

Forschung für gesunde Kühe und hochwertiges Bier

Welche Gerste liefert gutes Braumalz? Welcher Bulle wird eine gute Milchkuh zur Tochter haben? Um solche Fragen schnell und sicher beantworten zu können, untersuchen Forschungsteams den Zusammenhang zwischen dem Erbgut und den Eigenschaften der Pflanzen und Tiere. Die Projekte Kuh-L und INNO GRAIN-MALT sind zwei Beispiele für die erfolgreiche Suche nach Hinweisen im Genom.

Projekt 1: Kuh-L erforscht die Genetik leistungsstarker und gesunder Kühe



Bereits Jungtiere können auf ihre genetische Veranlagung hin untersucht werden.

© Eric Isselée/Fotolia

Rinder sind ökonomisch gesehen die wichtigsten Nutztiere der deutschen Landwirtschaft. Sie liefern Fleisch und Milch sowie Dung für Felder und als Brennmaterial. Das Weiden von Rindern leistet einen wichtigen Beitrag für die Pflege des Grünlands. Im Jahr 2014 gab es etwa 12,5 Millionen Rinder, davon 4,2 Millionen Milchkühe, 3,7 Millionen Tiere wurden geschlachtet. Insgesamt wurden so etwa 1,2 Millionen Tonnen Fleisch und 30 Millionen Tonnen Milch produziert.

Genomische Selektion erleichtert die Auswahl der Zuchtbullen

Die Rinderzucht hat eine lange Tradition und ist hoch komplex. Seit etwa 10.000 Jahren greifen Menschen in die Vermehrung und Auslese von leistungsfähigen Tieren ein. Insbesondere seit dem 18. Jahrhundert werden

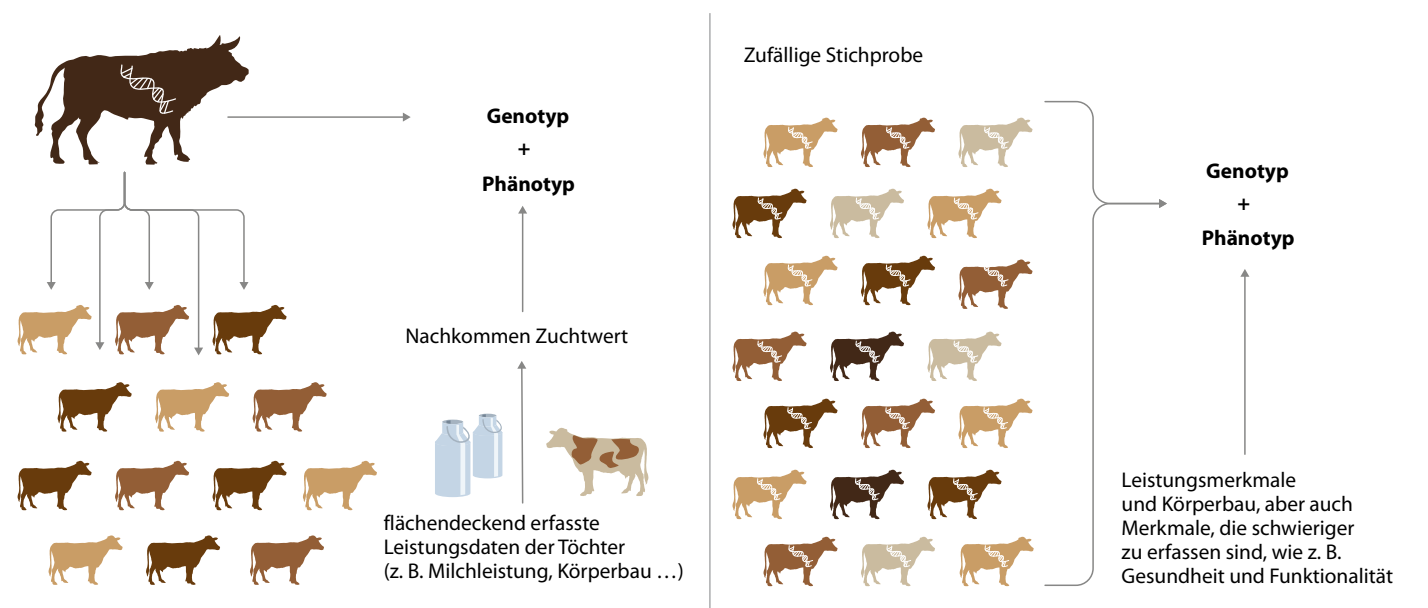
spezialisierte Rassen gezüchtet, beispielsweise sind Holsteinrinder gute Milchkühe.

