



PRESSEMITTEILUNG

EuroGenomics verbessert signifikant die Sicherheit der genomischen Zuchtwertschätzung

Im Herbst 2009 haben die EuroGenomics Partner VikingGenetics (Dänemark/Schweden/Finnland), UNCEIA (Frankreich), DHV und vit (Deutschland) und CRV (Niederlande/Belgien) den Austausch von genomischen SNP-Daten (Illumina Bovine SNP50 BeadChip) vereinbart. Die Partner haben jeweils die Informationen von 4.000 nachkommegeprüften Holstein-Bullen ausgetauscht, um die Sicherheit der genomischen Zuchtwerte zu erhöhen.

Somit werden ab März 2010 alle Partner ihre Referenzpopulation auf mindestens 16.000 Holstein-Bullen erweitern und damit weltweit die größte Referenzstichprobe nutzen. Neben der Quantität ist auch die Qualität dieser Referenzpopulation einzigartig. Alle EuroGenomics-Partner betreiben Zuchtprogramme, die auf der besten verfügbaren Holstein-Genetik in Europa und Nordamerika basieren. Aufgrund dessen deckt die EuroGenomics-Referenzpopulation die komplette Vielfalt der internationalen Holstein-Genetik hervorragend ab.

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.

Auch wenn EuroGenomics-Partner alle die gleiche EuroGenomics-Referenzpopulation nutzen, bleiben die nationalen genomischen Schätzformeln allerdings weiterhin individuell. Die konventionellen (MACE) Nachkommen-Zuchtwerte, die zur Ableitung der nationalen genomischen Zuchtwertformeln genutzt werden, sind unterschiedlich auf den vier Länderskalen und die nationalen Indices reflektieren die unterschiedlichen Zuchtziele.

Innerhalb EuroGenomics wird mit den wissenschaftlichen Partnern im Bereich von Forschung und Wissenschaft bestmöglich zusammengearbeitet. Das EuroGenomics Projekt ist ein gutes Beispiel für eine effektive Zusammenarbeit zwischen europäischen Ländern, die gemeinsam neue internationale Standards zum Nutzen der Milchviehalter setzen.

Ansprechpartner für weitere Informationen:

DHV: Dr. Egbert Feddersen
vit: Dr. Reinhard Reents

Tel.: 0228 91447.50
Tel.: 04231 955.140

efeddersen@holstein-dhv.de
reinhard.reents@vit.de

Bonn/Verden, 4. März 2010

EuroGenomics-Partner sind:

