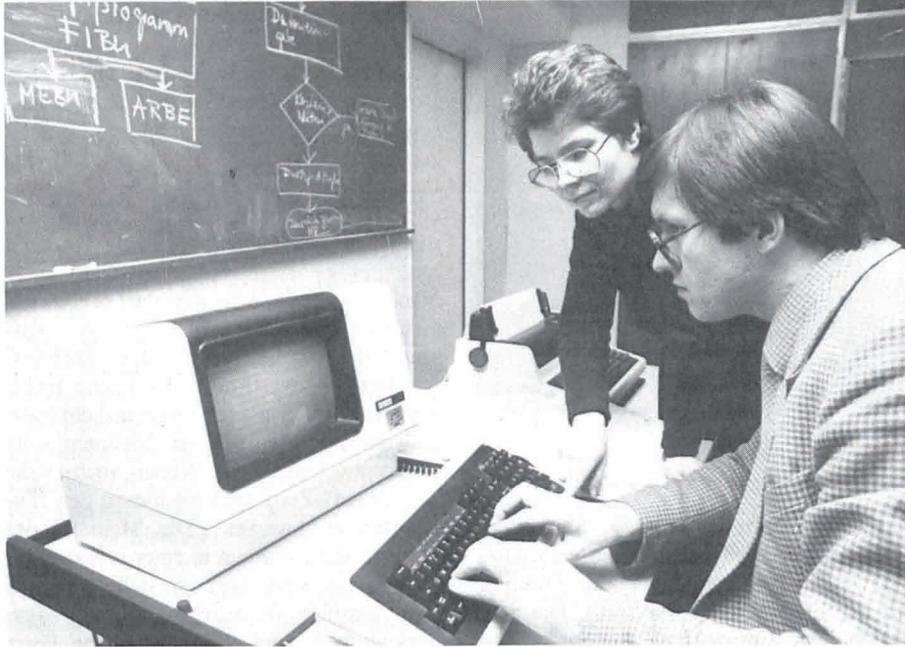


Zuchtwertschätzung – die Analyse komplexer genetischer Populationsstrukturen

Auch die Tierzucht kommt nicht mehr ohne Computer aus / Von Henner Simianer



Die aktuelle Entwicklung der Tierzuchtwissenschaft, insbesondere im Bereich der Rinderzucht, ist gekennzeichnet durch die Wechselwirkung zweier wesentlicher technischer Errungenschaften. Zum einen ist dies die generelle Nutzung der künstlichen Besamung, welche die natürliche Bedeckung weitgehend verdrängt und in den bedeutenden Rinderpopulationen zu einer intensiven nationalen und weltweiten genetischen Vernetzung geführt hat. Zum anderen, und das mag Außenstehende überraschen, ist es die Entwicklung auf dem Gebiet der Computertechnik. Sie gab dem modernen Tierzüchter das Werkzeug in die Hand, die so entstandenen komplexen Strukturen zu erfassen und zu analysieren, um letztlich die besten züchterischen Entscheidungen zu treffen. Doch selbst modernste Großrechenanlagen sind noch zu klein, um auf ihnen die notwendigen Auswertungen für auch nur durchschnittlich große Populationen durchzuführen. So nähern sich die in der Praxis verwendeten Verfahren in der Tierzucht schrittweise der von der Theorie her bekannten optimale Vorgehensweise.

Züchterisches Handeln läßt sich im Grunde auf zwei primäre Entscheidungen reduzieren: welche Tiere wähle ich aus, um Nachkommen zu erzeugen, und mit welchen anderen Tieren paare ich diese? Diese Entscheidungen sind so zu treffen, daß ein für die Zukunft zu erwartender Profit maximiert wird. Rationales züchterisches Handeln muß sich somit auf Informationen stützen, die aus den verfügbaren, d. h. gegenwärtigen und vergangenen Leistungsdaten abgeleitet werden. Die Definition und Berechnung dieser Informationen ist Gegenstand einer wichtigen Teildisziplin der Tierzuchtwissenschaft – der Populationsgenetik.

