

Kurzinformation

Fleckvieh Haplotyp 4 (F4) beeinflusst die Non Return Rate bei Fleckvieh

Die Verfügbarkeit von umfangreichen Genotypendaten eröffnet neue Möglichkeiten zur Identifikation von Erbkrankheiten bzw. Genen mit starken Einzelwirkungen. Das Innovative an diesen Ansätzen ist, dass nicht mehr abgewartet werden muss, bis Erbfehler oder unerwünschte genetische Besonderheiten bei homozygoten Tieren auftreten, sondern diese prospektiv und damit frühzeitig identifiziert werden können.

Einer dieser Ansätze ist die Suche nach Haplotypen, die nur heterozygot, aber nie homozygot vorkommen. Die zugrundeliegende Hypothese ist, dass homozygote Tiere aufgrund rezessiver Gendefekte nicht überlebensfähig sind. Der Abgang homozygoter Merkmalsträger kann während der Trächtigkeit, als embryonaler Frühtod, bei der Geburt oder in der Aufzuchtphase eintreten. Dies kann untersucht werden, indem Fruchtbarkeitsparameter (z.B. der Anteil erfolgreicher Besamungen), die Totgeburtenrate und die Kälbersterblichkeit bei Risikoanpaarungen analysiert und mit Populationswerten verglichen werden. Beispielsweise erwartet man bei Anpaarungen von heterozygoten Anlageträgern an Kühe, deren Väter ebenfalls Träger des Gendefekts sind, dass im Durchschnitt jede achte Anpaarung für das Defektallel reinerbig ist.

Erkenntnisstand

Mehr als 25.000 Fleckviehgenotypen wurden herangezogen um nach Haplotypen mit fehlenden homozygoten Trägern zu suchen. Unter anderem wurde auf Chromosom 12 eine solche Region gefunden, die nicht in homozygotem Zustand vorliegt. Die Häufigkeit dieses als Fleckvieh Haplotyp 4 (F4) bezeichneten DNA-Abschnittes liegt bei rund 3,5% bei weiblichen Tieren im Geburtsjahrgang 2013. Die Analyse von Risikoanpaarungen (Vater und MV F4 Träger) zeigte, dass der Anteil erfolgreicher Besamungen in der Risikogruppe um etwa 6,5% niedriger ist, als in der Vergleichsgruppe. Dieser Anteil entspricht nach Berücksichtigung der Non Return Rate der Erwartung bei einem monogen vererbten rezessiven Letalgen. Weder bei der Totgeburtenrate, noch bei Aufzuchtverlusten konnten relevante Abweichungen beobachtet werden. In eingehenden Analysen konnte inzwischen gezeigt werden, dass die erhöhten embryonalen Abgänge häufig bereits in der ersten Trächtigkeitswoche erfolgen, es also meist zum Umrindern nach 21 Tagen kommt. Über die Analyse der Sequenzdaten konnte im betroffenen Abschnitt eine Mutation identifiziert werden, die mit hoher Wahrscheinlichkeit für die Abgänge im Embryonalstadium verantwortlich ist. Es liegt daher für F4 neben dem Haplotypentest auch ein Gentest vor, der eine sehr sichere Aussage über den F4-Status eines Tieres erlaubt.

Veröffentlichung

Ab dem 1. April 2014 werden für alle FV Tiere die in die genomische Zuchtwertschätzung gehen, Haplotypentests auf F4 durchgeführt. Zusätzlich können bis jeweils eine Woche nach dem monatlichen Veröffentlichungstermin der Zuchtwerte für züchterisch interessante Tiere Nachtypisierungen mittels direktem Gentest beauftragt werden.

Die Ergebnisse der Haplotypen- und Gentests zu F4 werden in den RDV geladen und sind in der Ansicht ‚STAMM – GENOTYP‘ einsehbar.

Aktive KB Stiere bzw. Stiere die bereits bei einer Besamungsstation registriert sind, werden in der bekannten Weise in den Zuchtwertdatenbanken veröffentlicht. Eine Kennzeichnung in verbands- oder stationsinternen Veröffentlichungen (z.B. ‚Stierlisten‘) wird nicht empfohlen (analog zu BMS). F4 Stati bei Kandidaten werden in der gewohnten Weise an den Auftraggeber der Untersuchung bekanntgegeben.

Züchterische Einordnung:

Auswertungen zu tatsächlich durchgeführten Risikoanpaarungen haben gezeigt, dass mit etwa 12 Embryonen pro 10.000 Trächtigkeiten zu rechnen ist, die aufgrund von F4 abgehen. Der durch FH4 verursachte rein ökonomische Schaden ist daher sehr gering! Beim Vergleich der Befruchtungswerte von F4-Trägern mit freien Tieren fällt auf, dass diese nur um 0,35% niedriger sind. Im Besamungseinsatz weisen daher Stiere die Träger von F4 sind, praktisch identische Befruchtungsraten wie freie Stiere auf.

Aus diesen Gründen wird züchterisch zur moderaten Selektion gegen F4-Anlageträger geraten. Genetisch interessante F4-Träger sollen weiter in der Zucht insbesondere in der gezielten Paarung, eingesetzt werden. Die ohnehin niedrigen ökonomischen Schäden durch F4 können durch die Vermeidung von Risikoanpaarungen (OptiBull) weitgehend ausgeschaltet werden.

Anmerkung:

Die Forschungsergebnisse zu F4 wurden in Zusammenarbeit von ZuchtData GmbH und der TU München erarbeitet. Die ZuchtData übernimmt keinerlei Haftung über die Güte der Haplotypentests.

Hermann Schwarzenbacher, ZuchtData GmbH.
Hubert Pausch, Lehrstuhl für Tierzucht der TU München