

## **Stellungnahme der DGfZ Projektgruppe ‚Weiterentwicklung züchterischer Methoden und Verfahren‘**

(Vorsitzender: Prof. Dr. L. Dempfle)

# **Perspektiven der Tierzuchtungs-wissenschaft**

## **Was ist Tierzuchtungs-wissenschaft?**

Ziel der Tierzuchtungs-wissenschaft ist die nachhaltige Verbesserung der Erzeugung tierischer Produkte innerhalb der gegebenen ökonomischen und rechtlichen Rahmenbedingungen unter Berücksichtigung von Produktqualität, Tiergesundheit und ökologischen Auswirkungen der Tierproduktion.

Der Prozess der Zuchtungs-wissenschaft ist in zwei Schritte gegliedert:

- Definition des Zuchtziels hinsichtlich der erwarteten Entwicklung der strukturellen und wirtschaftlichen Gegebenheiten;
- Konzeption und Durchführung eines Zuchtprogramms mit dem Ziel, die bearbeiteten Populationen möglichst effizient in Richtung auf das Zuchtziel weiterzuentwickeln. Die zentralen Elemente eines Zuchtprogramms sind dabei Leistungsprüfung, Zuchtwertschätzung sowie Selektion und Anpaarungsplanung.

In diesem Prozess wirken verschiedene Wissenschaftsdisziplinen zusammen:

- Die operationale Bestimmung des Zuchtziels ist im Kern eine ökonomische Aufgabenstellung. Planung, Management und Controlling von Zuchtprogrammen sind Gegenstand der Prozesssteuerung und -optimierung.
- Biologisch-naturwissenschaftliche Ansätze sind die Grundlage aller Maßnahmen, die direkt am Tier durchgeführt werden, wie z.B. Leistungsprüfung, Reproduktionstechnologien, molekulargenetische Untersuchungen etc.
- Statistisch-biometrische Verfahren und Informationstechniken werden eingesetzt, um komplexe und sehr umfangreiche Daten aus verschiedensten Quellen zusammenzuführen, zu verdichten und daraus optimale Parameter für Entscheidungen abzuleiten. Methodische Grundlage hierfür sind die Konzepte der quantitativen Genetik und der Populationsgenetik. Diese methodischen Ansätze werden auch in der Zukunft erforderlich sein, um die Vererbungsleistung von Individuen vorherzusagen. Es wird auch mit allen zu erwartenden Fortschritten der Genomik zukünftig nicht möglich sein, den Genotypwert eines Tieres deterministisch zu berechnen.

Zuchtprogramme nach heutigem Verständnis sind seit den sechziger Jahren des vergangenen Jahrhunderts etabliert und wurden seither fortlaufend weiterentwickelt, etwa durch optimierte Leistungsprüfungen, die Integration neuer Biotechnologien, die methodische Verbesserung der Zuchtwertschätzverfahren oder die Einbeziehung molekulargenetischer Informationen.

## **Aktueller Stand und neue Herausforderungen**

In den vergangenen Jahrzehnten konnten für die wichtigsten Merkmale der Produktion (z.B. Milchmenge, Wachstum, Legeleistung), der Produktqualität (z.B. Milchinhaltsstoffe, Schlachtkörperzusammensetzung, Fleisch:Fett-Verhältnis, innere und äußere Eiqualität) und der Produktionseffizienz (z.B. tägliche Zunahmen, Futtermittelverwertung) erhebliche Zuchtfortschritte realisiert werden.

Neben dieser insgesamt positiven Entwicklung sind allerdings auch Defizite zu registrieren.

So konnten in den Bereichen der funktionalen Merkmale, wie der Fruchtbarkeit und der Tiergesundheit, kaum züchterische Verbesserungen erzielt werden. Dies liegt zum einen an der Problematik der Merkmalsdefinition, der Schwierigkeit der Merkmalserschließung und der häufig geringen Ererblichkeit dieser Merkmale, zum anderen aber auch an antagonistischen Beziehungen zu den bevorzugten Selektionsmerkmalen und letztlich an deren geringer Gewichtung im Zuchtziel.

