

Strat-E-Ger

Albrecht Weber



Strat-E-Ger

Strategien zur Vermeidung von
Geruchsabweichungen bei der
Mast unkastrierter Schweine

Strat-E-Ger

Strategien zur Vermeidung von
Geruchsabweichungen bei der
Mast unkastrierter Schweine

-

Folgeprojekt zu EN-ZE-MA

Projektpartner

- Universität Bonn, Institut für Tierwissenschaften, Abt. Haustiergenetik
- Universität Göttingen, Dept. für Nutztierwissenschaften, Abt. Produktkunde – Qualität tierischer Erzeugnisse
- NH DyeAGNOSTICS GmbH (in Kooperation mit Max-Planck-Institut für experimentelle Medizin) (NHD)
- Genossenschaft zur Förderung der Schweinehaltung eG (GFS) Ascheberg
- Schweinezuchtverband Baden-Württemberg e.V. (SZV)
- Besamungsverein Neustadt an der Aisch e.V. (BVN)
- B.&C.Tönnies Fleischwerk, GmbH & Co. KG (Tönnies)
- VION GmbH (VION)

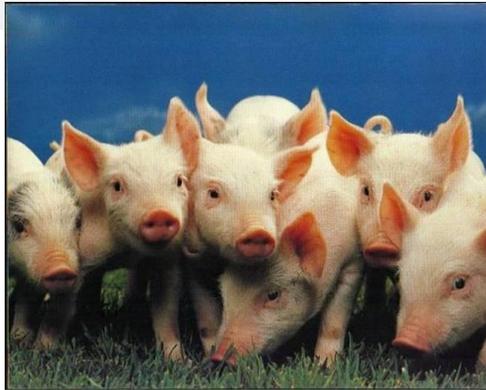
Arbeitsziele: Genomische Selektion für das Merkmal Ebergeruch

- Beziehungen zwischen SNP-Markern und dem Merkmal Ebergeruch anhand phänotypisierter (EN-Z-EMA Projekt) und SNP-typisierter Tiere
- Entwicklung der Formel für die Schätzung der Genomischen Zuchtwerte für das Merkmal Ebergeruch
- SNP-Typisierung der Besamungseber und Berechnung der Genomischen Zuchtwerte
- Verifikation des entwickelten GS-Verfahrens für die Ebermast anhand von Nachkommen der Besamungseber

Beziehung zwischen SNPs und dem
Merkmal Ebergeruch

Entwicklung der Schätzformel

Lernstichprobe



→ die Summe aller 62K SNP-Marker-Effekte
repräsentiert die systematischen genetischen
Unterschiede für das Merkmal Ebergeruch

= der genomische Zuchtwert
(gZW)

Auswahl der Eber zur genomischen Selektion

- Eber aus EN-Z-EMA mit Skatol, Androstenon, Indol Messungen
 - 1010 Pi x F1, 46 Du x F1
 - 500 (+200) Typisierungen

