

Inhaltsverzeichnis
AfT-Frühjahrssymposium 2005

Nutzung der Genomanalyse in der züchterischen Praxis – Aus Sicht der universitären Forschung

Jörn Bennewitz, *Institut für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel*

Wohin geht die Rinderhaltung?

Eberhard von Borell

Professur für Tierhaltung und Nutztierökologie, Institut für Tierzucht und Tierhaltung, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

Nutzung transgener Tiere – eine vergebene Chance?

Gottfried Brem

Institut für Tierzucht und Genetik, Veterinärmedizinische Universität Wien, A-1210 Wien

Zum Problem der Definition physiologischer Leistungsgrenzen

Gerhard Breves

Physiologisches Institut der Tierärztlichen Hochschule Hannover

Genomanalyse und Erbfehler

Ottmar Distl

Institut für Tierzucht und Vererbungsforschung, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

Erhalt der genetischen Vielfalt - Was bringt die Genomanalyse?

Georg Erhardt, Christina Peter

Institut für Tierzucht und Haustiergenetik der Justus-Liebig-Universität Gießen

Das Epigenom in der Reproduktionsbiologie

Stefan Hiendleder

Institut für Molekulare Tierzucht und Biotechnologie, Genzentrum der Ludwig-Maximilians-Universität München

Biodiversität, Tiergesundheit und Tierzucht

Anita Idel

Projektmanagement Tiergesundheit & Agrobiodiversität

Agrarpolitische Ziele der Bundesregierung

Bernhard Kühnle

*Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft
Leiter der Abteilung Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen*

Vorgaben aus dem Tierzuchtgesetz

Bernhard Kühnle

*Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft
Leiter der Abteilung Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen*

Leistung, Haltung, Krankheit – Anspruch des Verbrauchers !

Hartmut König

Ernährungsreferent der Verbraucherzentrale Hessen e.V.

Wohin geht die Schweinehaltung

Joachim Krieter

Institut für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität, Kiel

Gene und Klone: Chancen und Risiken für eine diversifizierte und nachhaltige Tierzucht

H. Niemann

FB Biotechnologie, Institut für Tierzucht (FAL) Mariensee, 31535 Neustadt

Nutzung der Genomanalyse in der züchterischen Praxis - aus der Sicht einer Rinderzuchtorganisation

Erwin Oschika, *Erfurt*

Was packt Noah in seine Arche?

T. Pinent¹, H. Simianer¹, S. Weigend²

¹ *Institut für Tierzucht und Haustiergenetik, Georg-August-Universität Göttingen;*

² *Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft, FAL Mariensee; 31535 Neustadt;*

Produktqualität und Genomanalyse - Schweineproduktion

Gerald Reiner

Professur für Schweinekrankheiten, JLU Gießen

Tierzucht und genetische Vielfalt bei Rind, Schwein und kleinen Wiederkäuern

Thomas A. Schmidt, *FAL Mariensee, 31535 Neustadt*

Tiergesundheit und Genomanalyse: Klauenerkrankungen – Effekt des bovinen SLC26a2-Gens# auf Merkmale der Klauen- und Gliedmaßenstabilität beim Kalb

A.M. Scholz*¹, S. Nüske¹, I. Medugorac², D. Seichter³, J. Hampe¹, M. Förster^{2, 1}

Lehr- und Versuchsgut der Tierärztlichen Fakultät, Ludwig-Maximilians-Universität

München¹, Institut für Tierzucht, Lehrstuhl für Tierzucht und Allgemeine

Landwirtschaftslehre der Tierärztlichen Fakultät, Ludwig-Maximilians-Universität

München², Tierzuchtforschung München e.V., Poing³

Die funktionelle Genomanalyse – neue Möglichkeiten zur Aufklärung der molekularen Grundlagen und züchterischen Verbesserung der Mastitisresistenz beim Rind

Manfred Schwerin

Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere, Dummerstorf

Funktionale Genomanalyse in der Reproduktionsbiologie: Notwendigkeit, Konzepte, erste Ergebnisse

Eckhard Wolf

Lehrstuhl für Molekulare Tierzucht und Biotechnologie

Genzentrum der Ludwig-Maximilians-Universität München

Erwartungen des Verbrauchers an die Lebensmittelsicherheit

Jutta Jaksche Verbraucherzentrale Bundesverband e.V., Markgrafenstr. 66, 10969 Berlin

Produktqualität und Genomanalyse: Rinderproduktion

Klaus Wimmers, Christa Kühn, Siriluck Ponsuksili

Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere (FBN),

Forschungsbereich Molekularbiologie; 18196 Dummerstorf

Nutzung der Genomanalyse in der züchterischen Praxis – Aus Sicht der universitären Forschung

Jörn Bennewitz

Institut für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel

In zahlreichen und weltweit durchgeführten Genomanalyseprojekten ist es mit Hilfe genetischer Marker gelungen, Gene für quantitative Merkmale (quantitative trait loci, QTL) auf den Chromosomen der landwirtschaftlichen Nutztiere zu kartieren. Eines der wesentlichen Ziele dieser Kartierungsprojekte ist die Nutzung der Marker-QTL-Kopplungsinformation bei der Selektion (Marker Assisted Selektion, MAS). In der Deutschen Holstein Milchrinderzucht wird zur Zeit ein solches MAS Programm als Ergänzung zu den konventionellen Zuchtprogrammen implementiert. Die MAS greift bei der Vorselektion von Testbullenkandidaten, bevor diese die kosten- und zeitaufwendige Nachkommenschaftsprüfung absolvieren. Dieses MAS Vorhaben wird detailliert beschrieben.

Die Forschung konzentriert sich auf zwei unterschiedliche Formen der MAS. Die eine Form basiert weiterhin auf den kartierten QTL. Hier gilt es, durch entsprechende Feinkartierungen Marker zu identifizieren, die eng mit den QTL gekoppelt sind bzw. ein Kopplungsungleichgewicht mit den QTL zeigen. Das Fernziel einer Feinkartierung ist dabei die Identifizierung der dem QTL zugrunde liegenden kausalen Mutation und der Entwicklung eines entsprechenden Genstets. In diesem Idealfall kann die MAS durch die gengestützte Selektion (GAS) ersetzt werden, was erhebliche Vorteile mit sich bringt. Die zweite Form der MAS ist die zur Zeit noch als futuristisch anzusehende genomische Selektion. Sie geht davon aus, dass genomweite hochauflösende Markerkarten verfügbar und alle Zuchttiere an allen Markern genotypisiert sind. Bei der genomischen Selektion wird für jedes Markerallel und jedes Tier ein Effekt geschätzt, egal ob der Marker einen QTL markiert oder nicht. Die Summe aller Alleleffekte bildet den genomischen Wert eines Tieres, welcher das Selektionskriterium darstellt. In einer in der Literatur beschriebenen ersten Untersuchung konnte gezeigt werden, dass die genomische Selektion das Potential hat, klassische Zuchtprogramme nachhaltig zu beeinflussen.

Wohin geht die Rinderhaltung?

Eberhard von Borell

*Professur für Tierhaltung und Nutztierökologie, Institut für Tierzucht und Tierhaltung,
Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg*

In Deutschland werden gegenwärtig etwa 13 Millionen Rinder, davon 4,3 Millionen Milchkühe gehalten (ADR, ZMP, 2004/2005). Nach derzeitigen Schätzungen werden im Durchschnitt nur etwa 38 Milchkühe pro Betrieb gehalten, wobei in den neuen Bundesländern 150 Kühe und in den Herdbuchzuchtbetrieben mit Milchleistungsprüfung rund 200 Kühe gehalten werden. Entsprechend der Milchproduktionssteigerung hat sich die Anzahl der Betriebe (ca. 110.000) in den letzten 10 Jahren halbiert. Die Verteilung auf die möglichen Haltungsvarianten kann nur über die Erfassung der Betriebe mit Melkständen (alte Bundesländer) geschätzt werden. Danach beträgt der Anteil der Kühe in Anbindehaltung etwa 60 % und entsprechend 40 % in Laufstallhaltung. In den alten Bundesländern befinden sich etwa nur 20 % der Kühe in Herden über 50 Kühen, während davon auszugehen ist, dass sich in den 4800 Betrieben der neuen Bundesländer nahezu alle Kühe in solchen Herdengrößen bewegen. Demnach ergibt sich für Gesamtdeutschland (etwa 1/3 der Milchkühe stehen in Bayern) eine Mehrheit von Kühen in Anbindehaltung.

Abgesehen von der Kälberhaltung existieren für die Haltung von Milch- und Fleischrindern derzeit keine spezifischen Mindestanforderungen in Form von gesetzlich verbindlichen Verordnungen. Dies hängt mit der Situation auf EU-Ebene zusammen, wo momentan in diesen Bereichen kein Handlungsbedarf gesehen wird. Derzeit werden daher die Empfehlungen und Leitlinien auf europäischer und deutscher Ebene zu den Mindestanforderungen an die Haltung von Rindern herangezogen. Die Anbindehaltung für Rinder gerät unter dem Gesichtspunkt der Tiergerechtigkeit zunehmend unter Druck. Laufstallhaltungen unter Beachtung des Kuhkomforts setzen sich jedoch nicht nur aus Tierschutzgründen durch. Längerfristig werden sich auch die kleinen Familienbetriebe mit Stallkonzepten zur Kleingruppenhaltung beschäftigen müssen. Unter dem Einfluss zunehmender Umweltauflagen ist zu erwarten, dass der Auslauf- und Weidehaltung Grenzen gesetzt werden. Forschungs- und Handlungsbedarf bestehen in den Bereichen des Gesundheitsmonitorings (Epidemiologie), der Betreuungsqualität, der Verhaltensstörungen sowie der Technopathien und deren Ursachen in Bezug zu Genetik, Ontogenese sowie zur sozialen und technischen Haltungsumwelt. Ein hohes Leistungsniveau und der zunehmende Automatisierungsgrad erhöhen die Managementanforderungen in der zukünftigen Rinderhaltung.

Nutzung transgener Tiere – eine vergebene Chance?

Gottfried Brem

*Institut für Tierzucht und Genetik, Veterinärmedizinische Universität Wien, A-1210
Wien*

Vor 25 Jahren wurde erstmals über die Erstellung transgener Mäuse durch DNA-Mikroinjektion berichtet und seit 1985 kennen wir transgene Nutztiere. Bei den Modelltieren hat der Gentransfer und insbesondere die dann folgende Entwicklung zur homologen Rekombination von Genen eine enorme Fülle an neuen Erkenntnissen über grundlegende Fragen der Expression, Funktion und Wirkung von Genen und Genkombinationen ermöglicht..

