

## „Genomische Selektion in der Rinderzucht: Fluch oder Segen?“

Prof. Christine Wrenzycki

Mittlerweile sind die Genome vieler Tierarten sequenziert. Das Genom einer weiblichen Hereford-Kuh wurde erstmals bereits im Jahr 2004 veröffentlicht. Die Kenntnis der genetischen Information stellt die Grundlage für viele Anwendungsbereiche in der Tierzucht dar. Zu nennen sind hier die genomische Selektion, die Identifizierung kausaler Genvarianten, der Nachweis der Abstammung, Studien zur genetischen Diversität sowie die Erstellung genetisch modifizierter Tiere.

Bedingt durch die schnelle technische (Weiter)Entwicklung der SNP-Chips, die zur Genotypisierung eingesetzt werden, hat es weltweit eine enorme Zunahme der Anzahl getesteter Milchkühe gegeben. Die genomische Selektion und darauf basierend der genomische Zuchtwert wurden bereits 2010 in Deutschland für die Rasse Holstein Friesian eingeführt. Die Herausforderung hinsichtlich der Sicherheit der Vorhersage des Zuchtwerts basiert auf der Menge an DNA, die für die Typisierung zur Verfügung steht. So wird neben DNA, die aus Gewebe (z.B. aus Ohrstanzen) gewonnen wird, auch DNA aus embryonalen Biopaten verwendet. Kausale Genvarianten können in einer an der Universität Sydney existierenden Datenbank eingesehen werden. Dort sind die Gensequenzen der Erbkrankheiten bei Tieren gespeichert (<http://omia.angis.org.au/home/>). Beispielsweise konnten Beatriz Fernandez-Fuertes und Kollegen zeigen, dass die Spermien eines Bullen, der eine Nonsense-Mutation im Transmembranprotein 95 trägt, nicht in der Lage sind, Eizellen zu befruchten. Die genetische Information kann weiterhin dazu genutzt werden, den Verwandtschaftsgrad von Individuen und auch den zwischen verschiedenen Rassen zu untersuchen. Letzteres liefert auch Hinweise auf den zeitlichen Verlauf der Domestikation des Rindes. Und last, but not least, kann die Kenntnis der genetischen Information bestimmter positiver oder auch negativer Merkmale dazu genutzt werden, transgene Tiere zu erstellen. Dies ist durch den Einsatz der Crispr-Cas-Technologie wesentlich vereinfacht worden.

Zusammenfassend kann also festgestellt werden, dass die Kenntnis der genomischen Information eher als Segen denn als Fluch einzustufen ist.

Christine Wrenzycki

Professur für molekulare Reproduktionsmedizin

Klinik für Geburtshilfe, Gynäkologie und Andrologie der Groß- und Kleintiere

Justus-Liebig-Universität Gießen

Christine.Wrenzycki@vetmed.uni-giessen.de