Diese Informationen lassen sich etwa aus den individuellen Leistungen der in Frage kommenden Tiere berechnen. Nun kann man sich eine solche Leistung – etwa die Menge Milch, die eine Kuh in einem bestimmten Zeitraum gibt – zusammengesetzt

denken aus einer genetisch bedingten Teilmenge und einer systematischen oder zufälligen Abweichung hiervon, z. B. durch Fütterungs-, Haltungs- oder Klimaeinflüsse. Nur die genetisch festgelegte Überlegenheit kann allerdings an die Nachkommen dieser Kuh weitergegeben werden und bestimmt daher den Wert dieses Tieres für die Zucht – den Zuchtwert. Da diese Größe nicht genau zu bestimmen ist, sondern nur mit statistischen Mitteln geschätzt werden kann, spricht man von Zuchtwertschätzung.

Aus vielen Untersuchungen ist nun bekannt, daß von 100 Litern Milch, die eine Kuh mehr gibt als Tiere in vergleichbarer Umwelt, nur ca. 25 Liter genetisch bedingt sind. Die restlichen 75 Liter werden durch andere, nicht erfaßbare Einflüsse verursacht. Darüber hinaus ist dieser Anteil von 25% ein statistischer Erwartungswert bezogen auf alle Tiere einer Population. Für ein

Einzeltier kann die Situation eine ganz andere sein. Die Zuchtwertschätzung auf Grund der eigenen Leistung ist somit relativ ungenau und – in diesem Falle – natürlich auf weibliche Tiere beschränkt. Gerade für das Merkmal Milchleistung wird allerdings der genetische Fortschritt zu einem großen Teil durch den Einsatz von Bullen in der künstlichen Besamung erzielt, so daß für diese eine möglichst genaue Zuchtwertschätzung von größter Bedeutung ist.

Welche Informationsquellen können in diesem Fall verwendet werden? Eine Möglichkeit wäre, einen Parameter an dem männlichen Tier selbst zu erfassen, der mit seiner genetischen Veranlagung zur Milchproduktion, die er an seine Nachkommen weitergeben wird, korreliert. Speziell in der Rinderzucht ist allerdings eine andere Informationsquelle von größerer Bedeutung – die Leistung von verwandten Tieren. So kann etwa aus der Leistung der Mutter die wahrscheinliche genetische Veranlagung ihrer Nachkommen vorausgesagt werden, und das schon bevor diese überhaupt geboren sind und somit unabhängig vom Geschlecht oder dem Vorliegen einer eigenen Leistung.

Das praktische Vorgehen in der Zuchtwertschätzung von Besamungsbullen ist allerdings, diese im sogenannten Testeinsatz mit einer begrenzten Anzahl von Kühen zu paaren und aus den Leistungen der Töchter aus diesen Paarungen auf den genetischen Wert des Bullen zu schließen. Diese Prozedur ist zeitraubend und teuer: es dauert ca. vier Jahre, bis die Ergebnisse des Testeinsatzes anfallen, und während dieser Zeit müssen sämtliche getesteten Bullen unproduktiv gehalten werden. Schließlich kann im Schnitt von acht Bullen einer in den regulären Besamungseinsatz übernommen werden, so daß sämtliche Kosten – einige hunderttausend Mark – auf diesen umgelegt werden müssen. Das Verfahren ist allerdings auch notwendig, da nur auf diese Weise der Zuchtwert eines Bullen mit ausreichender Genauigkeit bestimmt werden kann.

Der Gedanke der Verwendung von Verwandteninformationen zur Zuchtwertschätzung in Verbindung mit der eingangs erwähnten intensiven genetischen Vernetzung der Rinderpopulationen führt direkt zu der Idee, die Zuchtwertschätzung aller Tiere simultan aus dem gesamten „Informationspool“ einer Population durchzuführen. Für das Beispiel der Zuchtwert-