Beim Nutztier wurde der Gentransfer als Möglichkeit gesehen und getestet, Parameter der Wachstumsleistung zu beeinflussen, die Krankheitsresistenz zu verbessern, die Qualität tierischer Produkte zu optimieren bis hin zu Kreation von funktionellen Nahrungsmitteln und Stoffwechselwege zu modulieren. Die größte Bedeutung kam und kommt aber der biotechnologischen Nutzung im Hinblick auf die Produktion von rekombinanten Proteinen und transgenen Geweben/Organen von Schweinen für die Xenotransplantation zu.

Die Technik der Übertragung genetischer Information in funktionelle Genome hat sich im Laufe der Jahre sehr gewandelt, von der DNA-Injektion über die Nutzung viraler Vektoren, die Verwendung von Spermien als Carrier bis hin zur Etablierung der Klonierung, die es erlaubt, auch aus in vitro genetisch/gentechnisch transformierten differenzierten Zellen wieder Tiere generieren zu können. In den nächsten Jahren werden wir darüber hinaus eine intensive Nutzung der höchst effizienten lentiviralen Genvehikel und der Wirkungen von RNA-Interferenz zur variablen Unterdrückung von Genfunktionen sehen.

Die Chance, transgene Tiere zu nutzen, ist nicht vergeben - obwohl zwischenzeitlich der Eindruck bestand. Eine Blütezeit kann und wird es geben, wenn die Technologie ohne Ideologie verstanden wird.

Zum Problem der Definition physiologischer Leistungsgrenzen

Gerhard Breves

Physiologisches Institut der Tierärztlichen Hochschule Hannover

In den letzten Jahrzehnten ist es gelungen, bei allen landwirtschaftlichen Nutztieren eine enorme Zunahme ihrer Leistungen zu erzielen. Die Verbesserung dieses Potentials ist nur durch ein enges Zusammenwirken der Disziplinen Ernährung, Züchtung und Haltung möglich gewesen. Demgegenüber liegen aus Studien der letzten Jahre zahlreiche Ergebnisse vor, die in Verbindung mit der Zunahme der Leistungen trotz optimaler Haltungs- und Fütterungsbedingungen ein gehäuftes Auftreten verschiedenster Erkrankungen belegen, was als Überschreiten einer physiologischen Leistungsgrenze definiert werden kann. Aus dieser im Prinzip für alle Spezies anzunehmenden Korrelation ergibt sich also die Frage, wie diese Leistungsgrenzen formuliert werden können und von welchem Leistungsbereich einer Spezies und Nutzungsrichtung ausgehend ein gehäuftes Auftreten von Erkrankungen erwartet werden kann. Wichtig ist dabei, dass auch individuelle Faktoren beteiligt sind, da manche Tiere sehr hohe Leistungen ohne erkennbare Beeinträchtigungen erbringen, bei anderen jedoch ein niedrigeres Leistungsniveau bereits mit gesundheitlichen Belastungen verbunden sein kann. Die Möglichkeiten und die Probleme der Abschätzung von Leistungsgrenzen sollen an zwei Beispielen erläutert werden. Im ersten Beispiel sollen Leistungsgrenzen bei Milchkühen auf der Grundlage gesicherter quantitativer Daten zur Leistung einerseits und Futteraufnahme, Energie- und Eiweißumsatz andererseits erläutert werden. Im zweiten Beispiel sollen für die Labmagenverlagerung vor allem die Schwierigkeiten, pathogenetische Konzepte mit der Leistung zu korrelieren, dargestellt werden.

Laktation, Futteraufnahme, Energie- und Eiweißumsatz

Bei Laktationsleistungen über 10000 kg werden mit Erreichen des Gipfels der Laktationskurve Tagesleistungen erreicht, die deutlich über 50 kg pro Tag liegen können. Zur Deckung des NEL-Bedarfs (Netto-Energie-Laktation) sind Energieaufnahmen erforderlich, die die Grenzen der freiwilligen Futteraufnahme überschreiten. Hinzu kommt, dass selbst bei Verzehrleistungen von 25 kg Trockenmasse/Tag Energiekonzentrationen in der Gesamtration erforderlich sind, die auf der Grundlage der wiederkäuergerechten Fütterung nicht erreichbar sind. Folge ist die Entstehung einer negativen Energiebilanz, die je nach Ausprägung Grundlage verschiedener metabolischer Störungen sein kann. Die Grenzen des Eiweißumsatzes ergeben sich aus der limitierten ruminalen Proteinsynthese, dem Umfang des Futterproteinabbaues im Gastrointestinaltrakt und der Mobilisierung des körpereigenen Proteins.

Leistung und Krankheitsanfälligkeit

Die Anfälligkeit für Erkrankungen wie z. B. Mastitis, Metritis, Gebärpause, Labmagenverlagerung u. a. nimmt mit steigenden Leistungen zu. Die Schwierigkeiten in der Festlegung von Leistungsgrenzen im Zusammenhang mit diesen Erkrankungen ergeben sich daraus, dass nur ein Teil einer Population erkrankt und dass der Zusammenhang zwischen Leistung und pathogenetischen Mechanismen praktisch nicht charakterisiert ist. Dies soll am Beispiel der Labmagenverlagerung erläutert werden, an deren Entstehung die Atonie der glatten

Muskulatur der Labmagenwand und/oder eine vermehrte Gasansammlung im Labmagen maßgeblich beteiligt sind. Für die Atonie werden u. a. Veränderungen in der Empfindlichkeit der glatten Muskelzellen gegenüber Neurotransmittern oder Verschiebungen in den Populationen der enterischen Neurone diskutiert. Eine vermehrte Gasansammlung kann Folge eines Ungleichgewichtes zwischen Produktion und Absorption an kurzkettigen Fettsäuren über die Vormagenwand sein. Eine besondere Schwierigkeit in der Definition von Leistungsgrenzen ergibt sich aus der Tatsache, dass die pathogenetischen Konzepte selbst vielfach nicht eindeutig belegt sind.

Genomanalyse und Erbfehler

Ottmar Distl

Institut für Tierzucht und Vererbungsforschung, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

Mit der zunehmenden Aufklärung der komplexen Genome der landwirtschaftlichen Nutztiere können die molekulargenetischen Zusammenhänge zwischen den Funktionen der Gene und dem Entstehen von Anomalien aufgeklärt werden. Für viele landwirtschaftliche Nutztiere liegen bereits Teil- oder komplette Informationen zu den ca. 30.000 – 35.000 Genen vor.

Für das Huhn ist bereits die gesamte Genomstruktur bekannt und in naher Zukunft wird dies auch für das Rind der Fall sein. Mit der zunehmenden Aufklärung der Genomsequenzen können die für Anomalien verantwortlichen Gene schneller und leichter identifiziert sowie effizientere Ansätze zur Aufklärung entwickelt werden. Es dürfte zu erwarten sein, dass es in einigen Jahren möglich sein wird, systematische Genomscreens in Hochdurchsatzverfahren für anonyme Marker sowie für genomassoziierte Marker durchzuführen.

Die ersten molekularen Testverfahren für Erbfehler wurden vor ca. 15 Jahren publiziert. In der Zwischenzeit wurde eine größere Anzahl von Erbfehlern vor allem beim Rind molekulargenetisch aufgeklärt. Verglichen mit der großen Anzahl von bekannten angeborenen Anomalien und Erbfehlern stehen hier die Forschungsarbeiten erst am Anfang. Die Anwendung der molekularen Gendiagnostik ermöglicht eine alters- und geschlechtsunabhängige Bestimmung des Genotyps und damit eine Verbesserung der Erbfehlerbekämpfung.

Somit können ohne Testanpaarungen Anlageträger für rezessive oder erst sich später im Leben manifestierende Erbdefekte erkannt werden, wodurch das Risiko für das Auftreten von Merkmalsträgern oder das Weiterverbreiten von unerwünschten Defektallelen erheblich gesenkt werden kann. Auch für die Erbfehler, die von mehreren Genen determiniert werden, wie dies vermutlich bei den wirtschaftlich bedeutsamen kongenitalen Anomalien des Schweins der Fall ist, können dann verbesserte Bekämpfungsprogramme aufgebaut werden.

In diesem Fall können durch die Anpaarungsplanung zuerst die mit phänotypischen Defekten verbundenen Kombinationen der Defektallele verschiedener Genorte vermindert und danach gänzlich eliminiert werden. Für die weitere Erforschung der molekulargenetischen Grundlagen von Erbfehlern wird es notwendig sein, die phänotypische Merkmalerfassung mittels der Zucht- und Besamungsorganisationen zu systematisieren, die Charakterisierung der Phänotypen zu verbessern und geeignetes Untersuchungsmaterial für die DNA und mRNA-Analyse von Familien zur Verfügung zu stellen. Da neben den auf genomischer DNA beruhenden Forschungsansätzen immunhistologische und auf mRNA basierte Untersuchungsmethoden zur Aufklärung von Erbfehlern wesentlich beitragen können, werden die Ermittlung von Fällen und deren tierärztliche Untersuchung erheblich an Bedeutung gewinnen.

Beim Rind wurden bisher von mehr als 20 verschiedenen Erbdefekten die kausalen Mutationen aufgeklärt. Für eine größere Anzahl von Erbfehlern wurden

Genombereiche kartiert, so dass hier teilweise Markerteste verfügbar sind. Bei vielen Tests ist jedoch auch mit genetischer Heterogenität der Mutationen zu rechnen, so dass eine Übertragung auf die übrigen Rassen nicht ohne sorgfältige Überprüfung möglich ist. Beim Schwein hingegen sind mit Ausnahme des Malignen Hyperthermie Syndroms, des Hampshire Faktors und der Resistenz gegenüber der Ödemkrankheit noch wenig Fortschritte im Auffinden von kausalen Mutationen gemacht worden. Hingegen wurde eine größere Anzahl von Genomregionen identifiziert, in denen möglicherweise die für Erbfehler verantwortlichen Gene liegen.

Beim Schaf sind kausale Mutationen für mehrere Erbfehler bekannt, so z.B. für das „Spider Lamb Syndrome“, das Ehlers-Danlos-Syndrom, die Muskelhypertrophie (Callipyge) und die Anfälligkeit für Scrapie. Für das Pferd wurden bisher für mehrere Erbfehler die kausalen Mutationen gefunden, so für die Hyperkaliämische Periodische Paralyse (HYPP), schwere kombinierte Immundefizienz (SCID), letales weißes Fohlensyndrom (LWFS), Epidermolysis bullosa und bestimmte Formen der Rhabdomyolysis. Für das Huhn liegt die komplette Genomsequenz einschließlich einer Karte mit 2,8 Millionen genetischen Polymorphismen vor. Die Einzelnukleotid Polymorphismen (single nucleotide polymorphisms, SNPs) basieren auf dem Vergleich der Genomsequenz je eines kommerziell gezüchteten Mast- und Legehuhns, einem chinesischen Seidenhuhn und einem Bankivahuhn (Rotes Dschungelhuhn). Für das Federpicken wurde beim Legehuhn eine mit einem Gen für weiße Gefiederfärbung assoziierte Mutation gefunden. Obwohl für das Huhn viele kongenitale und erbliche Missbildungen bekannt sind, steht hier die molekulargenetische Aufklärung erst am Anfang.

