

aufgrund eines Beschlusses  
des Deutschen Bundestages

## ReDiverse

### Biodiversität innerhalb und zwischen roten europäischen Milchviehassen – Erhaltung durch Nutzung – Teilvorhaben 1

Förderkennzeichen: 2817ERA10D

Vorhabenlaufzeit: 09.2017 bis 08.2021

#### KURZDARSTELLUNG

Um europäische Rotviehassen zu fördern und ihre Wettbewerbsfähigkeit zu steigern, wurde eine Rotationskreuzung mit einer Hochleistungsrasse im Zuchtprogramm vorgeschlagen. Es wurden Simulationsstudien mit Anglern und Deutschen Holsteins durchgeführt, die unterschiedliche Referenzpopulationen für die genomische Selektion und unterschiedliche Selektionsmethoden miteinander verglichen haben. Um zudem die genetische Eigenständigkeit wieder zu erlangen, wurden verschiedene Optimum Contribution Selection Methoden angewandt. Weiterhin wurde ein Literatur Review zu genomischen Modellen in der Kreuzungszucht durchgeführt. Kreuzungstiere im Rotationskreuzungsprogramm zeigten grundsätzlich eine höhere Leistung als die Ausgangsrassen, dabei war die Größe der Referenzpopulation bedeutender als die Art der Selektion der Elterntiere. Optimum Contribution Selection Methoden mit Verringerung des Fremdgenanteils verlangsamte den Zuchtfortschritt der Angler deutlich, wodurch die Überlegenheit der Kreuzungstiere zum Teil nicht mehr gegeben war. Die Wahl des genomischen Modells sollte abhängig von der verfügbaren Datenmenge an Geno- und Phänotypen gemacht werden, sowie von den gewünschten Genauigkeiten und verfügbaren Rechenkapazitäten.

#### VORHABENSCHWERPUNKT UND ERA-NET

Europäische Rotviehassen (ERDB) haben weitgehend kleine Populationsgrößen und entsprechend einen langsameren Zuchtfortschritt als Hochleistungsrasse. Durch den Einzug der genomischen Selektion in den Hochleistungsrasse wurde dieser Trend noch verstärkt und der Unterschied zwischen den Leistungen der ERDB und Hochleistungsrasse vergrößert. Diese Entwicklung hat dazu geführt, dass immer öfter Hochleistungsrasse in ERDB eingekreuzt wurden, um deren Zuchtfortschritt zu verbessern. ERDB zeigen daher teilweise einen hohen Fremdgenanteil – dennoch können sie nicht mit den Hochleistungsrasse mithalten.

Eine Möglichkeit um ERDB zu fördern ist, ein Rotationskreuzungsprogramm mit Hochleistungsrasse zu implementieren.

Dies würde 1) zu einer größeren Referenzstichprobe für die genomische Selektion der ERDB führen, und somit zu einem schnelleren Zuchtfortschritt und 2) das Leistungsniveau durch die überlegenen Kreuzungstiere erhöhen. Aus Sicht der Züchter von Hochleistungsrasse wäre ein Rotationskreuzungsprogramm ebenso von Vorteil, da diese durch die Heterosiseffekte die, zum Teil problematischen, funktionalen Merkmale der Herde verbessern würden. Somit würde es die Wettbewerbsfähigkeit der ERDB steigern, da für die Rotationskreuzung auch zwingend die Fortführung deren Reinzucht erforderlich ist. Das Ziel des WP 4 „Development of selection methods“ war daher die Entwicklung sowie Evaluierung von Selektionsmethoden von ERDB in Rotationskreuzungsprogrammen, um zum einen ihre Reinzucht- sowie Kreuzungsleistung zu verbessern, und zum anderen ihre genetische Eigenständigkeit wieder zu erlangen. Dazu wurde ein Literatur Review zu genomischen Modellen und zwei Simulationsstudien durchgeführt.

#### ERGEBNISSE

##### Review

Genomische Modelle zur Anwendung in der genomischen Selektion in Kreuzungszuchtprogrammen sind komplexe Erweiterungen von Modellen für die Reinzucht, da auch Dominanzeffekte, rassespezifische Effekte, sowie Imprinting Effekte eine wichtige Komponente sein können. Je nach verfügbarer Datenmenge und -art, Rechenkapazitäten und gewünschten Genauigkeiten der geschätzten Zuchtwerte sollte dabei entschieden werden, welches genomische Modell zur Anwendung kommt. Allgemein bieten Dominanzmodelle höhere Genauigkeiten als Modelle, die lediglich additive Effekte berücksichtigen.

##### Simulationsstudien

Als Input für die Simulationsstudien wurden echte Daten von Anglern, als Vertreter einer ERDB, und Deutsche Holsteins, als Vertreter einer Hochleistungsrasse, genutzt. Es handelte sich um 50k Genotypen und Pedigreedaten von 268 Anglern und 1935 Holsteins. Die Initialkreuzung war Angler x Holstein, gefolgt von abwechselnder Anpaarung von Angler- bzw. Holsteinbullen an die Kühe der Kreuzungspopulation.

## Simulationsstudie I – genomische Selektion im Rotationskreuzungsprogramm

In Simulationsstudie I wurde die gleichzeitige Implementierung der genomischen Selektion und eines Rotationskreuzungsprogramms simuliert. Dazu wurden verschiedene Arten von Selektionsmethoden bzw. -zielen, sowie verschiedene Größen und Zusammensetzungen der Referenzpopulationen angewendet, wodurch sich 9 verschiedene Szenarien ergaben (siehe Tabelle 1).