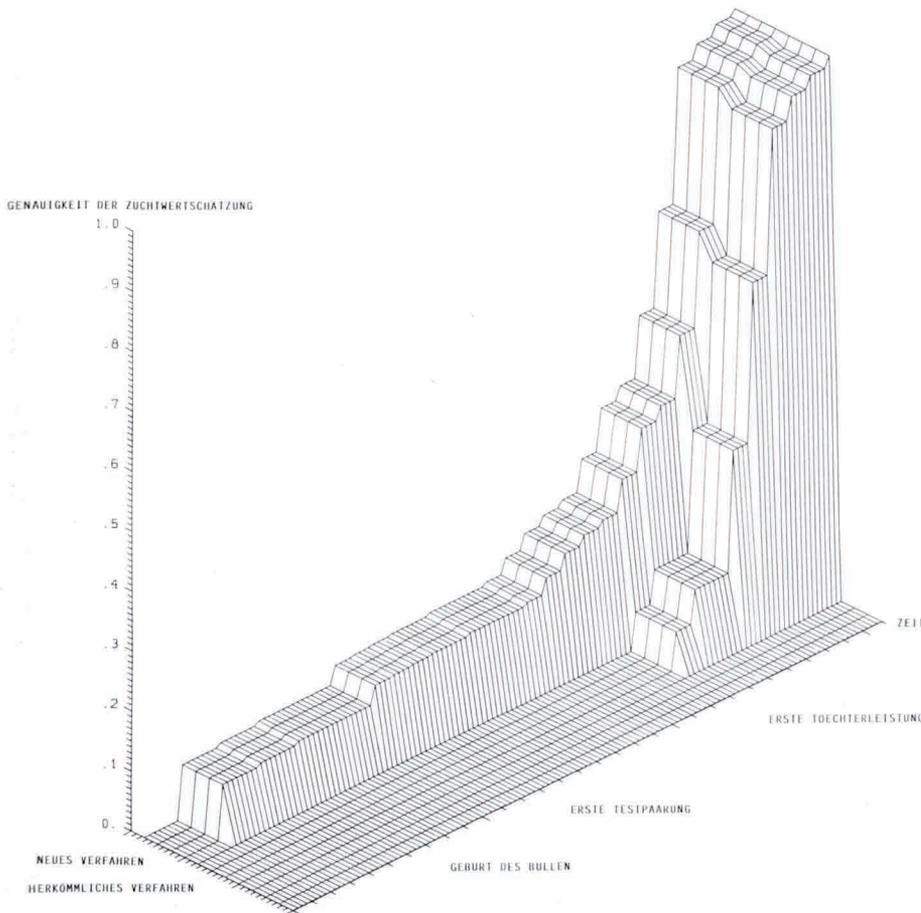


Abb. 1: Entwicklung der Genauigkeit der Zuchtwertschätzung eines Bullen auf der Zeitachse für das herkömmliche und das neue Verfahren.

schätzung von Besamungsbullen würde dies bedeuten, daß Elterninformationen und Nachkommeninformationen, Milchleistungsergebnisse und Ergebnisse in korrelierten Merkmalen berücksichtigt werden. Die Abbildung stellt dieses Verfahren dem herkömmlichen Verfahren gegenüber. Sie zeigt die Entwicklung der Genauigkeit der Zuchtwertschätzung eines Bullen auf der Zeitachse. Während die vordere Kurve nur die Leistungen seiner Töchter berücksichtigt, sind in der hinteren Kurve alle verfügbaren Informationen einbezogen. Schon bevor der Bulle geboren ist, sind hier Informationen über seinen Zuchtwert vorhanden. Der wesentliche Anstieg beider Kurven wird durch die anfallenden Tochterleistungen bewirkt, und je höher das „Informationsniveau“ ist, desto geringer wird die Überlegenheit des neuen Verfahrens. Gerade aber zu einem frühen Zeitpunkt, wenn nämlich die Selektionsentscheidungen getroffen werden müssen, ist das herkömmliche dem neuen Verfahren deutlich unterlegen.