Die Ausrichtung der meisten Zuchtprogramme innerhalb einer Nutztierart auf sehr ähnliche, von den ökonomischen Rahmenbedingungen vorgegebene Zuchtziele hat zu einer Erosion der genetischen Variabilität geführt. Viele einheimische Rassen, die hinsichtlich des mehr und mehr vereinheitlichten Zuchtziels nicht konkurrieren können, sind vom Aussterben bedroht. Verstärkt wurde dies durch den Einsatz von Biotechnologien wie künstlicher Besamung und Embryotransfer, die es ermöglichen haben, die aktive Zucht innerhalb der Rassen auf sehr begrenzte Nukleuspopulationen zu reduzieren. Spermasexing und Klonierung können diesen Trend weiter verstärken. Die Folge wird eine weitere Abnahme relevanter Nutztierarten sein. In den verbliebenen, züchterisch intensiv bearbeiteten Rassen, etwa den Holstein Friesians, steigt der Inzuchtgrad mit den damit verbundenen unerwünschten Folgen. Vor dem Hintergrund der wirtschaftlichen und politischen Entwicklung ist mit einer abnehmenden Bedeutung der landwirtschaftlichen Primärproduktion in Deutschland zu rechnen. Bei globaler Betrachtung steigt jedoch der Bedarf an Nahrungsmitteln. Mit steigendem Lebensstandard in den Entwicklungs- und Schwellenländern erhöht sich die Nachfrage nach Produkten tierischen Ursprungs überproportional (Stichwort ‚Livestock Revolution‘), was eine massive Steigerung der Produktivität von Tierhaltungssystemen in den betreffenden Regionen erfordert. Dadurch bietet sich vor allem für die Tierzucht die Chance, sowohl durch den Export von Zuchtprogrammen als auch durch die Lieferung von entsprechend angepassten Zuchtprodukten Einbußen im Inland zu kompensieren.

## **Molekulargenetik eröffnet neue Perspektiven**

Die Etablierung molekulargenetischer Verfahren hat das Methodenrepertoire der Tierzucht qualitativ erweitert. Dabei sind gendiagnostische Techniken weitgehend eingeführt und anerkannt, während die gesellschaftliche Akzeptanz transgener Nutztiere in der Lebensmittelproduktion fraglich ist. Sie können gleichwohl in der biologischen Grundlagenforschung eine wichtige Rolle spielen, etwa als transgene Tiermodelle für bestimmte Krankheiten.

Die Nutztiergenetik profitiert von den methodischen Fortschritten in der Human- und Modelltiergenetik. Die Genomsequenz für Mensch und Maus ist bekannt, und die Sequenzierung der wichtigsten Nutztiergenome steht kurz vor dem Abschluss. Gendiagnostische Untersuchungen ermöglichen in Verbindung mit statistischen Verfahren die Kartierung und Identifizierung von Einzelgenen mit Wirkung auf relevante tierische Leistungen. Am erfolgreichsten

war bisher die Entdeckung ursächlicher Gene für qualitative Merkmale mit einfachen Erbgängen wie z.B. genetische Anomalien (MHS und RN beim Schwein, BLAD, DUMPS und CVM beim Rind) oder Merkmalen der Farbvererbung (Rotfaktor beim Rind, dominantes Weiß beim Schwein).

Bei praktisch allen Leistungsmerkmalen, aber auch vielen funktionalen Merkmalen wie Krankheitsresistenz, Nutzungsdauer und Fruchtbarkeit ist davon auszugehen, dass deren Ausprägung von einem komplexen Zusammenspiel verschiedener Gene abhängt. Neuere Erkenntnisse aus der Humangenetik weisen darauf hin, dass hierbei Mechanismen einer differenzierten Genexpression eine zentrale Rolle einnehmen.

Mit Hilfe gendiagnostischer Untersuchungen kann folglich immer nur ein Teil der genetischen Determination der wichtigsten Leistungsmerkmale und funktionalen Eigenschaften ermittelt und züchterisch genutzt werden. Dies ist in der Vergangenheit in einigen Fällen erfolgreich demonstriert worden, wobei zwischen der Identifizierung ursächlicher Genmutationen (z.B. DGAT, Booroola) und der Kartierung sogenannter QTL (quantitative trait loci) unterschieden werden muss. QTL sind durch molekulare Marker abgegrenzte Chromosomenregionen, für die ein Zusammenhang zu interessanten Merkmalen statistisch nachgewiesen wurde. Während bekannte Mutationen über direkte Gentests unmittelbar züchterisch genutzt werden können, sind markerunterstützte Selektionsstrategien zur Anreicherung erwünschter QTL-Varianten in der Theorie und der praktischen Umsetzung wesentlich anspruchsvoller. Es sind daher grundsätzlich genassistierte Selektionsverfahren oder die direkte Berücksichtigung von Expressionsvarianten in der ZWS anzustreben. Markergestützte Selektionsverfahren behalten ihre Bedeutung während der Entwicklung entsprechender Gentests sowie in genetisch komplexen Situationen, die nicht mit einfachen Gentests beschrieben werden können.

