



!!! Aus aktuellem Anlass !!!

Liebe Mitglieder und Freunde des Besamungsverein Nordschwaben e.V., mit Hilfe der genomischen Untersuchung unserer Rinder lässt sich nicht nur deren Vererbungsleistung besser voraussagen.

Ein weiterer positiver Effekt besteht darin, dass erblich bedingte Fehler (Erbfehler) bei der Rasse Fleckvieh schneller aufgedeckt werden können. Dazu untersucht man das Genom von Tieren, die im Verdacht stehen einen Erbfehler in sich zu tragen, und identifiziert den Genabschnitt oder Genort auf dem dieser Fehler liegt. Hat man diesen gefunden, so kann man bei den Zuchttieren überprüfen, welche Vererber dieses Defektgen in sich tragen. Trägt ein Tier dieses Gen einmal in sich, ist aber an sich unauffällig, so spricht man von einem Anlagenträger. Trägt ein Tier auf einem Chromosomenpaar das veränderte Gen beidemale in sich und weist klinische Besonderheiten auf, so spricht man von einem erbkranken Tier.

Genveränderungen können immer wieder auftreten und sich in einer Population ausbreiten, bis es zu ersten klinischen Erscheinungen kommt. Ein bekanntes Beispiel aus der Vergangenheit ist die Spinnengliedrigkeit beim Fleckvieh. Erst kürzlich sind zwei unterschiedliche Varianten von Zwergwuchs genauer beschrieben und untersucht worden. Mittels der genomischen Analysen wurden zwei unterschiedliche Defekte im Genom an unterschiedlichen Stellen lokalisiert.

Im Prinzip ist das vereinzelt vorkommende Phänomen der Zwergwüchsigkeit schon seit längerem beim Fleckvieh bekannt. Neu ist allerdings die Variante des sogenannten Minderwuchses, einer Entwicklungseinschränkung, bei der die Tiere zunächst normal auf die Welt kommen. Sie können dann aber gar nicht mehr oder nur noch verzögert weiterentwickeln. Man geht davon aus, dass diese unerwünschte Variante mit einer Frequenz von ca. 4% in der Population vorkommt. Da jedoch keine älteren Tiere gefunden wurden, geht man aktuell davon aus, dass es sich um einen sogenannten selektiven Nachteil handelt, bei dem die Tiere schon frühzeitig aus dem Bestand abgehen.

Beeindruckend ist die Geschwindigkeit, mit der solche auftretenden Gendefekte aufgespürt und die jeweiligen Vererbungswege dargestellt werden können. Neben den neuen Erkenntnissen müssen wir auch lernen, wie wir dieses neue Wissen zum Wohle der Tiere, der Zucht und nicht zuletzt der Landwirte nutzen. Auch wenn dieses Forschungsgebiet im Moment noch sehr neu ist, kann man aus meiner Sicht jetzt schon sagen, dass es hier keine einfachen oder gar radikalen Lösungsansätze geben wird.

Im Moment ist noch nicht absehbar, welche Orte im Genom noch eine Variante aufweisen, die zu einem unerwünschten Effekt bei den Nachkommen führen können. Ob man einen Bullen mit einem Erbfehler einsetzt hängt von unterschiedlichen Faktoren ab: Wie groß ist das Leid und der Schaden am Tier, wenn es einen erblichen Schaden ausprägt? Wie groß ist das Risiko, dass dieser erbliche Defekt überhaupt auftritt? Wie groß ist der wirtschaftliche Schaden, der dem Landwirt entstehen kann? Wie groß ist der potenzielle Nutzen beim Einsatz eines Tieres, das eine unerwünschte Genvariante in sich trägt und kann auf diesen Zuchtfortschritt völlig verzichtet werden?

Dies sind nur einige Fragen, die zu klären sind. Ziel sollte es immer sein, in einer Rasse oder einer Population so wenig Erbfehler wie möglich zu haben. Doch der Weg sämtliche Tiere, die einen Erbdefekt in sich tragen von der Zucht auszuschließen, ist sicherlich genauso radikal wie falsch!

Ein kluges Erbfehlermanagement bedeutet immer eine Abwägung zwischen Nutzen und Risiko beim Einsatz eines Zuchttieres. Hier kann sicherlich ein Anpaarungsprogramm, das Faktoren wie unerwünschte Genvarianten berücksichtigt sehr hilfreich sein. Den Zuchtfortschritt nur auf das Eliminieren von Erbdefekten auszurichten, wird ebenso scheitern, wie jedes Zuchtprogramm, das sich nur auf eine Richtung festlegt. Sei es ausschließlich auf Leistung, ausschließlich auf

Exterieur oder ausschließlich auf Hornlosigkeit. An dieser Stelle muss man sicher vergegenwärtigen, dass die aktuell gefundenen unerwünschten Genvarianten schon länger in der Population vorhanden sind und wir daher den Umgang mit erbkranken Tieren gelernt haben – einen Kümmerer gab es schon immer mal wieder in einem Stall. Neu ist lediglich die schnelle und genaue Beschreibung der Genorte und die Erkennung des Verbreitungsmusters eines solchen Defektes in der Population.

Da diese Materie im Moment sehr aktuell ist und hier noch großer Forschungsbedarf besteht, möchte ich an dieser Stelle keine Bullen nennen, die von einer der beiden Varianten der Zwerg- oder Minderwüchsigkeit betroffen sind und nicht in unserem Eigentum stehen. Hier kann es im Laufe weiterer Forschungen vielleicht noch zu Veränderungen durch neue Ergebnisse kommen. In unserem Katalog ist der Bulle WITAM PS in der Empfehlung, der das sogenannte FH2 Gen trägt, das zu Minderwuchs oder Entwicklungseinschränkung führt. Zur klinischen Ausprägung kommt es nur, wenn dieses Gen von der mütterlichen und väterlichen Seite im Nachkommen zusammen trifft. Unter Abwägung

des Risikos eines zwergwüchsigen Kalbes und dem Nutzen durch den genetischen Fortschritt, den man durch den Einsatz dieses Bullen erfährt, haben wir uns entschlossen diesen Bullen weiterhin in der Empfehlung zu behalten. Wir möchten allerdings ausdrücklich auf die unerwünschte Genvariante, die der Bulle mit einer Wahrscheinlichkeit von 50% weiter gibt, hinweisen. Dies bedeutet aber keineswegs, dass 50% der Kälber den Minderwuchs ausprägen. Dies tritt nur auf, wenn diese unerwünschte Genvariante auch von der mütterlichen Seite mitgebracht wird. Kühe, die unter anderem Winnipeg oder Malf im Pedigree haben, können diese Genvariante in sich tragen. Nicht betroffen von diesem Gendefekt sind Bullen wie Vanadin oder Mado und deren Nachkommen.

Für weitere Informationen zu diesem Thema stehen wir oder die Mitarbeiter des Zuchtverbandes gerne zur Verfügung.

Mit freundlichen Grüßen



Dr. Frank Bosselmann