Erhalt der genetischen Vielfalt - Was bringt die Genomanalyse?

Georg Erhardt, Christina Peter

Institut für Tierzucht und Haustiergenetik der Justus-Liebig-Universität Gießen

Die „World Watch List for Domestic Animal Diversity“ (2000) der FAO klassifiziert rund 27 % (390 von 1433) aller bekannten Nutztierassen als vom Aussterben bedroht. Um allerdings auch zukünftigen Anforderungen des Marktes gerecht werden zu können, ist es von großer Bedeutung, die genetische Vielfalt sowohl zwischen als auch innerhalb der Rassen (50 bis 70 %) zu charakterisieren. Dabei standen in den 70er Jahren, neben der Erfassung des Phänotyps, Proteinpolymorphismen (Allozyme) und Blutgruppen zur Verfügung. Seit der Erfindung der PCR (Polymerase-Kettenreaktion) Mitte der 80er Jahre und der Möglichkeit der Sequenzierung stellen auf DNA basierende Hochdurchsatzverfahren die am häufigsten verwendeten Methoden zur Untersuchung genetischer Diversität dar.

Die Charakterisierung genetischer Vielfalt kann sowohl auf neutraler (nicht kodierender) Ebene mit Hilfe von Mikrosatelliten als auch auf kodierender Ebene (Kandidatengene) erfolgen. Mikrosatelliten sind aufgrund der Tatsache, dass sie hoch polymorph und leicht zu automatisieren sind, in den vergangenen Jahren und derzeit die am häufigsten verwendeten molekularen Marker. Sie dienen hierbei vor allem der Schätzung der Diversität und Differenzierung von Rassen, der Berechnung genetischer Distanzen, der Abschätzung genetischer Vermischung von Rassen sowie der Identitäts- und Abstammungskontrolle, welche in die Ex-situ-Erhaltung implementiert werden können. Darüber hinaus können mit ihrer Hilfe Flaschenhalseffekte detektiert und die Inzucht abgeschätzt werden. Eine weitere Markergruppe, deren Bedeutung in den letzten Jahren stark zugenommen hat, stellen SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) und AFLPs (Amplified Fragment Length Polymorphisms) dar. Untersuchungen auf dem Y-Chromosom und an mitochondrialer DNA (mt-DNA) bieten die Möglichkeit, paternale bzw. maternale Linien aufzuzeigen, deren geografische Herkunft und Verbreitung innerhalb von Nutztierpopulationen zu verfolgen und sie in die Einschätzung der genetischen Vielfalt einer Rasse einzubeziehen. Somit erlauben molekulare Marker, neben der Verwendung in Diversitätsstudien als Basis für Erhaltungszuchtprogramme, auch Aussagen über den Domestikationsprozess unserer Nutztiere.

Um die Effektivität und die Vergleichbarkeit der Ergebnisse von Diversitätsstudien innerhalb der einzelnen Tierarten zu verbessern und internationale Studien langfristig zusammenzuführen, ist es jedoch zwingend notwendig, Standardproben und Standardmarkersets, wie sie von der FAO (<http://dad.fao.org/en/refer/library/guidelin/marker.pdf>) vorgeschlagen werden, zu verwenden.

Molekulare Marker stellen heute die Basis dar, anhand derer Diversitätsparameter innerhalb und zwischen Rassen geschätzt werden. Darauf aufbauend können regionale, nationale und internationale Erhaltungskonzepte unter Einbeziehung ökonomischer und kultureller Gesichtspunkte entwickelt werden.

Das Epigenom in der Reproduktionsbiologie

Stefan Hiendleder

*Institut für Molekulare Tierzucht und Biotechnologie,
Genzentrum der Ludwig-Maximilians-Universität München*

Neben dem Genom ist das Epigenom maßgeblich an der Merkmalsausprägung beteiligt. Im Gegensatz zum genetischen Code ist der epigenetische Code (z.B. die Methylierung von Cytosin, verschiedene Histonmodifikationen, DNA-bindende Proteine) nur transient heritabel, d. h. die meisten epigenetischen Modifikationen werden bereits nach einer Generation während der Gametogenese und frühen Embryonalentwicklung gelöscht und neu gesetzt. Das Epigenom ist zu diesen Zeitpunkten besonders empfindlich gegenüber Umwelteinflüssen und kann, z.B. durch nutritive Faktoren, Veränderungen erfahren, die während der Ontogenese stabil erhalten bleiben. Zu den epigenetischen Phänomenen zählt u.a. das genomische imprinting von Genen, das zu einer von der elterlichen Herkunft der Allele abhängigen allelspezifischen Genexpression bei den Nachkommen führt.

Ein Beispiel für phänotypische Auswirkungen von Epimutationen ist das bei verschiedenen Tierarten nach in vitro Reproduktionstechniken beobachtete large offspring syndrome (LOS). Der fetale Überwuchs wird häufig von Veränderungen an der Plazenta begleitet, ist disproportional, und erstreckt sich auch auf die Organgewichte. Das Auftreten von epigenetisch bedingten Störungen und der damit verbundenen Probleme (u.a. Dystokie und Totgeburt bei LOS) behindert den Einsatz von in vitro Verfahren. Andererseits ermöglichen epigenetische Störungen aber auch die systematische Suche nach epigenetisch kontrollierten merkmalsbeeinflussenden Genen. Epigenetisch bedingte Phänotypen sind daher von grundsätzlichem Interesse. Beim Rind konnten wir bereits durch vergleichende Transkriptomanalysen sowie funktionellen Studien an LOS- und Kontrollfeten Kandidatengene für fetales Wachstum identifizieren. Diese Gene unterliegen dem genomischen imprinting und wurden bei der Kartierung von quantitative trait loci (QTL) in einer Untersuchung zur Bekämpfung der Schwer- und Totgeburtenproblematik beim Fleckvieh auch als positionelle Kandidaten identifiziert. Durch die Einbeziehung diagnostischer Verfahren zum Nachweis von Epimutationen und die Verwendung holistischer Untersuchungsansätze auf Transkriptom- und Proteomebene können Gameten für die in vitro Produktion von Embryonen vorselektiert sowie die Auswirkungen von in vitro Protokollen getestet werden, um eine höhere Ausbeute transfertauglicher Embryonen, eine verbesserte Trächtigkeitsrate und einen normalen Phänotyp zu erreichen. Beispielsweise wird die Expression von Interferon τ , einem wichtigen embryonalen Trächtigkeitserkennungssignal beim Wiederkäuer, auch durch den DNA-Methylierungsstatus im Promotorbereich des Interferon τ -Gens reguliert; globale DNA-Methylierungsstörungen wurden von uns sowohl nach Kerntransfer als auch nach in vitro Fertilisation beobachtet.

Die ernährungs- und umweltbedingte Beeinflussung epigenetischer Modifikationen und deren Auswirkungen auf die Genexpression werden im Kontext eines embryo bzw. fetal programming unter in vivo Bedingungen ebenfalls verstärkt diskutiert. Bei Modelltieren konnten hier epigenetische Modifikationen und Effekte nicht nur im

Verlauf der embryonalen und fetalen Entwicklung sondern auch noch postnatal, z.B. während der Säugephase, induziert werden. Das Epigenom ist damit auch unabhängig von biotechnischen Verfahren von zentraler Bedeutung in der Reproduktionsbiologie.

Biodiversität, Tiergesundheit und Tierzucht

Anita Idel

Projektmanagement Tiergesundheit & Agrobiodiversität

Die wichtigste rechtliche Grundlage zur biologischen Vielfalt ist die 1992 in Rio verabschiedete „Konvention zur Erhaltung der biologischen Vielfalt“ (CBD).

Danach basiert die Erhaltung der biologischen Vielfalt auf drei Säulen:

1. Erhaltung und Schutz der biologischen Vielfalt
2. Nachhaltige Nutzung von Tier- und Pflanzenarten sowie deren Lebensräumen
3. Gerechte Aufteilung der Vorteile, die sich aus der Nutzung dieser natürlichen Ressourcen ergeben.

Entgegen der verbreiteten Auffassung, die CBD beschränke sich auf die „wilde“ Biodiversität, umschließt ihr Wirkspektrum auch die Agrobiodiversität. Die Entwicklungen in der Tiergesundheit und der Tierzucht sollen im Folgenden vorrangig hinsichtlich der 2. Säule betrachtet werden. Genetische Vielfalt in der Tierzucht ist notwendig für nachhaltige Tierhaltung und Teil des Welterbes. Aber lokale Rassen und ihre vielfältigen Fähigkeiten sind oft außerhalb ihres Verbreitungsraumes nicht bekannt. Nach Schätzungen der FAO „verschwinden“ jede Woche zwei lokale Rassen – häufig „ersetzt“ durch Hochleistungsrassen. Die Behandlung von Fragen zu Eigentumsrechten, Sozio-Ökonomie und auch Ökologie werden dringlicher: Welches sind die Potenziale lokaler Rassen und welche die zu ihrer Umsetzung notwendigen Rahmenbedingungen?

Es ist inzwischen kein exklusives Expertenwissen mehr, dass es ohne die Erhaltung seines Lebensraumes, des Dschungels, keine Erhaltung des Tigers gibt, ebenso wie viele bodenbrütende Vogelarten als Habitat einer extensiv bewirtschafteten Rinderweide bedürfen. Dieses Postulat gilt es auf die Agrobiodiversität – hier auf die für die landwirtschaftliche Nutzung gezüchteten Tiere – anzuwenden. Denn als Bestandteil von Kulturlandschaften haben landwirtschaftlich genutzte Tiere nur eine Chance, wenn auch diese erhalten bleiben. Dem entgegen verkümmern die ursprünglichen Lebensräume aber durch anthropogenen Einfluss zunehmend, und gleichzeitig liegt seit den 1950er Jahren die Ausrichtung der Zuchtziele erklärtermaßen auf der Standortunabhängigkeit. Die Verfügbarkeit von Importfuttermitteln, Vitaminen, Hormonen, Aminosäuren und Antibiotika war Voraussetzung für die Entwicklung zu ganzjähriger Stall- bis hin zur Käfighaltung.

Das Ziel, einheitliche Produkte herzustellen – nach Zeitraum, Form, Größe und Eignung zur Weiterverarbeitung –, bestimmte die Entscheidungen zur Rationalisierung und Spezialisierung in der Tierproduktion und führte zu immer größerer Standardisierung *der Tiere* und zu immer größerer Standardisierung *der Standorte*. Früher wurde unter Standortangepasstheit das Potenzial zur *Standortanpassungsfähigkeit* verstanden. Statt der bis dahin notwendigen Anpassungsfähigkeit an jahreszeitliche Schwankungen, wechselndes Futterangebot etc. führte die einseitige Selektion auf einheitliche Zuchtziele und rationalisierte Haltungsbedingungen zu einer extremen Anpassung und letztlich Angepasstheit an uniforme Standorte für die spezialisierten Nutzungsrichtungen bis hin zur „Käfig-Henne“. (Vgl. www.agrobiodiversitaet.net).