Heutzutage ist es üblich, Kühe mit dem Spermium von Zuchtbullen künstlich zu besamen. Die Auswahl der richtigen Bullen ist dabei enorm wichtig. Bei Zuchtmerkmalen wie der Milchleistung oder der Eutergesundheit ist es jedoch schwierig geeignete Bullen auszuwählen, da diese Eigenschaften nur bei Kühen in Erscheinung treten. Um den Zuchtwert eines Bullen zu bestimmen, muss dieser erst viele Töchter hervorbringen, die auf die Merkmale hin untersucht werden.

Die genomische Selektion (siehe Seite 10–11) hat große Fortschritte für die Auswahl gebracht. Anhand des Genotyps des Bullen wird abgeschätzt, wie hoch beispielsweise die Milchleistung seiner Töchterkühe sein wird. Mittlerweile werden je nach Region 30

bis 80 Prozent der Besamungen mit Spermium genomisch selektierter Bullen durchgeführt.

Um von der genetischen Information des Bullen auf die Eigenschaften der Töchter schließen zu können, müssen zunächst in einer Stichprobe von ausreichend vielen Bullen Genotypisierungsergebnisse mit den Leistungsdaten der Töchterkühe gegenübergestellt werden (siehe Abbildung: Bullen-Lernstichprobe). Da man an der Stich-



Bullen-Lernstichprobe Bei der Bullen-Lernstichprobe werden die genetischen Informationen (Genotyp) von Bullen mit den Eigenschaften (Phänotyp) der Töchterkühe gegenübergestellt.

Kuh-Lernstichprobe Die Kuh-Lernstichprobe (Kuh-L) untersucht direkt den Zusammenhang von Genotyp und Phänotyp bei Milchkühen.

probe lernt, welche genetischen Muster auf bestimmte Leistungsveranlagungen hindeuten, werden sie Lernstichproben genannt. Ist die Stichprobe hinreichend groß, erhält man eine sichere Aussage und kann die erhaltenen Formeln auch bei Zuchtbullen, welche noch keine Leistungswerte besitzen, anwenden.

Bislang wurden für die Stichprobe vor allem ältere Bullen genutzt, die bereits viele Nachkommen haben und deren Zuchtwert daher verlässlich bestimmt werden kann. Auch wächst die Lernstichprobe nur noch durch Bullen, deren Väter schon genomisch selektiert wurden. Das birgt Gefahren für zukünftige Zuchtwertschätzungen, da die Lernstichprobe möglichst nah an der tatsächlichen, aktuellen Kuhpopulation sein sollte.



Zuchtwert

Der Zuchtwert beschreibt die genetische Veranlagung eines Tieres bezüglich eines bestimmten Merkmals. Bei Rindern sind dies Leistungsmerkmale wie Milchleistung und Fleischzuwachs aber auch Werte wie Eutergesundheit. Für die Bestimmung des Zuchtwerts werden möglichst viele Daten des Tieres und seiner Verwandten aufgenommen und in komplizierten statistischen Verfahren verrechnet.

Bei Kuh-L zählen die Kühe

Im Projekt Kuh-L (Kuh-Lernstichprobe) soll eine Zufallsstichprobe von Kühen mit den Daten der Bullen verglichen werden. Dabei geht es nicht nur um Leistungsmerkmale sondern vornehmlich um die Gesundheit der Tiere.

