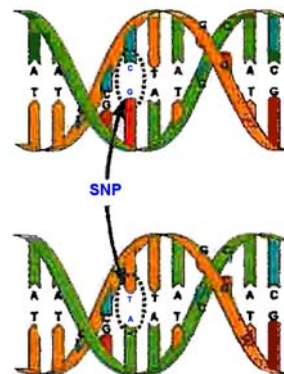


Frage: Was ist ein Marker?

Antwort: Als Marker bezeichnet man in der Molekularbiologie eindeutig identifizierbare, kurze DNA-Abschnitte, deren Ort im Genom bekannt ist. Solche Markergene sind im Genom vorhanden. (Quelle: Wikipedia)

Frage: Was ist ein SNP?

Antwort: Es gibt verschiedene Arten von Markern, u. a. so genannte SNPs (sprich snips). Diese werden bei der Markeranalyse untersucht. SNP steht für den englischen Begriff Single Nucleotid Polymorphism, Einzelnukleotid-Polymorphismus. Dies sind Variationen von einzelnen Basenpaaren in einem DNA-Strang. Einige dieser Veränderungen sind mit der unterschiedlichen Ausprägung von Merkmalen verknüpft. Polymorphismen treten relativ häufig auf und haben eine hohe Variabilität. Diesen Umstand macht man sich bei der Genmarker-Analyse zunutze und verwendet sie zum Beispiel bei der Suche nach Quantitative Trait Loci (QTL), zur Identifikation von Individuen oder auch bei Verwandtschaftsdiagnosen. (Quelle: Wikipedia)



Frage: In welchem Umfang werden Marker bzw. Genom-Informationen in der Schweinezucht genutzt?

Antwort: Als Startpunkt der Nutzung von Marker- oder Genom-Informationen in der Schweinezucht kann die Entdeckung des "Halothan-Gens" gesehen werden, denn wissenschaftlich gesehen ist diese Gen-Mutation, die die Stressanfälligkeit beim Schwein beeinflusst, nichts anderes als ein "Gen-Marker". Somit ist die Selektion gegen Stressanfälligkeit die erste praktische Anwendung eines Gen-Markers.

Schon seit rund 20 Jahren ist bei PIC ist die Nutzung genetischer Marker in der Selektion und Zuchtwertschätzung ein integraler Bestandteil des Zuchtprogramms

Frage: Die Technologie bietet die Möglichkeit zur umfassenden Genomanalyse. Jede Zuchtorganisation und jedes Zuchtunternehmen kann diese Technologie nutzen. Welchen Vorteil bringt dann die genomische Selektion noch?

Antwort: Stimmt, die Technologie in Form z. B. des Untersuchungschips, mit dem 60.000 SNPs eines Tieres gleichzeitig untersucht werden können, kann jeder nutzen. So ein Chip kostet ca. 150 US\$ pro Schwein. Das entscheidende Aber ist jedoch, dass nicht jede Zuchtorganisation oder jedes Zuchtunternehmen die notwendigen Mittel und Möglichkeiten hat, die aus dem Genomscan gewonnenen Informationen in das Zuchtprogramm einzubinden.

Denn die gefundenen Unterschiede an bestimmten Genorten müssen zur Validierung mit sicheren phänotypischen Daten verknüpft werden, um den Genunterschieden auch Merkmals- bzw. Leistungsunterschiede zuordnen zu können. Dafür reicht nicht nur eine Handvoll Tiere. PIC überprüft jeden Marker an 3.000 bis 4.000 Schweinen, bevor sie den Markereffekt in die Zuchtwertschätzung einbindet. Auch im weiteren Verlauf müssen die Markerergebnisse immer wieder an Leistungsdaten überprüft werden. Dies erfordert sowohl finanzielle als auch personelle Mittel, die den wenigsten Zuchtunternehmen oder gar Zuchtorganisationen zur Verfügung stehen.

Frage: PIC sagt, sie sei weltweit führend in der Anwendung von Biotechnologie in der Tierzucht. Was machen denn die anderen?