Die Konsequenzen dieser Entwicklung für die Vielfalt zwischen und innerhalb von Rassen resümiert die Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL): „Bei allen Nutztierarten lässt sich ein zunehmender Verlust von *Rassen* und damit von innerartlicher Variabilität beobachten. Als besonders gefährdet gilt der Geflügelbereich, da hier die Spezialisierung und Industrialisierung der Produktion wie bei keiner anderen Nutztierart vorangeschritten ist. Während von Hobbyzüchtern eine Vielzahl von Geflügel*rasen* gepflegt wird, beschränkt sich die kommerzielle Geflügelzucht auf wenige, wirtschaftlich genutzte Zucht*linien*“.¹ Hinzu kommen die gesundheitliche Problematik und die geringe Nutzungsdauer der Hochleistungstiere. Aber die politischen, rechtlichen und ökonomischen Rahmenbedingungen sowie die tierzüchterischen Voraussetzungen bieten derzeit kaum Anreize für betriebswirtschaftliche Entscheidungen zu mehr Diversifizierung in der Tierzucht.

¹ Weigend, Steffen (2002): Strategien zur Bewertung genetischer Vielfalt beim Huhn. Schriftenreihe des BMVEL „Angewandte Wissenschaft“, Heft 494, „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, S. 65 – 71.

Erwartungen des Verbrauchers an die Lebensmittelsicherheit

Jutta Jaksche

Verbraucherzentrale Bundesverband e.V., Markgrafenstr. 66, 10969 Berlin

Einerseits sind Verbraucher durch Lebensmittelskandale von der Illusion befreit worden, es könnten in Deutschland bei immer niedrigerem Preisniveau der Lebensmittel auch das Sicherheits- und Qualitätsniveau von Lebensmitteln aufrecht gehalten werden. Andererseits aber besteht ein Grundvertrauen in die deutsche Lebensmittelproduktion, dass das Sicherheits- und Qualitätsniveau durch behördliche Rahmenseetzungen nicht unter ein unvertretbares Limit gerät. Verbraucher sind verunsichert darüber, wo sich dieses Limit befindet. Die Skepsis besteht in der Frage, ob die Lebensmittelsicherung bei der gegebenen Art der Erzeugung von Lebensmitteln eine Chance hat. Oder werden neue technische Innovationen legitimiert um Lebensmittelsicherheit zu garantieren ohne den Qualitätsaspekt ausreichend berücksichtigt zu haben. Verbraucher wollen Qualität durch höhere Preise honorieren. Die Lebensmittelsicherheit jedoch ist eine Mindestanforderung an die Produkte.

Jeder der in der Lebensmittelkette - von der Herstellung bis zur Weitergabe des Lebensmittels an den Verbraucher – beteiligt ist, hat die Pflicht, dafür zu sorgen dass Beschaffenheit und Kennzeichnung eines Lebensmittels in Einklang mit den gesetzlichen Bestimmungen stehen. Für die Verbraucher, die am Ende der Kette stehen ist es unabdingbar, dass alle Stationen der Lebensmittelherstellung als Kontinuum angesehen werden, da jedes Glied dieser Kette eine potentielle Auswirkung auf die Lebensmittelsicherheit haben kann. Wir fordern daher einen integrativen Ansatz, einer „Verantwortung aller Beteiligten“ - vom Acker bis zum Teller.

Daraus resultieren auch entsprechende Kontroll- und Dokumentationspflichten. Diese müssen gestaltet werden. Rechtliche Regelungen, gepaart mit freiwilligen Vereinbarungen seitens der Erzeuger, der Verarbeiter und des Handels müssen dazu einen verlässlichen Rahmen schaffen. Zunehmend müssen wir die notwendigen Maßnahmen an einen sich vergrößernden Markt und an vielgliedrigere Lebensmittelketten anpassen.

Doch Lebensmittelsicherheit ist auch als Ergebnis eines sich fortlaufend vollziehenden Prozesses zu verstehen. Um die Lebensmittelsicherheit zu gewährleisten, müssen wir kontinuierlich auch auf neue Produktentwicklungen und Anwendungen neuer Technologien reagieren.

Agrarpolitische Ziele der Bundesregierung

Bernhard Kühnle

*Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft
Leiter der Abteilung Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen*

Ziel der Agrarpolitik ist es heute, in Europa die Voraussetzungen für eine nachhaltige Landwirtschaft zu verbessern und auszubauen. Weltweit bestehen unterschiedliche Anforderungen an Produktqualität, Tier- und Umweltschutz. Agrarpolitik ist nur dann zukunftsfähig, wenn sie bei Aufgabe staatlicher Preis- und Mengensteuerung die für nachhaltige Landwirtschaft erforderlichen höheren Standards abzusichern vermag.

Mit der Reform der Gemeinsamen Agrarpolitik, die 2005 in Kraft tritt, ist ein Meilenstein auf dem Weg zu einer umfassenden Änderung der bisherigen Förderpolitik erreicht. Die Reform trägt den aktuellen Herausforderungen – insbesondere die Erweiterung der Europäischen Union und den WTO-Verhandlungen zur weiteren Liberalisierung des Welthandels – Rechnung.

Mit ihren zentralen Elementen Entkopplung der Direktzahlungen von der Produktion, Bindung der Direktzahlungen an bestimmte Anforderungen des Umwelt- und Tierschutzes, der Tierkennzeichnung sowie der Lebensmittelsicherheit (Cross Compliance) und Einbehalt eines Teils der Direktzahlungen für die Entwicklung in ländlichen Räumen (Modulation) schafft sie die Voraussetzungen für eine wettbewerbsfähige, nachhaltig und natur- und landschaftsverträglich operierende Landwirtschaft.

In den letzten Jahren hat die tierische Erzeugung in Deutschland in erheblichem Maße Marktanteile verloren. Diese Entwicklung wird allgemein mit mangelnder Wettbewerbsfähigkeit wegen ungünstiger Betriebsstrukturen der landwirtschaftlichen Betriebe aber auch des vor- und nachgelagerten Bereichs begründet.

Die vorherrschenden Betriebsstrukturen erschweren die Einführung von geschlossenen Produktionssystemen mit einer durchgängigen Herkunfts- und Qualitätssicherung von der Zucht bis zur Ladentheke, wie sie z.B. für die Schweinefleischerzeugung in Dänemark und Holland bereits existiert.

Die Tierhalter in Deutschland können dagegen grundsätzlich auf eine gute Infrastruktur, eine hinreichende Verfügbarkeit von Futtermitteln, Bauleistungen und tierärztliche Betreuung sowie vielfältige Strukturen für die Verarbeitung, Distribution und Vermarktung von tierischen Produkten zurückgreifen. Ein besonderer Standortvorteil gegenüber Mitbewerbern ist auch die Nähe zu den Verbrauchszentren mit einer vergleichsweise hohen Kaufkraft.

Die Nutztierhaltung in Deutschland ist sowohl mit den Entwicklungen auf der globalen und europäischen Ebene als auch mit Änderungen der Rahmenbedingungen auf der regionalen und lokalen Ebene konfrontiert. Angesichts der Standortbedingungen Marktnähe etc. haben für die deutsche Landwirtschaft Verbraucheraspekte einen besonders hohen Stellenwert. Die Strategie der deutschen Tierproduktion kann es daher nicht sein, zu geringstmöglichen Preisen zu produzieren, sondern kostengünstig hochwertige Nahrungsmittel zu erzeugen. Dabei kommt einer nachhaltigen Produkt- und Prozessqualität zur Sicherung eines hohen Verbraucherschutzniveaus eine zentrale Rolle zu.

Vorgaben aus dem Tierzuchtgesetz

Bernhard Kühnle

*Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft
Leiter der Abteilung Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen*

Das Tierzuchtgesetz war seit seiner Entstehung einem ständigen Wandel der Zweckbestimmung, aber auch der staatlichen Einflussnahme unterworfen. Es bleibt in seinen Schwerpunkten aber ausgerichtet auf die züchterische Verbesserung oder Erhaltung für Rassen oder Populationen landwirtschaftlich genutzten Tiere der Arten Pferd, Rind, Schwein, Schaf und Ziege.

Die Regelungen des Gesetzes dienen primär dazu, die Grundlagen für die Durchführung überbetrieblicher Zuchtprogramme zu sichern. Staatliche Regelungen beschränken sich weitgehend darauf, die Arbeit der Zuchtorganisationen als Träger und Organisator aller züchterischen Maßnahmen zu stärken. In individuelle Zuchtentscheidungen greift der Staat durch das Tierzuchtgesetz nicht mehr ein.

Ausgehend vom EG-Recht sind keine staatlich vorgegebenen Mindestanforderungen an Leistungen der Zuchttiere zulässig. Staatliche Regelungen im Tierzuchtgesetz beschränken sich auf die Vorgabe von Grundsätzen über die Zuchtzielgestaltung, auf einen Mindestkatalog zu berücksichtigender Merkmale und die Form der Bekanntgabe von Leistungsergebnissen und Zuchtwerten.

Neuere Entwicklungen der Tierzucht wie die Erhaltung genetischer Ressourcen oder die Molekulargenetik spiegeln sich insbesondere im EG-Tierzucht recht nicht wieder. Im künftigen Tierzucht recht wird die Beobachtung und Erhaltung der genetischen Vielfalt eine größere Rolle spielen.

Das Tierzuchtgesetz bietet keine unmittelbare Handhabe gegen tierschutzrelevante Probleme. Dazu dient unmittelbar das Tierschutzgesetz, insbesondere der § 11b. Die tierzucht rechtlich anerkannten Zuchtorganisationen sollten aber gleichwohl in der Lage sein, ihre Zuchtziele und Zuchtprogramme im Einklang mit den Anforderungen des Tierschutzes zu gestalten.

Verpflichtungen zur Durchführung von Resistenzzuchtprogrammen können derzeit nicht auf das Tierzuchtgesetz gestützt werden. Das Tierzuchtgesetz bietet aber ein Instrumentarium, solche Programme bei den tierzuchtlich anerkannten Zuchtorganisationen durchzuführen.

Leistung, Haltung, Krankheit – Anspruch des Verbrauchers !

Hartmut König

Ernährungsreferent der Verbraucherzentrale Hessen e.V.