Eine der wichtigsten Kuhkrankheiten ist die Euterentzündung (Mastitis), unter der die Tiere stark leiden und die auch zu enormen finanziellen Einbußen führt. Eine Abschätzung der Resistenz gegen Mastitis ist anhand einer Bullen-Lernstichprobe sehr aufwändig. Für jeden genotypisierten Bullen müssen 300 Töchter auf ihre Eigenschaften getestet werden. Bei 2000 Bullen bräuchte man Information von 600.000 Kühen, bei 5000 Bullen sogar von 1,5 Millionen Kühe. Zwar wurde ein solcher Ansatz bereits gestartet, es wird jedoch viele Jahre dauern, bis genügend Daten für eine zuverlässige Selektion vorliegen.

Bei Kuh-L dagegen werden die Kühe sowohl genomisch als auch auf ihre Eigenschaften untersucht (siehe Abbildung: Kuh-Lernstichprobe). Dabei wurde errechnet, dass je nach Merkmal zwischen 30.000 und 60.000 Kühe notwendig sind, um verlässliche Daten zu erhalten. Aus Testherden in Mecklenburg-Vorpommern und Brandenburg werden nun 20.000 Tiere zufällig ausgewählt und untersucht. Zusätzlich kann aus den vorhandenen Daten der Genotyp der Muttertiere abgeleitet werden, so dass eine virtuelle



Kuh-L

Die Projektpartner

Das Projekt Kuh-L wird durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) und von den Organisationen der deutschen Holsteinzucht finanziert. Die Bearbeitung findet unter Kooperation des Fördervereins Bioökonomieforschung e.V. (FBF), der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, der Universität Gießen und des Vereinigten Informationssysteme Tierhaltung w.V. (vit) statt.



Stichprobe von insgesamt 35.000 weiblichen Tieren zur Verfügung steht.

Neben der Überprüfung der Bullen-Lernstichprobe werden durch Kuh-L also genomische Zuchtwerte für wichtige Gesundheitsmerkmale verfügbar. So trägt das Projekt zu leistungsstarken und gesunden Kühen bei.

Projekt 2: INNO GRAIN-MALT ist hochwertigem Braumalz auf der Spur

Für gutes Bier benötigt man hochwertige Zutaten. Die Grundzutaten sind Hopfen, Malz, Hefe und Wasser, wobei für die meisten Biere Gerstenmalz verwendet wird. Die Brauqualität des Gerstenmalzes ist entscheidend und hängt sowohl von der Sorte als auch von den Umwelteinflüssen während des Anbaus und der Lagerung des Getreides ab. Besonders Trockenheit und Hitze sind Stressfaktoren für die Pflanzen und verringern Ertrag und Qualität des Malzes.

Beim Forschungsprojekt INNO GRAIN-MALT ist deshalb das Ziel, die molekularen Grundlagen der Braueigenschaften und Stressantworten bei der Gerste aufzuklären. Mithilfe der markergestützten und genomischen Selektion (siehe Seite 10 – 11) werden

neue Gerstensorten geschaffen, die eine verbesserte Brauqualität haben und zudem trocken tolerant sind.

Ein genetischer Trick hilft, molekulare Marker zu finden

Bei vielen Nutzpflanzen ist es möglich und üblich, sogenannte Doppelhaploide zu untersuchen. Wie die natürlicherweise vorkommenden diploiden Pflanzen haben sie zwei Chromosomensätze. Diese sind jedoch völlig identisch, so dass die Pflanze in Bezug auf jedes Gen reinerbig ist. Bei Doppelhaploiden lassen sich leichter Zusammenhänge zwischen dem Genotyp und den untersuchten Merkmalen (Phänotyp) erkennen. Zum an-



Die Qualität von Bieren hängt entscheidend vom verwendeten Getreide und Hopfen ab.

deren sind die Nachkommen der reinerbigen Pflanzen gleichförmig, wie schon die erste Mendelsche Regel besagt. Dies erleichtert die Züchtung.

Doppelhaploide können auf unterschiedlichen Wegen generiert werden. Im Projekt INNO GRAIN-MALT wurden zunächst zwei leistungsfähige, diploide Sorten der Gerste gekreuzt. Diese unterscheiden sich im Hinblick auf ihre Braueignung und den Me-