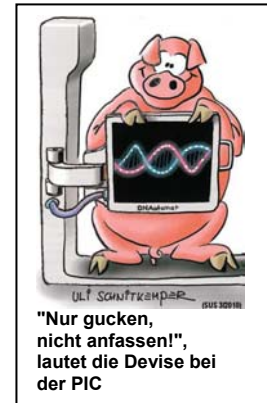
Antwort: Erst kürzlich hat die Redaktion der Fachzeitschrift SUS die in den Deutschland vertretenen Zuchtorganisationen und –unternehmen zum Thema "Genomische Selektion" befragt (SUS 2/2010). Unabhängig voneinander bestätigten alle die Vorteile der Genom-Analyse gerade bei komplexen Merkmalen wie Vitalität oder Gesundheit. Die Vertreter von BHZP, Topigs und DanZucht zeigten sich allerdings skeptisch bezüglich der zukünftigen Bedeutung insbesondere aufgrund der hohen Typisierungs- und notwendigen laufenden Kalibrierungskosten.

DanZucht hat erst im vergangenen Jahr eine Stichprobe von weniger als 1.000 Landrasse-Ebern typisieren lassen bzw. lässt derzeit rund 2.000 Duroc-Ebern analysieren. Dabei wird hauptsächlich Wert auf Informationen bzgl. Futterverwertung und Schlachtkörperwert gelegt. Hier sei allerdings angemerkt, dass dies Merkmale sind, die aufgrund ihrer guten Erbllichkeit nicht vorrangig für die Weiterentwicklung mittels genomischer Selektion prädestiniert sind ...

Topigs baut seit geraumer Zeit eine Probensammlung (Haar, Blut, Gewebe, Sperma) auf und nutzt diese für DNA-Tests auf Stressresistenz (MHS-Gen) und Fleischqualität (RN-Gen). Die Technik des Genomscans wird bislang nur zur Rückverfolgung genutzt. Eine routinemäßige Einbindung – wie es bei der PIC Realität ist - ist bislang nicht geplant. Geforscht werden soll im Bereich der Markeridentifizierung für Ebergeruch, Erbfehler oder auch Bemuskelung.

Das **BHZZ** sieht gerade aufgrund der hohen Kosten lediglich Möglichkeiten der Vorselektion von Prüfkandidaten für die Geschwisterprüfung auf Station.

Wir können davon ausgehen, dass die Forschungs- und Entwicklungsarbeit in diesen Unternehmen bei Weitem nicht den Umfang und die Erfolge angenommen hat – und annehmen wird – wie es bei PIC der Fall ist.



Frage: Wird bei der Genomanalyse bzw. der anschließenden genomischen Selektion irgendetwas an den Genen verändert?

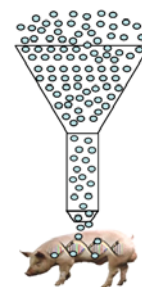
Antwort: Ein klares Nein! Die Markeranalyse liefert "nur" die Informationen für die Selektionsentscheidung. Der Weg der Vererbung der gewünschten Eigenschaften ist bleibt derselbe wie eh und je.

Frage: Welche Marker nutzt die PIC derzeit in ihrem Zuchtprogramm?

Antwort: Verschiedene HDG-Projekte beschäftigen sich mit verschiedenen Merkmalsgruppen (siehe Tabelle unten). Die Projekte 1 und 2 zielten darauf ab, Marker für Produktions- und Robustheitsmerkmale zu finden, HDG3 beschäftigte sich mit der Analyse von Erbdefekten und im HDG4-Projekt wurden Marker für die Wurfgröße gesucht. Das fünfte Projekt ist derzeit in Vorbereitung.