Viele Verbraucher stehen nicht erst seit den ersten BSE-Fällen dem Fleischangebot kritisch gegenüber. Gerade bei den tierischen Produkten sind es die regelmäßig wiederkehrenden Probleme und Skandale der intensiven Tierhaltung, die den Anspruch des Verbrauchers an die heutige Tierhaltung verändern. Ergebnisse von empirischen Verbraucherbefragungen zeigen, wie die Einstellungen sich heute darstellen. Die Verbraucherzentrale NRW und die Gesellschaft für Konsumforschung (GfK) haben im Juni 2003 eine repräsentative Verbraucherbefragung zum Fleischeinkauf veröffentlicht. Die Ergebnisse zeigen, dass aus Verbrauchersicht nicht nur die Produkt- sondern auch die Prozessqualität eine immer bedeutendere Rolle spielen. Will man den Angaben glauben, so rangiert zwar an vorderster Stelle der Werteskala beim Fleischeinkauf der Genusswert gleichzeitig ist aber der Verzicht auf Antibiotika, die artgerechte Haltung und die regionale Erzeugung für viele Verbraucher wichtiger als ein günstiger Preis.

Gleichzeitig findet im Einzelhandel (LEH) seit Überwindung des BSE-Schocks erneut ein extremer Preiswettbewerb statt. In den letzten Monaten sind es vor allem die preisaggressiven Discounter, die ins Frischfleischgeschäft eingestiegen sind. Hauptgegenstand der Kommunikation des Handels mit dem Verbraucher war und ist dabei der Preis, wie den wöchentlichen Werbeschriften des Handels zu entnehmen ist. Nur ganz vereinzelt spielt das konkrete Qualitätsprofil von Produkten eine Rolle. Beim Geflügelangebot wird diese Entwicklung besonders deutlich. Angebote aus extensiver oder ökologischer Erzeugung sind in den Supermärkten kaum zu finden. Vor diesem Hintergrund ist die vielfach bemängelte Preisorientierung von Verbrauchern und Verbraucherinnen beim Fleischeinkauf kaum verwunderlich.

Andererseits gibt es bundesweit auch vielfältige Label für Markenfleisch, Programme einzelner Handelsunternehmen, komplizierte Kennzeichnungen, Werbung mit ländlicher und handwerklicher Idylle oder Premiumwerbung für Massenprodukte, die beim Verbraucher mehr Verwirrung als Klarheit schaffen. Für diese tatsächlichen oder nur vorgeblichen Qualitätshinweise fehlen häufig ausreichend gesicherte Signale wie starke Marken, staatliche Garantien oder unabhängig kontrollierte Gütezeichen und Siegel.

Wenn also die Qualitätsdimension nicht beurteilt werden kann, gehen die einkaufenden Verbraucher und Verbraucherinnen von einer durchschnittlichen Qualität aus und es wird nur ein entsprechend niedriger Preis akzeptiert. Dies setzt einen Prozess der Negativauslese am Markt in Gang. Anbieter überdurchschnittlicher Qualität verschwinden, senken ihre Standards oder entstehen erst gar nicht, wie insbesondere bei den Diskountern festzustellen ist.

Andererseits haben ein Teil der Erzeuger, Verarbeiter und Handel schon frühzeitig auf die sich ändernden Verbrauchererwartungen reagiert. Sie versuchen das Vertrauen der Verbraucher zurückzugewinnen und bieten unabhängig kontrolliertes Fleisch aus extensiveren bis hin zu ökologischen Produktionsweisen an. Sowohl auf kleinen regionalen Märkten, landesweit oder gar bundesweit sind inzwischen ca. 20 bis 25 überregionale und 80 regionale Programme für Rind, Schwein und Geflügel zu

finden. Damit sich der Verbraucher in dieser verwirrenden Vielfalt zurechtfinden kann und das für ihn richtige Produkt erkennt, führen die Verbraucherzentralen zur Zeit schon zum zweiten Mal eine überregionale, vergleichende Transparenzuntersuchung aller Markenfleischprogramme durch. Grundlage der Erhebung ist ein umfassender Kriterienkatalog mit dem die Programmrichtlinien verglichen werden. Durch die Kategorisierung der Programme in die fünf Bereiche „Kontrollierte Qualität“, „Regionale Herkunft“, „Extensive Erzeugung“, „Besonders tiergerecht“ und „Biologische Erzeugung“ erhält der Verbraucher Entscheidungshilfen für den qualitätsbewussten Einkauf.

Wohin geht die Schweinehaltung

Joachim Krieter

Institut für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität, Kiel

Die Entwicklung der Schweinehaltung wird maßgeblich von den wirtschaftlichen und politischen Rahmenbedingungen beeinflusst. Der EU-Schweinefleischmarkt ist ein Überschussmarkt, der Selbstversorgungsgrad lag 2003 bei 108%. Daher bestimmen die Produktionskosten und die Prozess- und Produktqualität maßgeblich über die künftigen Marktanteile auf dem europäischen Binnenmarkt. Deutschland belegt im internationalen Vergleich der Produktionskosten einen hinteren Platz, als Ursachen sind neben den Futter- und Gebäudekosten insbesondere die biologischen Leistungen zu nennen. In den Kenngrößen verkaufte Mastschweine je Sau und Jahr und Futtermittelverwertung rangiert Deutschland auf den hinteren Positionen. Der Einsatz moderner Haltungsverfahren, eine computergestützte Produktionskontrolle und Schwachstellenanalyse sowie die Implementierung geeigneter Monitoringsysteme für die Tiergesundheit unter Einbeziehung aller Produktionsstufen können einen wichtigen Beitrag für eine höhere Produktionseffizienz leisten.

Für die Sauhaltung ist die Gruppenhaltung im Wartestall vorgeschrieben, die bei entsprechendem Management gut funktioniert, im Besamungsbereich überwiegt die Einzelhaltung. Die freibewegliche Haltung im Abferkelbereich ist derzeit noch nicht praxisreif, so dass der Ferkelschutzkorb Standard bleiben wird. Für die Mastschweinehaltung ist das Platzangebot entscheidend. Die Forderung nach einem größerem Platzangebot wird die Großgruppenhaltung forcieren, da den Mastschweinen bei gleichem Platzangebot eine größere Bewegungsfläche zur Verfügung steht und die Strukturierung der Bucht in verschiedene Funktionsbereiche erleichtert wird.

Sinkende Margen und wachsende Bestände zwingen zu einer effizienten, computergestützten Produktionskontrolle und Schwachstellenanalyse. An Beispielen wird demonstriert, wie der Einsatz von Control Charts und Entscheidungsbäumen die on-line Kontrolle des Betriebsleiters verbessert und eine schnellere Reaktion auf Veränderungen im Produktionsverlauf erlaubt.

Forschungsbedarf besteht für die Entwicklung von Monitoringsystemen für die Tiergesundheit. Derzeit fehlen kostengünstige Sensoren für die serielle Erfassung z.B. der Körpertemperatur oder Aktivität. Diese Einzelinformationen müssen mit externen Steuerungselementen in Entscheidungsmodelle integriert werden, um das Betriebspersonal bei der frühzeitigen Erkennung von Krankheiten zu unterstützen.

Neben den einzelbetrieblichen Kontrollinstrumenten müssen überbetriebliche Managementsysteme für die Tiergesundheit und Lebensmittelsicherheit ausgebaut werden, was nur in vertikal integrierten Produktionssystemen möglich ist. Erfolgreiche Ketten zeichnen sich durch abgestimmte vertragliche Regelungen, optimalen Schnittstellen zwischen den Produktionsstufen und einer stufenübergreifenden gerechten Gewinnverteilung aus. Daneben sind Kommunikationsstrategien zur schnellen Weitergabe von Informationen und Bewertungen notwendig.

Gene und Klone: Chancen und Risiken für eine diversifizierte und nachhaltige Tierzucht

H. Niemann

FB Biotechnologie, Institut für Tierzucht (FAL) Mariensee, 31535 Neustadt

Bio- und gentechnologische Verfahren bieten neue Möglichkeiten für Erhaltung und Ausbau genetischer Vielfalt. Effektive Verfahren für die Kryokonservierung von männlichen Gameten und Embryonen sind für die meisten landwirtschaftlichen Nutztierspezies vorhanden, während weibliche Gameten (Oozyten) noch nicht mit befriedigenden Überlebensraten kryokonserviert werden können. Die Gewinnung von Gameten und Embryonen setzt eine ausreichende Infrastruktur und eine Vorbehandlung der Spendertiere voraus, was häufig unter Feldbedingungen nur schwer erreichbar ist. In solchen Fällen kann die Gewinnung somatischer Zellen, z.B. über Ohrbiopsie, einen wichtigen Beitrag zur Erhaltung eines bestimmten Genotyps leisten. Diese somatischen Zellen können mit etablierten Verfahren tiefgefroren werden, nach dem Auftauen *in vitro* expandiert und für molekulargenetische Untersuchungen zur Analyse genetischer Vielfalt bzw. für den Einsatz im somatischen Klonen eingesetzt werden. Somatische Zellen können auch in entkernte Oozyten nah verwandter Spezies übertragen und dadurch eine vom Aussterben bedrohte Spezies erhalten werden. Ein prominentes Beispiel dafür ist die erfolgreiche Klonierung des Sardinischen Mufflons und dessen Austragen im normalen Hausschaf. Das somatische Klonen ist auch ein wesentliches Hilfsmittel in der Erstellung genetisch veränderter (transgener) Tiere, wo es eine neue Qualität durch den gezielten Einbau von Genkonstrukten in das Wirtsgenom sicherstellen kann. Deshalb wird heute das bisher übliche Verfahren der Mikroinjektion durch somatischen Kerntransfer mit genetischen veränderten und vorselektierten Zellen ersetzt. Weitere Verfahren mit erheblichem Potential für eine verbesserte Übertragung von Genen sind lentivirale Vektoren, genetisch veränderte Spermien sowie small interfering RNAs (siRNAs). In der Maus sind bereits Verfahren für eine hochpräzise Regulation von Genkonstrukten entwickelt worden, die für Großtiere z. Zt. in vielen Labors adaptiert werden. Neue Möglichkeiten im Hinblick auf Erhaltung und Ausbau genetischer Vielfalt werden sich aus der vollständigen Sequenzierung der Genome landwirtschaftlicher Nutztiere ergeben. Im Jahre 2004 sind bereits die Genome für das Rind und das Geflügel vollständig sequenziert worden.

Möglichkeiten für eine diversifizierte und zielgenaue Landwirtschaft werden sich dann z.B. in der Milchproduktion ergeben, wo durch Veränderungen im Kasein-Gehalt eine verbesserte Joghurt- oder Käseproduktion erreicht, durch Modifikation im Laktosegehalt Milch für Laktose-intolerante Menschen verfügbar gemacht, durch Reduktion von β -Laktoglobulin „hypo-allergene“ Milch erzeugt oder durch einen erhöhten Anteil an Lactoferrin „Kleinkindermilch“ erzeugt werden kann. Voraussetzung für den Markteingang solcher Produkte ist das Freisein von Nebenwirkungen; die biologische Sicherheit kann heute durch bereits verfügbare sensitive Verfahren unter Verwendung von PCR und Arrays gewährleistet werden. Die genannten molekulargenetischen Erkenntnisse und Verfahren bieten somit die Chance für die Entwicklung einer hoch diversifizierten und nachhaltigen Tierzucht. Dieses Instrumentarium kann von großer Bedeutung angesichts der globalen Herausforderungen in der landwirtschaftlichen Produktion sein.

