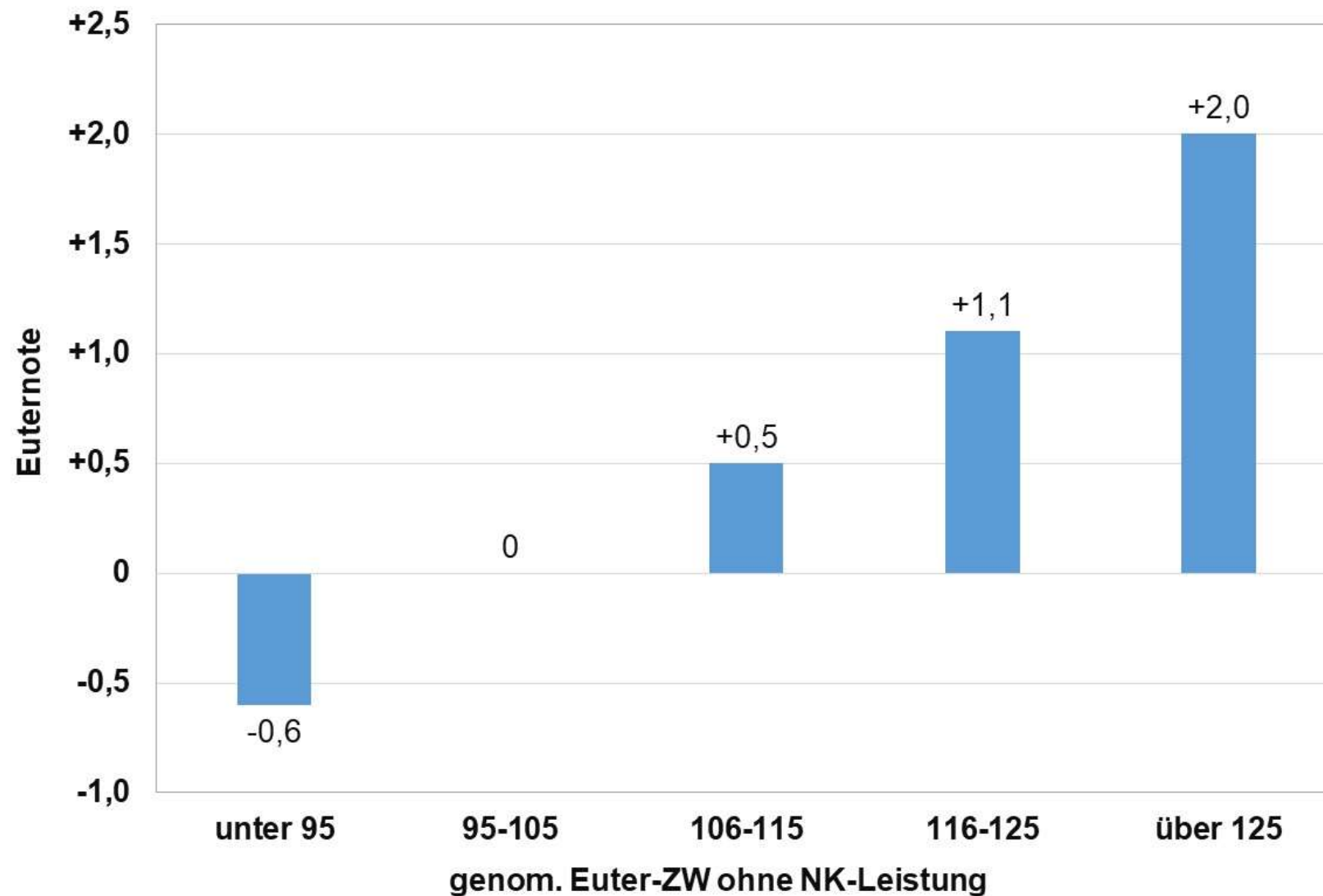
- **wie ist das Exterieur der Töchter in Abhängigkeit vom genom. ZW für Exterieur der Väter als GJV?**

umwelt- und anpaarungskorrigiert (daughter yield deviation = DYD)

Zusammenhang zw. gZW als GJV und FUNDAMENT der Töchter beim Fleckvieh



Zusammenhang zw. gZW als GJV und EUTER der Töchter beim Fleckvieh



Teil 3.2 Erbfehlermanagement und genetische Besonderheiten

getestete Erbfehler

• Fleckvieh:

• Spinnengliedrigkeit (Arachnomelie):	A	h
• Zwergwuchs:	DW	g
• Minderwuchs:	FH2	g
• Zinkdefizienz-like Syndrom:	ZDL	g
• Thrombopathie:	TP	g
• Braunvieh-Haplotyp 2:	BH2	g
• Bovine männl. Subfertilität:	BMS	g
• Fleckvieh Haplotyp 4:	FH4	g
• Fleckvieh Haplotyp 5:	FH5	g