### **Schlussfolgerungen und Thesen zur Rolle und zu den Perspektiven der Tierzüchtungsforschung**

1. Die Tierzüchtungswissenschaft ist eine anwendungsorientierte Wissenschaft, die auf den neusten Erkenntnissen der Grundlagenforschung in verschiedenen Wissenschaftsbereichen (vor allem Biologie, Genetik, Statistik, Wirtschaftswissenschaften und Informatik) aufbaut.
2. Das Theoriegebäude der Quantitativen Genetik schließt grundsätzlich die Kenntnis einzelner Gene und ihrer Varianten mit ein. Eine Diskussion, welche Methoden oder Theorien „neuer“ oder „moderner“ sind, ist unnötig und kontraproduktiv.
3. Das Auffinden von QTL und die Identifizierung ursächlicher Genvarianten erfordert die enge Zusammenarbeit von quantitativ-statistisch und molekulargenetisch ausgerichteten Tierzüchtern.
4. Die effiziente Gewinnung und Nutzung von Informationen aus den Genomprojekten außerhalb des Nutztierbereiches erfordert die Etablierung bioinformatischer Kompetenz höchster Qualität innerhalb der Tierzüchtungswissenschaften mit einer starken Vernetzung zu Bioinformatik-Arbeitsgruppen im human- und modelltiergenetischen Bereich.
5. Die Nutzung molekulargenetischer Information eröffnet Perspektiven, komplexe genetische und epigenetische Phänomene wie z.B. Dominanz, Epistasie, Heterosis und Imprinting ursächlich zu verstehen und dieses verbesserte Verständnis züchterisch zu nutzen.

6. Für das Verständnis biologischer Phänomene ist die Kausalkette Genom – Expression – Physiologie - Phänotyp von entscheidender Bedeutung. Die Nutztierwissenschaften bieten hier exzellente und einzigartige Möglichkeiten, dieses Zusammenspiel exemplarisch für wesentliche Merkmalskomplexe aufzuklären, wobei die tierexperimentellen Voraussetzungen in idealer Weise gegeben sind.
7. Die Tierzüchtungswissenschaft kann wertvolle Ressourcen und einen breiten Fundus an Methoden für die biologische und medizinische Grundlagenforschung beisteuern; dazu zählen
  - umfangreiche, informativ strukturierte, gut dokumentierte und umfassend phänotypisierte Zuchtpopulationen als Basis für Screeningansätze zum Auffinden seltener Varianten oder für populationsbasierte Feinkartierungsansätze (z.B. IBD-Mapping);
  - Tiermodelle, die in bestimmten Merkmalskomplexen dem Mensch sehr ähnlich sind (z.B. Obesity, Diabetes), auch mit der Möglichkeit der Entwicklung spezifischer Linien durch klassische oder markerunterstützte Selektion oder durch transgene Techniken;
  - methodische Erfahrung in der genetischen Analyse komplexer Phänotypen in segregierenden Populationen.
8. Die Kombination molekulargenetischer Erkenntnisse mit klassischen züchterischen Informationen und die optimale Integration neuer biotechnologischer Möglichkeiten erfordert intensive Forschung und Methodenentwicklung im lange vernachlässigten Bereich der Zuchtplanung.
9. Die Weiterentwicklung mathematisch-statistischer Verfahren und deren rechentechnische Umsetzung im Bereich der Zuchtwertschätzung bleibt eine zentrale Aufgabenstellung der Tierzüchtungsforschung. Forschungsbedarf besteht hier insbesondere im Bereich der funktionalen Merkmale, also z.B. bei kategorischen Merkmalen, autokorrelierten Zeitreihenanalysen, Survivalanalysen sowie im Bereich der markerunterstützten Zuchtwertschätzung.
10. Die Erhaltung züchterisch nutzbarer genetischer Variabilität zwischen und innerhalb von Rassen wird in der Zukunft von zentraler Bedeutung für nachhaltige Zuchtprogramme sein.
11. Innerhalb der Tierzüchtungswissenschaft wird sich in Zukunft ein Segment stärker auf die Züchtung für ‚Low Input‘-Systeme ausrichten, sowohl im internationalen Kontext als auch mit dem Ziel, Tiere für ökologische und extensive Haltungsformen zu züchten. Hierbei wird der Beachtung von Genotyp-Umwelt-Interaktionen eine besondere Bedeutung zukommen.