Scan #	untersuchte Merkmale	Dauer der Untersuchung	Anzahl SNP's	Kosten/ Genotyp	Anzahl untersuchter Genotypen
HDG 1	alle routinemäßig verfügbaren Produktionsmerkmale	4 Jahre	1.000	\$0,10	6,5 Mio.
HDG 2	Verluste/Mortalität	2 Jahre	2.000	\$0,05	10,6 Mio.
HDG 3	Erbdefekte	6 Monate	7.000	\$0,02	22,6 Mio.
HDG 4	Wurfgröße	3 Monate	60.000	\$0,02	125 Mio.
HDG 5	in Planung		60.000		

Das aktuelle Resultat der PIC-Genomforschung sind weit über 200 identifizierte Marker, die inzwischen real in die Reinzuchtlinien eingebunden wurden, um mit Hilfe von BLUP-Zuchtwerten Verlusten, Produktions- und Reproduktionsmerkmale, Auftreten von Defekten sowie Fleischqualität zu verbessern. Weitere rund 250 Marker befinden sich zurzeit im Prüfverfahren. Hier muss noch die endgültige Freigabe abgewartet werden, bevor sie kommerziell eingesetzt werden können. Einige der Marker beeinflussen zudem gleich mehrere Merkmale, sodass die Gesamtsumme der genutzten Marker sogar noch größer als 200 ist.



"Werkzeugkasten" mit rund 130.000 SNPs in der PIC-Datenbank
70.000 SNPs werden zusammen mit den Leistungsdaten von 15.000 Schweinen und rund 170 Mio. Genotypen zur Identifizierung weiterer Marker genutzt.

In der Überprüfungsphase rund 400 SNPs

In die routinemäßige Zuchtwertschätzung eingebunden über 200 SNPs

Signifikante Marker, die im Verlauf des HDG-Projektes entdeckt werden, werden auf ihre kommerzielle Bedeutung hin geprüft. Daraufhin erfolgt eine weitere routinemäßige Untersuchung ihrer Wirkweise bei ihrer Einbindung in die Weiterentwicklung der Reinzuchtlinien. Darüber hinaus werden die Marker auch überprüft, um unerwartete negative Effekte auf andere Merkmale ausschließen zu können. Nach erfolgreicher Testphase werden die Marker routinemäßig in den Reinzuchtlinien genotypisiert und in der markergestützten BLUP-Zuchtwertschätzung genutzt.



Merkmal	DNA-Marker
Lebensstagszunahmen	45
Futteraufnahme	40
Rückenspeckdicke	56
Rückenmuskeldicke	54
pH24	54
Minolta L*	16
Saugferkelverluste (Merkmal d. Ferkel)	11
Flatdeckverluste	12
Mastverluste	14
Erbdefekte	4
Fundamentnote	44
Fleischmarmorierung	21
Gesamt geborene Ferkel	19
Tot geborene Ferkel	14
Ferkelüberlebensrate (Merkmal d. Sau)	17
Wurfabsetzgewicht	10
Sauensterblichkeit	3
Ödemkrankheit	1

Frage: 'Genomische Selektion' ist also sehr kostenintensiv. Was verspricht sich die PIC denn nun letztendlich von der Nutzung?

Antwort: Die Antwort auf diese Frage liefert die Aussage des "Chef-Geentikers" der PIC, Dave McLaren: "Warum machen wir das alles? PIC's Vision ist es, "das weltbeste Schwein" zu entwickeln. Diese Aussage soll nicht arrogant klingen, aber verdeutlicht unsere Strategie. Wir haben intern nachweisen können, dass durch die Einbeziehung von genomischen Informationen, die Genauigkeit von Teilzuchtwerten insbesondere für niedrig erbliche Merkmale gesteigert werden kann. PIC profitiert dabei von seinen quantitativen Genetikern, die sowohl in der Schweine- als auch Rinderzucht mit dem Genomscan arbeiten. Wir wissen darüber hinaus, dass mit der Einführung dieser Technologien in unser Zuchtprogramm unsere Kunden einen deutlichen Mehrwert erzielen konnten. Genauso wie die elektronische Erfassung der Futteraufnahme, die Einbeziehung von Kreuzungstierinformationen sowie die Index- u. Inzuchtoptimierte Paarungsplanung zu Standardwerkzeugen in unserem Programm geworden sind, wird die genomische Selektion nach unserer Einschätzung zukünftig für die führenden weltweit tätigen Schweinezuchtunternehmen wesentliche Teile der Kostenstruktur im Zuchtgeschäft bestimmen."

PIC: immer den entscheidenden Schritt voraus