Nutzung der Genomanalyse in der züchterischen Praxis - aus der Sicht einer Rinderzuchtorganisation

Erwin Oschika, Erfurt

Aus der Sicht der praktischen Zuchtorganisation ist es sehr wichtig schon im Vorfeld bestimmter Selektionsentscheide mit größerer Sicherheit auf die potentielle Vererbungsleistung bestimmter Zuchtrinder verweisen zu können. Diesem Ziel dient die Genomforschung.

Umfangreiche Aufwendungen im Rahmen der Nachkommenschaftsprüfung, insbesondere für geschlechtsdeterminierte Merkmale können so reduziert werden.

Wichtig ist, dass neben den Leistungskomplexen weitere Merkmalsaspekte in die Selektion einbezogen werden können, insbesondere aus der Sicht der Fruchtbarkeit und der Eutergesundheit.

Die Zuchtorganisationen haben ausgehend von dem bisherigen Erkenntnisstand damit eine sehr gute Grundlage, die Effektivität ihrer Arbeit weiter zu verbessern und insbesondere für Milchproduzenten in den jeweiligen Territorien bessere Rahmenbedingungen zu schaffen.

An Hand von neuen Zuchtwertschätzergebnissen bei schwarzbunten Besamungsbullen wird am Beispiel von DGAT nachgewiesen, dass der durchschnittliche Zuchtwert maßgeblich von diesem Gen bestimmt wird. Es ist geeignet in die Züchtungspraxis überführt zu werden.

Die Beteiligung der Wirtschaft für das Forschungsprojekt FUGATO wird ausdrücklich befürwortet.

Was packt Noah in seine Arche?

T. Pinent¹, H. Simianer¹, S. Weigend²

¹ *Institut für Tierzucht und Haustiergenetik, Georg-August-Universität Göttingen;*

² *Bundeforschungsanstalt für Landwirtschaft, FAL Mariensee; 31535 Neustadt;*

Stichwörter

Nutztierrassen, Erhaltungsprojekte, Diversität, Ressourcenallokation

Noah hatte ein Problem. Ihm wurde aufgetragen, das Aussterben der Artenvielfalt in der Tierwelt auf globaler Ebene zu verhindern – jedoch mit limitierten Ressourcen. Die limitierende Ressource war der zur Verfügung stehende Platz auf seiner Arche. Also schränkte er seine Erhaltungsaktivitäten darauf ein, jeweils ein weibliches und ein männliches Tier jeder Art an Bord zu nehmen. Selbst dann war es ihm allerdings sicherlich nicht möglich, alle Rassen zu retten, so dass Noah Entscheidungen treffen musste, welche Arten zu retten und welche zu opfern sind.

Die Erhaltung von Nutztierrassen, zu der die unterzeichnenden Staaten sich im Rahmen der Rio-Konvention im Sinne der FAO u.a. verpflichtet haben, stellt eine ähnliche Aufgabe dar. Von den geschätzten 6400 Rassen weltweit sind ca. 30% vom Aussterben bedroht und 1-2 % sterben jährlich aus. Die Ressourcen zur Erhaltung sind begrenzt, zwar nicht aus physischen, sondern aus finanziellen Gründen. Also müssen Erhaltungsprojekte – wie auch Noah – Erhaltungsprioritäten definieren und Entscheidungen über die optimale Verteilung der begrenzten Ressourcen treffen.

Dieser Beitrag behandelt Kriterien und Strategien, wie ein rationaler Entscheidungsprozess entwickelt werden kann. Er bezieht sich stark auf die Pionierarbeit von Weitzman, erweitert seinen Ansatz jedoch auf jede Art genau definierter Diversitäts- oder Nutzenfunktion. Es soll gezeigt werden, dass eine optimale Verteilung der Ressourcen die erwartete Diversität oder den Nutzen für die Gesamtheit der betrachteten Rassen maximieren kann. Diese Verteilung aufgrund der Maximierung der erwarteten Diversität stimmt oft nicht mit der intuitiv getroffenen Wahl der Rassen überein. Diese wird meist allein anhand des Gefährdungsstatus getroffen. Dies verdeutlichte Weitzman mit seinem Kronenkränichparadoxon.

Das vorgestellte Verfahren wurde bereits auf verschiedene Nutztierarten angewendet wie Schweinen und afrikanische Rinderrassen. Hierbei wurde eine Steigerung der erhaltenen Diversität von ca. 60% gegenüber konventionellen Erhaltungsstrategien errechnet. Ein aktuelles Projekt soll nun ein Konzept für die Erhaltung deutscher Hühnerrassen vorschlagen.

Die Verteilung der zur Verfügung stehenden Ressourcen aufgrund objektiver Größen wie die z.B. die Verwandtschaft der Rassen untereinander mit Hilfe von Mikrosatellitendaten sind ein nützliches Werkzeug für die schwierige Aufgabe, die Rassen zu bestimmen, die gefördert werden sollen und in welchem Ausmaß sie gefördert werden sollen. Solche genetischen Kriterien können als zusätzliches Argument zum kulturellen Wert der Tiere aufgeführt werden, da die Erhaltung der höchstmöglichen genetischen Diversität die Basis für die zukünftige Zuchtarbeit darstellt.

Produktqualität und Genomanalyse - Schweineproduktion

Gerald Reiner

Professur für Schweinekrankheiten, JLU Gießen

Die Produktqualität beim Schwein war bis Mitte der 80er Jahre hinein fast ausschließlich durch den Fleischanteil und die Proportion des Schlachtkörpers bei geringem Preis bestimmt. Dieses Ziel wurde mittels phänotypischer Selektion erreicht, führte aber zu einer parallelen Reduktion der Fleischqualität und zur Steigerung der Stressempfindlichkeit. Die Definition der Produktqualität beim Schwein hat sich seither gewandelt. Zwar steht das Fleisch:Fett-Verhältnis des Schlachtkörpers nach wie vor im Vordergrund, die Bewertung der Körperproportion hat jedoch an Wichtigkeit verloren. Genomanalyse und Marker-gestützte Selektion haben inzwischen nachhaltig zum Erreichen der gewünschten Produktbeschaffenheit beigetragen. Auch die Garantiefähigkeit des Freiseins von Krankheitserregern und Rückständen hat mittlerweile deutlich an Bedeutung für die Definition der Produktqualität beim Schwein gewonnen und fordert anpassungsfähige und krankheitsresistente Schweine sowie eine nachvollziehbare Produktion und Vermarktungskette. Für die Gesamtkonomie kommt auch der Steigerung der Reproduktionsleistung eine wachsende Wertschätzung zu.

Die aktuellen Selektionsmerkmale lassen sich allerdings mit Hilfe der klassischen Tierzüchtung, anhand phänotypischer Selektion, aufgrund ihrer meist sehr geringen Heritabilität nur schwer verbessern.

Ziel der Genomanalyse ist daher, die klassischen, phänotypischen Selektionsverfahren um molekulare Informationen, direkt auf DNA-Ebene zu ergänzen. Um dieses Ziel zu erreichen, müssen die für die phänotypische Variation von Zielmerkmalen verantwortlichen Genvarianten identifiziert werden. Am Ende der Genomanalyse stehen schließlich Genmarker, die unabhängig von Alter, Geschlecht und Umwelt, jederzeit eine rasche, sichere und einfache Selektion hinsichtlich des Zielmerkmals erlauben.

Die Umsetzbarkeit dieser Zielvorstellung in die praktische Zuchtarbeit hängt entscheidend davon ab, wie viele Gene sich an der Variation des Zielmerkmals beteiligen. Sie lässt sich für Merkmale, wie z. B. die Stressempfindlichkeit, die mehr oder weniger nur durch ein Hauptgen bedingt sind, leichter umsetzen, als für quantitativ verteilte Merkmale, wie z. B. die Rückenspeckdicke, die durch mehrere oder sogar zahlreiche QTLs (quantitative trait loci) bedingt werden.

Gleich ob Hauptgen oder QTL: vor der Nutzung in der züchterischen Praxis steht die Aufklärung mittels Methoden der Genomanalyse. Hierfür stehen zwei verschiedene Vorgehensweisen zur Verfügung: der Kandidatengen-Ansatz und die QTL-Analyse. Im Kandidatengenansatz werden Varianten einzelner oder weniger ausgewählter Gene, deren Produkte mit dem Zielmerkmal aufgrund physiologischer, pathophysiologischer oder expressions-spezifischer Erkenntnisse in Verbindung gebracht werden können, auf Assoziation mit der Merkmalsausprägung getestet. Die QTL-Analyse prüft synchron die Kosegregation zwischen Zielmerkmal und vielen, genomweit verteilten Genmarkern. Dies führt zur Identifikation von Chromosomenabschnitten, die sich an der Ausprägung des Merkmals beteiligen. Eine solche Lokalisation ist zunächst noch sehr grob. Sie kann jedoch nach

vergleichender Kartierung des Chromosomenabschnitts zur Identifikation positioneller Kandidatengene führen. Am Ende stehen in jedem Fall die Klonierung des Gens und der Nachweis der für die Merkmalsvariation verantwortlichen Mutation. Zum Erreichen dieses Ziels stehen heute 2439 Genmarker und 1588 funktionelle Genvarianten beim Schwein in öffentlich zugänglichen Genkarten zur Verfügung, mit denen das Schweinengenom für Kopplungsanalysen mit hinreichender Dichte abgedeckt werden kann. Mit ihrer Hilfe wurden inzwischen 791 QTLs erarbeitet, die sich an der Ausprägung von 219 unterschiedlichen Merkmalen beteiligen. Mindestens 90 % dieser QTLs zeigen mehr oder weniger deutliche Auswirkungen auf die Produktqualität.

Die Zahl an Kandidatengenen und QTLs, deren Identifikation zur Aufklärung der molekularen Ursache von Merkmalsvariation führte und die heute als Genmarker in der Selektion zur Verbesserung der Produktqualität eingesetzt werden können, ist noch gering. Zu den bedeutsamsten Markern aus dem Bereich der Produktqualität gehören Varianten in den Genen MHS (für Stressresistenz und günstige Fleischbeschaffenheit), RN (Rendement Napoleone; für eine bessere Fleischbeschaffenheit), FUT-1 (für die Resistenz gegen die Ödemkrankheit bei Absatzferkeln), der c-Kit-Rezeptor (für die weiße Farbe der Schlachtschweine). Weitere viel versprechende Genmarker sind das Heart Fatty Acid Binding Protein (HFABP; für gesteigerten intramuskulären Fettgehalt ohne Erhöhung der Rückenspeckdicke), IGF-2 (für einen paternal exprimierten höheren Magerfleischanteil), der Melanocortin-4 Rezeptor (MC-4; für Wachstum, Futteraufnahme und Rückenspeckdicke) sowie Calpastatin (CAST; für die Zartheit des Fleisches).