**Tabelle 1:** Szenarien in Simulationsstudie I.

Szenario	Selektion basierend auf	Referenzpopulation
1a	Reinzuchtleistung	Angler
1b		Kreuzungstiere
1c		Angler + Kreuzungstiere
2a	Kreuzungszuchtleistung	Angler
2b		Kreuzungstiere
2c		Angler + Kreuzungstiere
3a	Kombination Reinzucht- und Kreuzungszuchtleistung (50/50)	Angler
3b		Kreuzungstiere
3c		Angler + Kreuzungstiere

Die Kreuzungstiere waren, unabhängig vom angewandten Szenario, den Ausgangsrassen Angler und Holstein überlegen. Die Wahl der Selektionsmethode zeigte dabei einen untergeordneten Einfluss, wohingegen die Größe der Referenzpopulation von größerer Bedeutung war.

## Simulationsstudie II – OCS Methoden im Rotationskreuzungsprogramm

In Simulationsstudie II wurden im gleichen Rotationskreuzungsprogramm mit Anglern und Holsteins verschiedene Arten der Optimum Contribution Selection (OCS) Methoden verglichen. Das Ziel war, gleichzeitig zum Zuchtfortschritt der Angler auch ihre genetische Eigenständigkeit wiederzuerlangen. Dazu wurden verschiedene OCS Bedingungen miteinander verglichen (Tabelle 2) und auf ihre Auswirkungen bezüglich des Zuchtfortschrittes und der genetischen Eigenständigkeit der Rasse untersucht.

Es konnte gezeigt werden, dass durch die Anwendung der klassischen OCS Bedingungen (Szenario 1) bzw. advanced OCS Bedingungen mit fester Grenze des Fremdgenanteils (Szenario 2) der Zuchtfortschritt kaum beeinträchtigt wurde, wohingegen durch die Verringerung des Fremdgenanteils um 1% pro Generation eine deutliche Verlangsamung des Zuchtfortschrittes zu beobachten war. Der so entstandene größer werdende Unterschied zwischen den Elternpopulationen führte dazu, dass die

Kreuzungstiere lediglich in den ersten Generationen der Simulation den Holsteins überlegen waren und zudem große Schwankungen in den Leistungen der Kreuzungstiere von Generation zu Generation zu beobachten waren.

**Tabelle 1:** Szenarien in Simulationsstudie II.

Szenario	Selektionsmethode Angler	Bedingungen
1	OCS	Mittlere Verwandtschaft (max. $\Delta F = 0.5\%$ )
2	advanced OCS	Native Verwandtschaft (max. $\Delta F = 0.5\%$ ), Fremdgenanteil max. wie in Generation 0
3	advanced OCS	Native Verwandtschaft (max. $\Delta F = 0.5\%$ ), Fremdgenanteil (-0.5% pro Generation)

## FAZIT

Um ERDB zu fördern und ihre Wettbewerbsfähigkeit zu steigern kann die Implementierung eines Rotationskreuzungsprogrammes von Nutzen sein, insbesondere, wenn zeitgleich die genomische Selektion in ERDB eingeführt wird. Die Wahl des genomischen Modelles sollte dabei vorrangig abhängig von der verfügbaren Datenmenge getroffen werden. ERDB profitieren in einem Rotationskreuzungsprogramm mit genomischer Selektion zum einen von der großen, gemeinsamen Referenzpopulation mit den Kreuzungstieren und zum anderen von der Leistungssteigerung durch die Kreuzungstiere. Auch für Holsteinzüchter kann diese Art des Zuchtprogramms attraktiv sein, insbesondere durch die Verbesserung der funktionalen Merkmale in ihrer Herde.

Die zusätzliche Anwendung von advanced OCS Methoden, um die genetische Eigenständigkeit zurück zu erlangen, zeigte eine deutliche Verlangsamung im Zuchtfortschritt der ERDB und somit eine geringe Überlegenheit der Kreuzungstiere. Der erreichte Heterosiseffekt konnte die großen Leistungsunterschiede der Ausgangsrassen nicht ausgleichen.

## PUBLIKATIONEN

Stock J, Esfandiyari H, Hinrichs D and Bennewitz J 2021. **Implementing a genomic rotational crossbreeding scheme to promote local dairy cattle breeds-A simulation study.** Journal of Dairy Science 104, 6873– 6884. doi:10.3168/jds.2020-19927.

Stock J, Bennewitz J, Hinrichs D and Wellmann R 2020. **A review of genomic models for the analysis of livestock crossbred data.** Frontiers in Genetics 11, 568. doi:10.3389/fgene.2020.00568.

Stock J., Esfandiyari H., Hinrichs D., Wellmann R., Bennewitz J. **Rotational crossbreeding in dairy cattle using Optimum Contribution Selection Methods.** (in preparation)

### Projektbeteiligte:

Universität Hohenheim (DE), Christian-Albrechts-Universität zu Kiel (DE), Wageningen UR Livestock Research (NL), Aarhus University (DK), Swedish University of Agricultural Sciences (SE), Norwegian University of Life Sciences (NO), Lithuanian University of Health Sciences (LT), Wrocław University of Environmental and Life Sciences (PL), CRV BV (NL), VikingGenetics (SE), Animal Breeders Association of Latvia (LV), The Lithuanian Red Cattle Improvement Association (LT), Rinderzucht Schleswig-Holstein eG (DE)

### Kontakt:

Jörn Bennewitz, +49 711 459 23570, [j.bennewitz@uni-hohenheim.de](mailto:j.bennewitz@uni-hohenheim.de); Universität Hohenheim, Institut für Nutztierwissenschaften, Fachgebiet für Tiergenetik und Züchtung Garbenstraße 17, 70599 Stuttgart