• Braunvieh:

• Spinnengliedrigkeit (Arachnomelie):	A	g
• Weaver:	W	g
• SMA:	M	g
• SDM:	D	g
• Braunvieh-Haplotyp 2:	BH2	g

g = Gentest über Custom chip; h = Haplotypentest

genetische Besonderheiten

Hornlosmutationen

- friesische und keltische Variante

Milch Kasein Varianten:

Beta Kasein A1/A2

- incl. aller Subtypen

Kappa Kasein A/B

Monitoring für weitere genetische Varianten

ZAR Zuchtwertdatenbank (zar.at)

🇦🇹 RINDERZUCHT AUSTRIA 🇦🇹

60 Jahre *ZAR* 1954 - 2014



60 Jahre ZAR: 1954 - 2014

- Aktuelles
- Über uns
- Rinderzucht in Österreich
- Projekte
- Fotos
- Service

Weiterentwicklung durch Forschungsprojekte



29.09.2014

weiterlesen

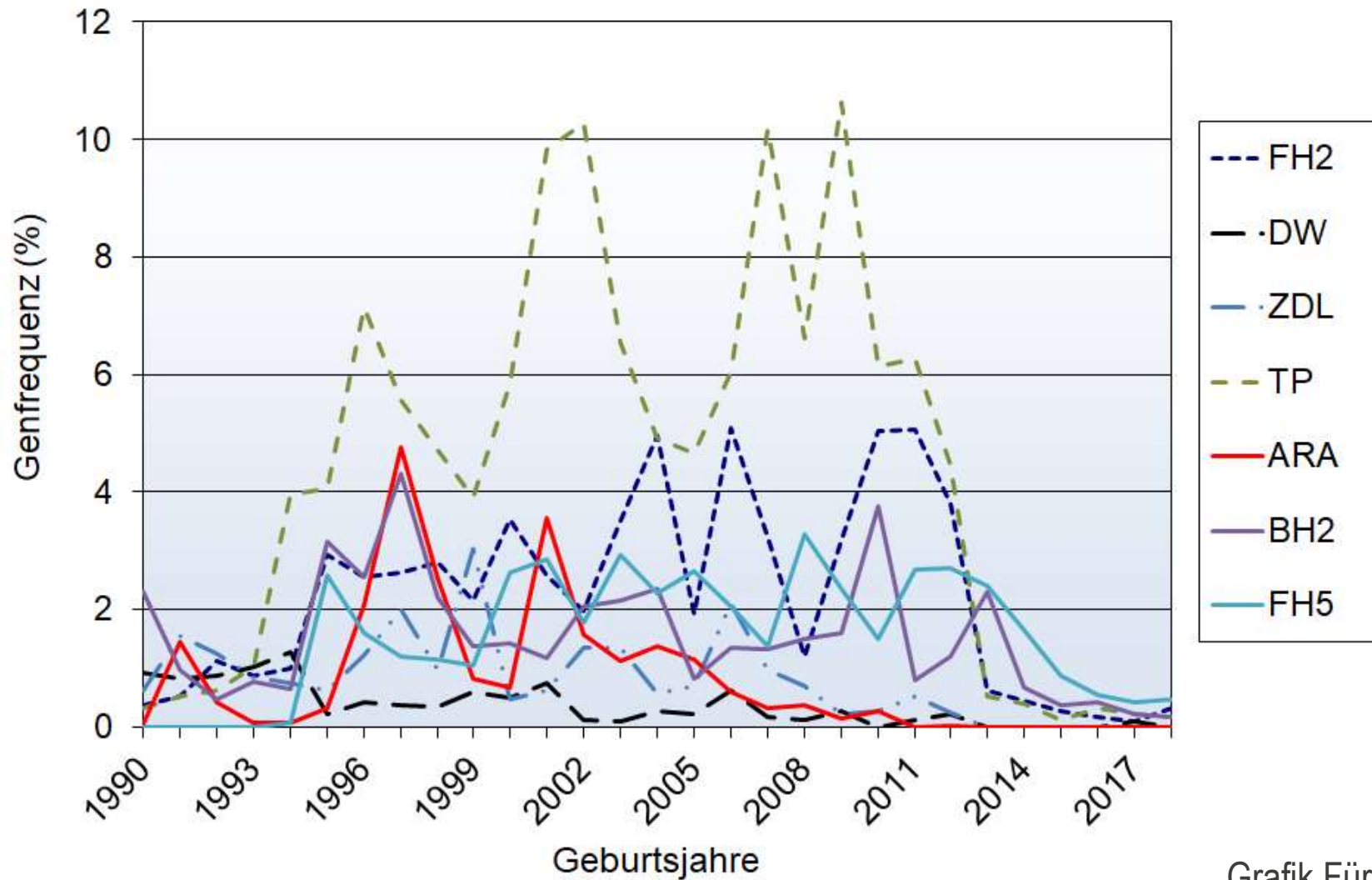
RDV Portal

Zuchtwerte RDV-Portal Rinderrunde

Neuigkeiten

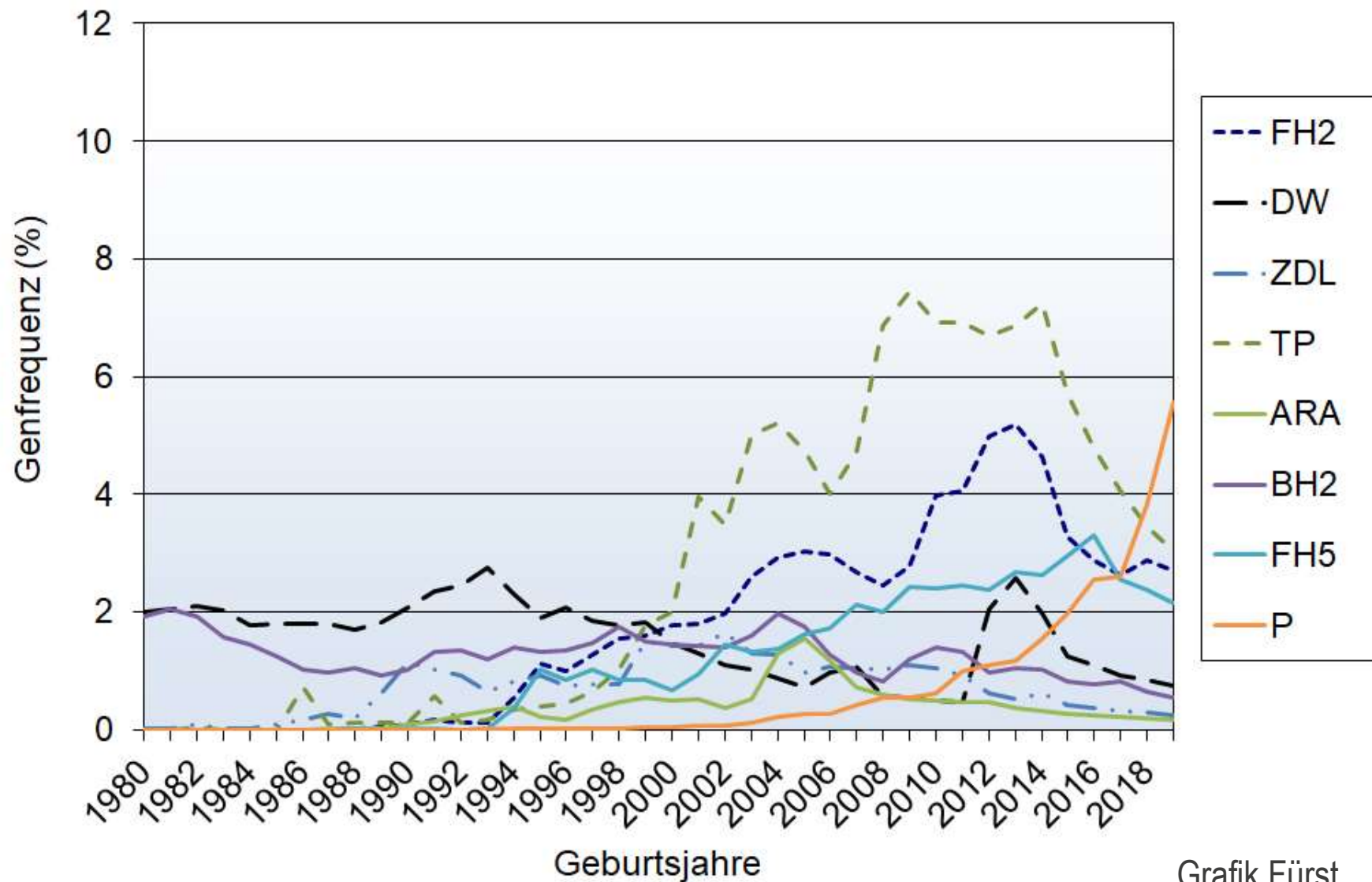
ACHTUNG: Website der ZAR/ZuchtData am Samstag nur eingeschränkt verfügbar