Ein Set von 10 Microsatelliten steht zur Abstammungs- und Identitätskontrolle von Schweinen und Produkten im Rahmen der Rückverfolgbarkeit von Lebensmitteln zur Verfügung.

Die steigende Zahl Grundlagen-definierter und positioneller Kandidatengene sowie die Aussicht auf Komplettierung der Schweine-Sequenz im nächsten Jahr wird zur Etablierung weiterer Marker für den praktischen Einsatz führen. Dabei bleibt zu hoffen, dass der Nutzen der Marker trotz der bestehenden Patent-Praxis einem breiten Bereich der Schweineproduktion zur Verfügung stehen wird.

Tierzucht und genetische Vielfalt bei Rind, Schwein und kleinen Wiederkäuern

Thomas A. Schmidt, FAL Mariensee, 31535 Neustadt

Tierzucht umfasst alle planmäßigen Verfahren zur Veränderung oder auch gezielten Stabilisierung der genetischen Struktur einer Rasse oder allgemein einer Population. Klassische Leistungszucht hat dabei zum Ziel, erwünschte Allele und Allelkombinationen in ihrer Frequenz zu steigern, unerwünschte Allele dagegen weitgehend zu merzen. Dies geschieht über die mehr oder weniger gezielte Auswahl der erwünschten Genotypen, die dann möglichst intensiv züchterisch genutzt werden.

Diese Vorgehensweise in der Tierzucht führt zwangsläufig, quasi als *conditio sine qua non*, zu einer Steigerung des Verwandtschaftsgrades innerhalb der Zuchtgruppe und letztlich zu gesteigerter Inzucht. Dies muss nicht *per se* von Schaden sein, birgt jedoch erfahrungsgemäß langfristig erhebliche Gefahren für den dauerhaften Züchterfolg. Folgende Gründe werden in diesem Zusammenhang diskutiert:

- Populationsgröße
- Spezifische Erbfehlerfrequenz der Population
- Selektionsintensität und Biotechniken
- Inzuchtrate der Population
- Migrationen
- Generationsintervall
- Anzahl Selektionsmerkmale
- Dauerhaftigkeit der Zuchtprogramme und ihrer spezifischen Zuchtziele
-

Für eine langfristig nachhaltige Tierzucht ist die Bewahrung einer ausreichenden genetischen Variationsbreite als Basis künftiger Zuchtfortschritte von existenzieller Bedeutung. Dabei kann diese genetische Vielfalt in einer Spezies innerhalb jeder Rasse oder auch über alle Rassen hinweg erhalten werden. Nur die Erhaltung großer genetischer Diversität ermöglicht die schnelle Anpassung bestehender Zuchtprogramme an sich verändernde Zuchtziele in einer sich stetig verändernden Welt.

Anhand von Beispielen aus der deutschen Rinder-, Schweine- und Schafzucht wird gezeigt, wie einerseits auch in zahlenmäßig großen Populationen die genetische Vielfalt bedroht sein kann, andererseits es durchaus möglich ist, durch den gezielten Einsatz eines angepassten Zuchtmanagements, in kleinen Rassen Inzucht weitgehend zu vermeiden. Ziel moderner Tierzucht darf durchaus sein, die biologischen Möglichkeiten für eine effiziente und produktive Nahrungsmittelproduktion auszuschöpfen, unter Beachtung der Produktqualität und aller tierschutzrelevanten Aspekte der Zucht. Dabei darf jedoch unseren Kindeskindern nicht die Chance für neue Lösungen genommen werden, durch leichtfertiges Eliminieren aktuell unerwünschter Genvarianten oder sogar ganzer Populationen und Rassen. Kryokonservierung kann dabei zur langfristigen Bewahrung der genetischen Vielfalt als unterstützende Maßnahme eingesetzt werden.

Tiergesundheit und Genomanalyse: Klauenerkrankungen – Effekt des bovinen SLC26a2-Gens# auf Merkmale der Klauen- und Gliedmaßenstabilität beim Kalb

*A.M. Scholz*¹, S. Nüske¹, I. Medugorac², D. Seichter³, J. Hampe¹, M. Förster^{2,1}
Lehr- und Versuchsgut der Tierärztlichen Fakultät, Ludwig-Maximilians-Universität München¹, Institut für Tierzucht, Lehrstuhl für Tierzucht und Allgemeine Landwirtschaftslehre der Tierärztlichen Fakultät, Ludwig-Maximilians-Universität München ², Tierzuchtforschung München e.V., Poing³*

Die Verminderung von Klauen- und Gliedmaßenerkrankungen stellt einen wichtigen Aspekt für die Wirtschaftlichkeit der Nutztierzucht dar. Am Beispiel Rind sollen die Möglichkeiten des Einsatzes der Genomanalyse zur Verbesserung der Klauen- und Gliedmaßengesundheit erläutert werden.

Bei neugeborenen Reinzucht- und Kreuzungskälbern der Rassen Deutsche Holsteins und Fleckvieh wurden verschiedene Klauen- und Gliedmaßenmerkmale linear oder mittels Dualenergie-Röntgenabsorptiometrie (DXA) gemessen. Im Alter von 5-8 Tagen wurden die für das bovine „solute carrier/sulfate transporter“ (SLC26a2)-Gen (BTA 7q23-q24) homozygot 'normalen' (AA, n=118) und heterozygoten Kälber (AB, n=59) miteinander verglichen. Aufgrund der relativ geringen Häufigkeit des B-Allels (q=0,175) wurde der homozygot 'mutierte' Genotyp (BB, n=1) nicht in die Auswertung einbezogen. Eine T1559/G1559-Mutation im bovinen SLC26a2-Gen verursacht einen Aminosäureaustausch von Isoleuzin zu Serin an der Position 520. Vergleichbare Mutationen beim Menschen, die einen verminderten transmembranösen Sulfattransport zur Folge haben, sind für Knochen- und Knorpeldeformationen verantwortlich. Die Kälber wurden unter leichter Sedierung mit Hilfe eines GE LUNAR DPX-IQ Scanners untersucht. Die medialen und lateralen Klauen der Vorder- und Hintergliedmaßen (jeweils unter Einbeziehung von Klauen-, Sesam-, Kron- und Fesselbein) wurden unter Verwendung des 'Kleintierganzkörper'-Modus (Software-Version 4.7e) analysiert. In den definierten Regionen wurden die Knochenmineraldichte (BMD, g/cm²), der Knochenmineralgehalt (BMC, g) und die Fettgewebemasse des die Knochen umgebenden Gewebes (Fett, g) bestimmt. Zusätzlich wurden die in der Tabelle aufgeführten linearen Merkmale gemessen.

Kälber mit dem homozygot 'normalen' Genotyp AA haben höhere Messwerte für BMD, BMC, Fettgewebe, Klauenwanddiagonale und Ballenwinkel als die heterozygoten Kälber. Der Genotyp AA zeigt jedoch kleinere Messwerte für Sohlenbreite und Ballenhöhe. Bisher ist noch unklar, ob eine höhere Knochenmineralisierung der Zehenendknochen in Kombination mit einem stärkeren Fettpolster bzw. längeren Wanddiagonalen und größerem Ballenwinkel einen Vorteil für die Klauen- und Gliedmaßengesundheit in den folgenden Lebensabschnitten darstellt. Zukünftig könnten jedoch DNA-Tests für das SLC26a2-Gen bzw. andere Kandidatengene kombiniert mit einer exakten Phänotypisierung die Selektion von sekundären Merkmalen bei den verschiedenen Nutztierspezies - insbesondere in Bezug auf die Klauen- und Gliedmaßengesundheit – unterstützen.

Kleinste Quadrate Mittelwerte \pm Standardschätzfehler für DXA- und lineare Merkmale								
SLC26a2-Genotyp	BMD	BMC	Fettgewebe	Wanddiagonale	Sohlenbreite	Ballenhöhe	Ballenlänge	Ballenwinkel
	g/cm ²	g	g	cm	cm	cm	cm	°
AA	0,612 \pm 0,003	10,42 \pm 0,08	17,35 \pm 0,28	6,15 \pm 0,014	2,60 \pm 0,007	3,19 \pm 0,011	3,36 \pm 0,017	113,3 \pm 0,26
AB	0,594 \pm 0,004	10,02 \pm 0,11	16,58 \pm 0,39	6,06 \pm 0,019	2,64 \pm 0,010	3,23 \pm 0,015	3,25 \pm 0,024	112,4 \pm 0,36
Unterschiedliche Superskripts charakterisieren Signifikanz ($p \leq 0,05$)								

Schlüsselwörter: Sulfattransporter-Gen
 Klauen- und Gliedmaßengesundheit
 Dualenergie-Röntgenabsorptiometrie

#Der DNA-Test für das bovine SLC26a2-Gen wurde unter DE10155999C2 patentiert (BRENIG et al., 2003).

Die funktionelle Genomanalyse – neue Möglichkeiten zur Aufklärung der molekularen Grundlagen und züchterischen Verbesserung der Mastitisresistenz beim Rind

Manfred Schwerin

Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere, Dummerstorf

Unter den funktionalen Merkmalen hat die Eutergesundheit (Mastitisresistenz) eine große wirtschaftliche Bedeutung für den Milcherzeuger und das Wohlbefinden der Kuh. Mastitiden verursachen den größten wirtschaftlichen Schaden in der Milchproduktion. Die geschätzten jährlichen Einbußen von etwa 0,75 Mrd. € überwiegen auf verminderte Milchproduktion zurückzuführen. Darüber hinaus gehören Eutererkrankungen neben Fruchtbarkeitsstörungen sowie Klauen- und Gliedmaßenkrankungen zu den Hauptabgangsursachen beim Milchrind. Die Eutergesundheit wirkt sich gleichfalls direkt auf die Produktqualität der Milch aus und findet damit auch Beachtung beim Verbraucher.

Mit dem Ziel die Eutergesundheit nachhaltig zu verbessern, werden seit mehreren Jahren der Faktor Mastitisresistenz bzw. eng mit der Mastitisinzidenz korrelierte Merkmale, wie z. B. der somatische Zellgehalt in der Milch, züchterisch berücksichtigt. Aufgrund der großen Umweltvarianz dieser Merkmale, was sich in niedrigen h^2 -Werten von 0,05 – 0,09 ausdrückt, war der züchterische Erfolg bescheiden. Es wird erwartet, dass durch die molekulare Genomanalyse signifikante Beiträge zur züchterischen Verbesserung der Eutergesundheit durch die Aufklärung der genetischen Variation, die der Merkmalsvariation zugrunde liegt, geliefert werden können.