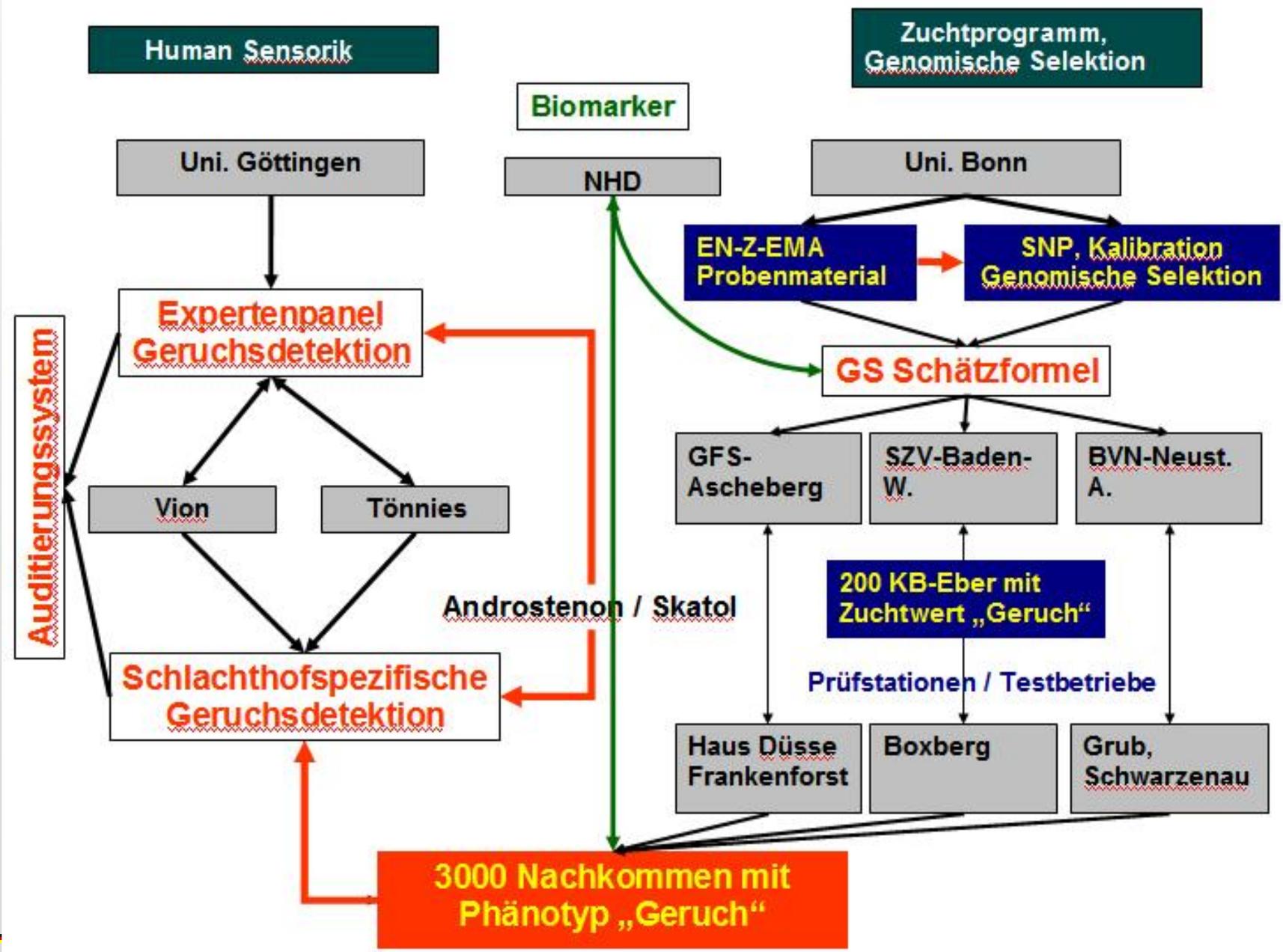
Auswahl der Eber zur genomischen Selektion