Allerdings ergeben sich selbst bei durchschnittlichen Populationsgrößen von einigen zehntausend Individuen schon derart komplexe und umfangreiche Informationsstrukturen, daß deren vollständige Analyse auch mit modernen Großrechnern nicht zu

bewältigen ist. Daher wurde eine Methode entwickelt, die wesentliche von unwesentlichen Informationen trennt, so daß aus der Vernachlässigung von nebensächlichen Informationskomponenten ein rechentechnischer Vorteil gezogen werden kann. Es ist letztlich eine ökonomische Entscheidung, ob das Mehr an Rechenaufwand bei Verwendung eines komplexeren Modells durch die frühere Verfügbarkeit von genauer geschätzten Zuchtwerten aufgewogen wird. In Zukunft werden diese Entscheidungen allerdings mit steigenden Rechnerkapazitäten und sinkenden Rechenkosten immer mehr zugunsten ausgefeilterer Modelle getroffen werden.

Von einigen Tierzüchtern wird die Meinung vertreten, die Anwendung neuentwickelter Methoden in der Tierproduktion – Stichwort Gentechnologie – werde die klassischen tierzüchterischen Techniken überflüssig machen. Doch selbst wenn man, was Zeitpunkt und Umfang der Einführung dieser Verfahren angeht, die optimistische Einschätzung dieser Wissenschaftler teilt, so werden die genetischen Strukturen der Nutztierpopulationen eher noch komplexer werden als sie es heute schon sind. Daher werden nach meiner Einschätzung die hier vorgestellten Methoden noch an Bedeutung gewinnen und unverzichtbar sein.

USA: Mammutprojekt für Genforschung

(dpa) – US-Wissenschaftler planen, das gesamte menschliche Erbgut zu entschlüsseln. In einem mehrjährigen Projekt, dessen Kosten auf vier bis acht Milliarden Mark geschätzt werden, wollen sie die genaue Aufeinanderfolge der Bausteine auf den 23 menschlichen Chromosomenpaaren bestimmen.

Eine „Landkarte“ des menschlichen Erbguts würde Licht werfen auf einige der großen medizinischen Fragen, wie zum Beispiel die Krebsentstehung, meinte Dr. Viktor McKusick vom Johns Hopkins Krankenhaus in Baltimore (US-Bundesstaat Maryland). „Die Schlußfolgerungen werden für das Verständnis menschlicher Krankheiten und der Biologie des Menschen enorm sein“, sagte Charles Cantor von der Abteilung für Genetik und Entwicklung der Columbia Universität.

Trotz großer Fortschritte bei der Analyse der DNS ist derzeit lediglich für 900 menschliche Gene von insgesamt 80 000 die ungefähre Lage auf den Chromosomen bekannt. Die Beschreibung des gesamten Erbguts – für jeden DNS-Baustein ein Buchstabe – würde 1 000 Bücher zu je 1 000 Seiten mit jeweils 3 000 Zeichen füllen: Ein Vorhaben, das zur Speicherung der anfallenden Datenmengen Computer notwendig macht.

Wegen seiner großen Rechnerkapazität kommt als federführende Behörde für das Mammutunternehmen das amerikanische Energieministerium (DOE) in Betracht. Auf Einladung des DOE diskutierten im März des Jahres Wissenschaftler darüber, wie das Vorhaben am besten zu bewältigen sei (nature, vol. 321, p. 371).

Das Energieministerium, in dessen Aufgabenbereich genetische Forschungen zunächst nicht zu fallen scheinen, förderte in der Vergangenheit bereits Arbeiten über die Schädigung des Erbguts durch energiereiche Strahlung. Zudem erstellte seit 1983 das Los Alamos Laboratorium, das dem DOE untersteht, zusammen mit dem Lawrence Livermore Laboratorium eine Genombibliothek, in der Bruchstücke des Erbguts mit 5 000 bis 10 000 Kettengliedern katalogisiert sind.

Kritiker des Projekts geben zu bedenken, daß durch die Konzentration von Forschungsmitteln auf das Mammutunternehmen anderen Vorhaben das Geld entzogen wird. So schlug Fred Blattner von der Universität von Wisconsin vor, das Erbgut eines kleineren Organismus, beispielsweise eines Bakteriums, zu entschlüsseln. Dabei seien zu einem Bruchteil der Kosten Erkenntnisse über die Vorgänge in den Zellen zu gewinnen.