Die Anwendung der in den vergangenen 15 Jahren entwickelten molekularen Techniken der strukturellen Genomanalyse haben es erlaubt, im Rahmen nationaler Kartierungsansätze mehrere QTL (‘quantitative trait loci’ für funktionale Merkmale, u. a. auf den Rinderchromosomen (BTA) 2, 18 und 27 für somatische Zellzahl in der Milch (SCC), in der Holstein Population nachzuweisen. Die Bedeutung dieser QTL für SCC in Hinsicht auf Mastitisabwehr wurde durch unabhängige Untersuchungen aus Norwegen und Finnland unterstrichen, die unter Nutzung von Daten aus der direkten Mastitiserfassung in ihren Rinderpopulationen bestätigen, dass sich auf BTA18 und 27 QTL für Mastitisabwehr befinden und mit QTL für SCC koinzidieren.

Im Gegensatz zum SCC-QTL auf BTA22, der in einer japanischen, aber nicht in der deutschen Rinderpopulation kartiert werden konnte und für den eine Mutation im ‘forebrain embryonic zinc finger like’-Gen als die kausale Genvariante beschrieben werden konnte, sind die molekularen Ursachen der genannten SCC-QTL weitgehend unbekannt. Dass die in der Deutschen Holstein Population nachgewiesene genetische Variabilität der Mastitisempfindlichkeit nicht nur auf immunologische Ursachen zurückgeführt werden könnte, wird durch den Nachweis einer Klusterung von QTL für Milchfluss, Stressverhalten oder Euterform an den gleichen Positionen wie für die QTL für SCC/Mastitisabwehr gestützt.

Durch die Anwendung der funktionellen Genomanalyse (vergleichendes Expressionsprofiling auf Transkriptom-, Proteom- oder Metabolomebene) und ihrer Kombination mit dem QTL-Ansatz ist zu erwarten, dass ko-regulierte Stoffwechselfade und zentrale ‚Schaltstellen‘ der Abwehrbereitschaft identifiziert, Kandidatengene oder –genvarianten der Mastitisresistenz abgeleitet und als direkte Marker in der Marker-gestützten Selektion zur effizienten züchterischen Verbesserung der Eutergesundheit beim Milchrind eingesetzt werden können.

Produktqualität und Genomanalyse: Rinderproduktion

Klaus Wimmers, Christa Kühn, Siriluck Ponsuksili

Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere (FBN),
Forschungsbereich Molekularbiologie; 18196 Dummerstorf

Die Vorstellungen der Verbraucher von gesunden hochwertigen Lebensmitteln tierischer Herkunft und deren Wertschätzung betreffen Aspekte der Produktbeschaffenheit und Produktsicherheit. In der Rinderproduktion stehen dabei bezüglich der Milch der Fett- und Proteingehalt sowie beim Fleisch die Marmorierung und die Zartheit als wesentliche Kriterien der Produktbeschaffenheit im Mittelpunkt des Interesses. Für die Produktsicherheit sind die Rückverfolgbarkeit sowie Aspekte der Tiergesundheit von Bedeutung. Erkenntnisse zur genetischen Steuerung der Merkmale und die Anwendung von DNA-Markern zur züchterischen Bearbeitung der Milch- und Fleischbeschaffenheit sowie zur Herkunftssicherung können einen Beitrag zur weiteren Optimierung der Rinderproduktion leisten.

Als Zugang zur Identifikation der genetischen Ursache von phänotypischer Variation bieten sich zwei Strategien an: 1. Analysen von Kandidatengenen, also solchen Genen, für die aus der Biologie des Merkmals und/oder der temporalen, lokalen, Entwicklungs- und Merkmals-assoziierten Expression geschlossen wird, dass ihre Produkte mit dem Merkmal in Verbindung stehen; 2. Kopplungsanalysen, d.h. die Beobachtung der Ko-segregation von Merkmal und Markern-Allelen bei Individuen aus einem speziellen Familienmaterial zur Identifizierung einer Genomregion, die ursächlich an der Merkmalsvariation beteiligt ist (QTL-Region).

Bereits für die Praxis verfügbare direkte genetische Marker zur Steigerung der Milchqualität sind die Polymorphismen in Milchproteingenen. Allele an den Milchproteingenen sind zum einen assoziiert mit dem Milcheiweißgehalt insgesamt als auch mit spezifischen Gehalten einzelner Milchproteine mit ernährungs-physiologischer Bedeutung und Einfluss auf die Verarbeitungseigenschaften der Milch (Lunden, 2005). DGAT1 kodiert ein Enzym (Diacylglycerol-O-Acyltransferase) der Fettsynthese. Genomische Variation an diesem Gen steht im Zusammenhang mit dem Milchfettgehalt (Grisat et al., 2002; Winter et al., 2002; Thaller et al., 2003a; Kühn et al., 2004). Weitere Untersuchungen zeigten ferner, dass auch ein Einfluss auf den intramuskulären Fettgehalt im Fleisch besteht (Thaller et al., 2003b). Zur Steigerung der Rindfleischqualität sind weitere direkte genetische Marker mit Effekten auf den intramuskulären Fettgehalt (Barendse, 2004; Thaller et al., 2003b) sowie auf die Zartheit des Fleisches (Barendse, 2002; Page et al., 2002) identifiziert worden.

Kopplungsanalysen haben eine Reihe von Chromosomenregionen angezeigt, in denen Gene, sogenannt quantitativ trait loci, QTL, segregieren, die Merkmale der Milch- (Khatkar et al., 2004) und Fleischbeschaffenheit (Keele et al., 1999; Casas et al., 2003) steuern. Für die Anwendung von Ergebnisse aus der Literatur ist allerdings zu berücksichtigen, dass diese Resultate häufig unter anderen als den hiesigen Produktionsbedingungen gewonnen wurden, was ihre Übertragbarkeit z.T. einschränkt.

Hinsichtlich der Produktsicherheit kann die Anwendung von DNA-Markern die Herkunftssicherung der Produkte gewährleisten. Es sind effiziente Tier- und Produktidentifikationssysteme entwickelt worden, in denen DNA-Marker als Kontrollwerkzeuge fungieren.

Funktions-orientierte Ansätze zur Identifizierung und Analyse von Kandidatengenen sowie Karten-basierte Kopplungsanalysen haben Perspektiven für eine breite Anwendung der Marker-gestützten Selektion aufgezeigt; derzeit beschränkt sich ihr Einsatz jedoch noch auf wenige Beispiele.

Funktionale Genomanalyse in der Reproduktionsbiologie: Notwendigkeit, Konzepte, erste Ergebnisse

Eckhard Wolf

*Lehrstuhl für Molekulare Tierzucht und Biotechnologie
Genzentrum der Ludwig-Maximilians-Universität München*

Aktuelle Daten aus der Rinder- und Schweineproduktion zeigen, dass durch Fruchtbarkeitsprobleme zunehmend drastische wirtschaftliche Verluste entstehen. Fruchtbarkeit ist ein komplexes Merkmal, das vermutlich von einer großen Zahl von Genen beeinflusst wird. Zudem üben Umwelteffekte einen erheblichen Einfluss auf Fruchtbarkeitsparameter aus. Aufgrund dieser Tatsachen ist der Komplex Fruchtbarkeit mit klassischen quantitativ-genetischen und QTL-Kartierungsansätzen nur schwer zu fassen.

Eine erfolversprechende Analyse reproduktionsbiologischer Vorgänge und deren Zerlegung in züchterisch nutzbare genetische Komponenten erfordert deshalb neben exakt definiertem biologischem Material systematische vergleichende Transkriptom- und Proteomanalysen sowie funktionelle Studien. Diese sind für die im Bereich der Fortpflanzung relevanten Wechselwirkungen zwischen Gameten bzw. Embryonen und ihrer maternalen Umgebung besonders erfolversprechend, da Art und Dauer der Wechselwirkungen relativ genau definiert und Effekte auf Genexpressionsprofile einfacher als bei anderen Merkmalen interpretiert werden können.

Im Rahmen der DFG-Forschergruppe „Mechanismen der embryo-maternalen Kommunikation“ (FOR 478; www.ematko.de) versuchen wir mit holistischen Untersuchungsansätzen auf Transkriptom- und Proteomebene, Signale und Reaktionskaskaden zu identifizieren, die für die frühe Embryonalentwicklung, Implantation und Aufrechterhaltung einer Trächtigkeit beim Rind entscheidend sind (Wolf et al., 2003). Als Modelle für die Untersuchungen verwenden wir u.a. Endometriumproben von zyklussynchronisierten monozygoten Zwillingen, von denen jeweils in einen Embryonen übertragen werden, während der andere Zwilling als Kontrolle dient. Zusätzlich wurden optimierte In-vitro-Systeme für Ovidukt- und Endometriumzellen in Kokultur mit synchronen Embryonalstadien verwendet, um die Befunde aus dem In-vivo-Modell zu verifizieren und auf ihre funktionale Relevanz zu prüfen. Diese Untersuchungen lassen wesentliche neue Erkenntnisse über molekulare Mechanismen der embryo-maternalen Kommunikation erwarten, die auch für das Verständnis des Problems embryonaler Frühföten relevant sein werden.

Die bisherigen Untersuchungen konzentrierten sich vor allem auf zyklusabhängige Veränderungen von Genexpressionsprofilen im Oviduktepithel (Bauersachs et al., 2004) und im Endometrium sowie auf die Detektion unterschiedlich exprimierter Gene zwischen dem ipsi- und kontralateralen Eileiter in der Postovulationsperiode (Bauersachs et al., 2003). Im Proteomicsansatz wurden bereits einige Proteine identifiziert, die im Endometrium trächtiger Rinder (Tag 18) in erhöhter Menge vorliegen (Berendt et al., accepted).

Literatur:

Bauersachs S, Blum H, Mallok S, Wenigerkind H, Rief S, Prella K, Wolf E (2003) Regulation of ipsilateral and contralateral bovine oviduct epithelial cell function in the post-ovulation period - a transcriptomics approach. *Biol Reprod* 68, 1170-1177

Bauersachs S, Rehfeld S, Ulbrich S, Mallok S, Prella K, Wenigerkind H, Einspanier R, Blum H, Wolf E (2004) Monitoring gene expression changes in bovine oviduct epithelial cells during the oestrous cycle. *J Mol Endocrinol* 32, 449-466

Berendt FJ, Fröhlich T, Schmidt SEM, Reichenbach HD, Wolf E, Arnold GJ: Holistic differential analysis of embryo-induced alterations in the proteome of bovine endometrium in the pre-attachment period. *Proteomics* (accepted)

Wolf E, Arnold GJ, Bauersachs S, Beier HM, Blum H, Einspanier R, Fröhlich T, Herrler A, Hiendleder S, Kölle S, Prella K, Reichenbach H-D, Stojkovic M, Wenigerkind H, Sinowatz F (2003) Embryo-maternal communication in bovine – strategies for deciphering a complex cross-talk. *Reprod Dom Anim* 38, 276-289