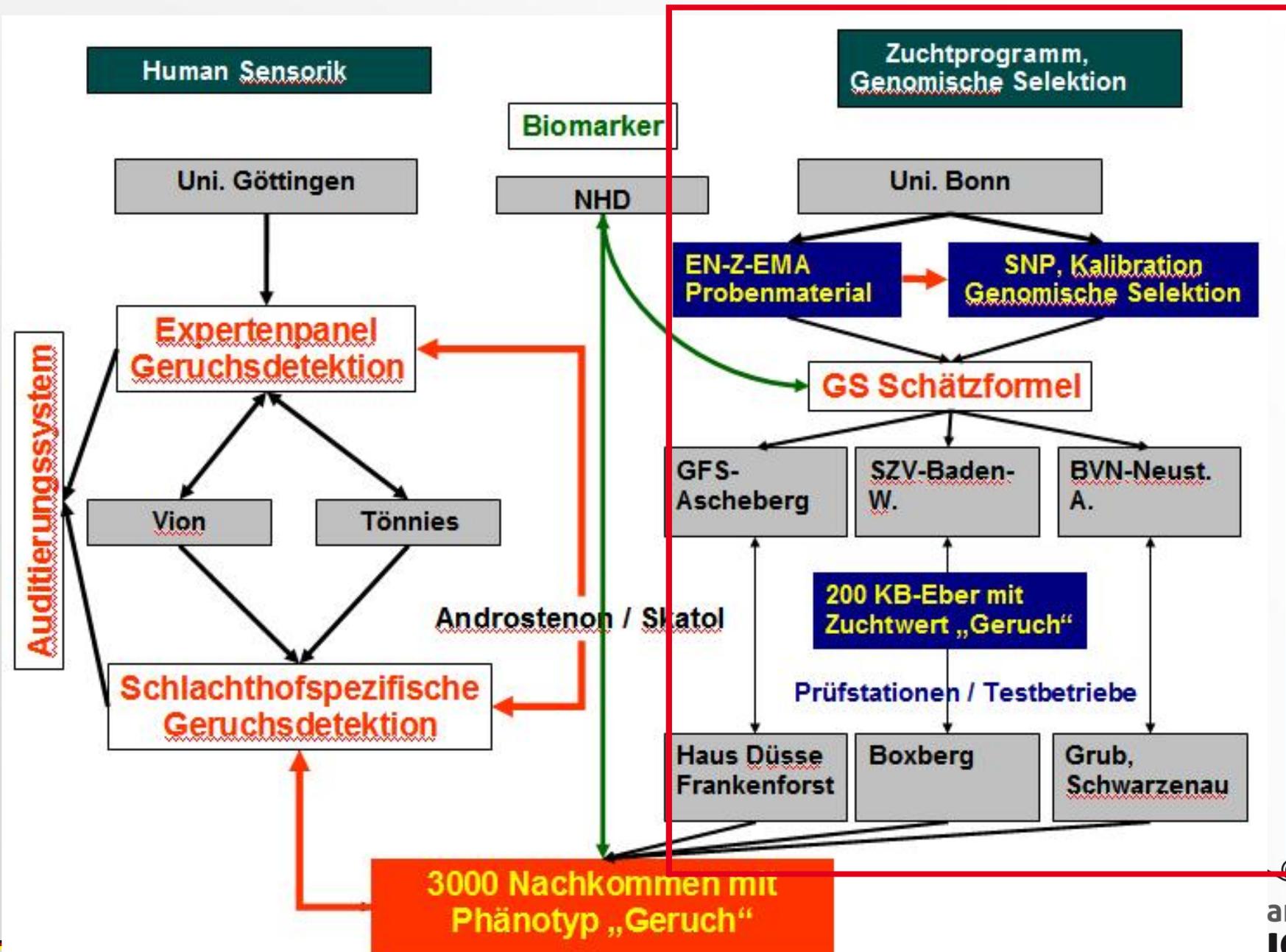
➤ Verteilung:

LPA	6	7	21	11	12
N	284	190	204	160	172
Anzahl KB-Väter	30	21	29	33	32
Ø Anz. Nachkommen	9,47	9,05	7,03	4,85	5,38
Min.	2	2	1	2	1
Max.	18	16	12	11	15

Lernstichprobe

- repräsentiert die aktuelle deutsche Piétrain-Population (German Pietrain und Bayern)
- 500 Tiere werden SNP-typisiert
- Merkmale Androstenon und Skatol
- $h^2 = 0,56$
(Tholen und Frieden, 2011)





Abschnitt 1

- Nachkommenprüfung von 200 (100) Besamungsebern
 - Typisierung mit Illumina HD 60K Chip
- Schätzung des genomischen Zuchtwertes
- Auswahl von jeweils 50 KB-Ebern mit „sehr“ hohen und niedrigen Zuchtwerten
- Jeder KB-Eber soll mit 30 männlichen Nachkommen geprüft werden
 - d.h 2 x 1500 Eber

Abschnitt II

➤ GFS

- Haus Düsse
- Frankenforst
- Produktionsbetriebe: (Schwabe)

1000 Prüfeber
(3. Durchgänge)

➤ SZV Baden Württemberg

- Boxberg

1000 Prüfeber
(3. Durchgänge)

➤ BVN

- Scharzenau
- Grub

1000 Prüfeber
(3. Durchgänge)

Schritt III

➤ Phänotypen

- Human Nose Score
- Androstenon, Skatol, Indol von 1000 Tieren
 - Speckproben notwendig!
 - Möglichst gleiche Anteile je KB-Eber
- Mastleistung
- Apparative Klassifizierung
- (LPA Standard)

➤ Schlachthöfe

- Tonnies, Crailsheim, Boxberg (?)