Genfrequenz Fleckvieh KB-Stiere

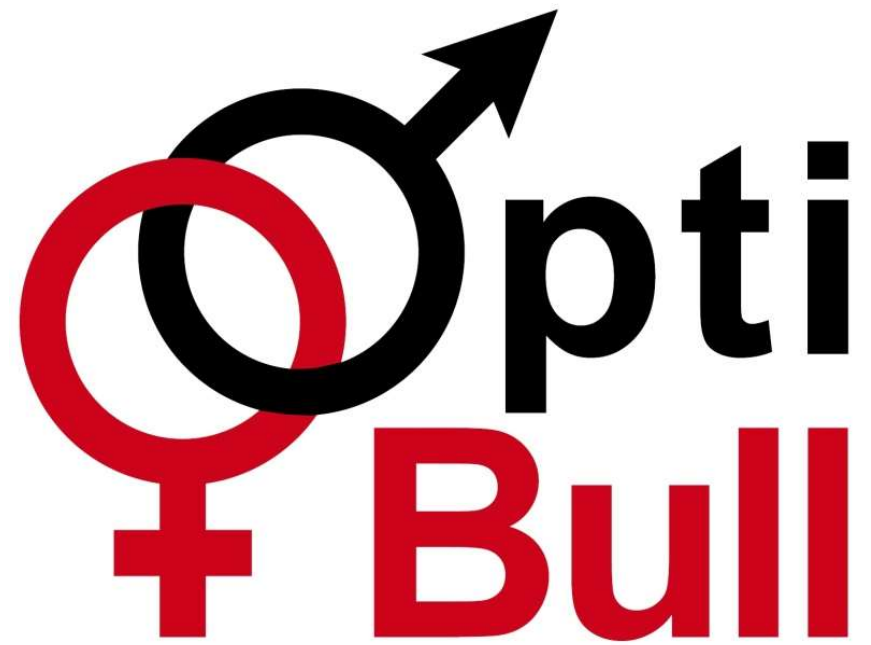


Grafik Fürst

Genfrequenz Fleckvieh weiblich



Grafik Fürst



Der Online-Anpaarungsplaner

Berücksichtigung der Erbfehler in OptiBull

Kalb	Stier	VV	VVV	VVVV
				VVVM
			VVM	VVMV
				VVMM
		VM	VMV	VMVV
				VMVM
			VMM	VMMV
				VMMM
	BIRKE	WINNIPEG FH2	MVV	MVVV
				MVVM
			MVM	MVMV
				MVMM
		MM	MMV	MMVV
				MMVM
MMM	RENAX TP			
	MMMM			

BIRKE	als Stiermutter vorgesehen	08.13
WILDWUCHS *TA	Kalb_1 FH2	100
SYMPOSIUM	Kalb_2	98,22
GS MOUNTEVER *TA	Kalb_3	96,43
HUMPERT *TA	Kalb_4	95,97
MAGISTRAT	Kalb_5	95,18
SILVERSTAR	Kalb_6 TP	94,67

Rot: Risiko von mind. 6,25% (mind. jedes 16. Kalb)

Gelb: Risiko 3,125 bis <6,25% (mind. jedes 32. Kalb)

Zusammenfassung

Für den langfristigen Erfolg entscheidend:

- **breite Genotypisierung** in den Betrieben
- **Kosten-Nutzen Verhältnis am Betrieb**
 - **bessere Zuchtentscheidungen** durch Genomik (Selektion, Paarung)
→ **Auswertungen zeigen klare Überlegenheit**
 - **mehr Betriebserfolg** durch GS am Betrieb
 - Unterstützung durch neue **Genomik-tools im RDV**
 - **Einfacher Zugang zur GS** → Logistik Beantragung
 - **Preiswerte** Genomuntersuchung

Wir sind auf einem guten Weg!

**Ohne (Gesundheits) Daten keine
Zuchtwerte!**

**Das gilt insbesondere für die
Genomische Selektion!**

DANKE FÜR IHRE AUFMERKSAMKEIT!

Mit Unterstützung von Bund, Ländern und Europäischer Union

 Bundesministerium
Nachhaltigkeit und
Tourismus


LE 14-20
Entwicklung für den Ländlichen Raum

Europäischer
Landwirtschaftsfonds für
die Entwicklung des
ländlichen Raums:
Hier investiert Europa in
die ländlichen Gebiete.



D4Dairy

ntö
Nachhaltige Tierhaltung
Österreich

**WIR DANKEN DEM BUNDESMINISTERIUM FÜR
NACHHALTIGKEIT UND TOURISMUS UND DEN LÄNDERN
FÜR DIE UNTERSTÜTZUNG VON **