Schritt IV

- Austausch von Ebersperma zwischen Zuchtregionen
 - Überprüfung des Saueneffekts
 - Jeder KB-Eber in mindestens 3 (?) Sauenpopulationen

Auswahl der Eber zur genomischen Selektion

GFS Ascheberg		Killingen		Abstetterhof		Herbertingen	
25402	Ariel	11223	Charin NN	11135	Bojar NP	10797	Chabor NN
25626	Dax NN	11223	Charin NN	10540	Chandi NN	10879	Chamane NP
25701	Ernesto NN	11226	Charmin NN	10976	Chiral NN	10804	Charro NN
25401	Harry NN	11149	Chicmor NN	92188	Dominus NN	10616	Cheops NN
25601	Maltono NP	11176	Ebolax NN	10977	Ebofred NN	10561	Chester NN
25762	Marzipan NN	11229	Eboman NN	10891	Ebotan NN	10743	Credo NN
25602	Meridian NP	11216	Ebozil NN	11136	Jubox NP	10026	Eboli NN
59046	Morado NP	11185	Eris NN	10928	Jupiter NN	10805	Ebomax NN
59065	Rabe NP	11167	Jubel NN	10893	Mistan NN	10880	Ikarus NN
25419	Vreden NP	10694	Matar NN	10949	Mulas NP	10876	Malta NP
25045	Wellness NN	10695	Matur NN	10865	Murat NP	10903	Massimo NN
25333	Wutz NN	10570	Phanal NN	10972	Neon NP	10901	Merkur NN
		11163	Pikasso NN	10969	Pirmin NN	10930	Musdini NN
		10676	Pixel NP	10929	Rocco NN	10909	Papageno NN
		11177	Playtox NP	10861	Rollux NN	10960	Pianist NN
		11158	Ritual NN	10866	Steiger NN	10858	Picar NN
		10711	Varus NN	10970	Steno NP	10885	Rivale NN
		11157	Wilddieb NN	10892	Vugor NP	10799	Venedig NN

Auswahl der Eber zur genomischen Selektion

GFS Ascheberg		Killingen		Abstetterhof		Herbertingen	
25402	Ariel	11223	Charin NN	11135	Bojar NP	10797	Chabor NN
25626	Dax NN	11223	Charin NN	10540	Chandi NN	10879	Chamane NP
25701	Ernesto NN	11226	Charmin NN	10976	Chiral NN	10804	Charro NN
25401	Harry NN	11149	Chicmor NN	92188	Dominus NN	10616	Cheops NN
25601	Maltono NP	11176	Ebolax NN	10977	Ebofred NN	10561	Chester NN
25762	Marzipan NN	11229	Eboman NN	10891	Ebotan NN	10743	Credo NN
25602	Meridian NP	11216	Ebozil NN	11136	Jubox NP	10026	Eboli NN
59046	Morado NP	11185	Eris NN	10928	Jupiter NN	10805	Ebomax NN
59065	Rabe NP	11167	Jubel NN	10893	Mistan NN	10880	Ikarus NN
25419	Vreden NP	10694	Matar NN	10949	Mulas NP	10876	Malta NP
25045	Wellness NN	10695	Matur NN	10865	Murat NP	10903	Massimo NN
25333	Wutz NN	10570	Phanal NN	10972	Neon NP	10901	Merkur NN
		11163	Pikasso NN	10969	Pirmin NN	10930	Musdini NN
		10676	Pixel NP	10929	Rocco NN	10909	Papageno NN
		11177	Playtox NP	10861	Rollux NN	10960	Pianist NN
		11158	Ritual NN	10866	Steiger NN	10858	Picar NN
		10711	Varus NN	10970	Steno NP	10885	Rivale NN
		11157	Wilddieb NN	10892	Vugor NP	10799	Venedig NN

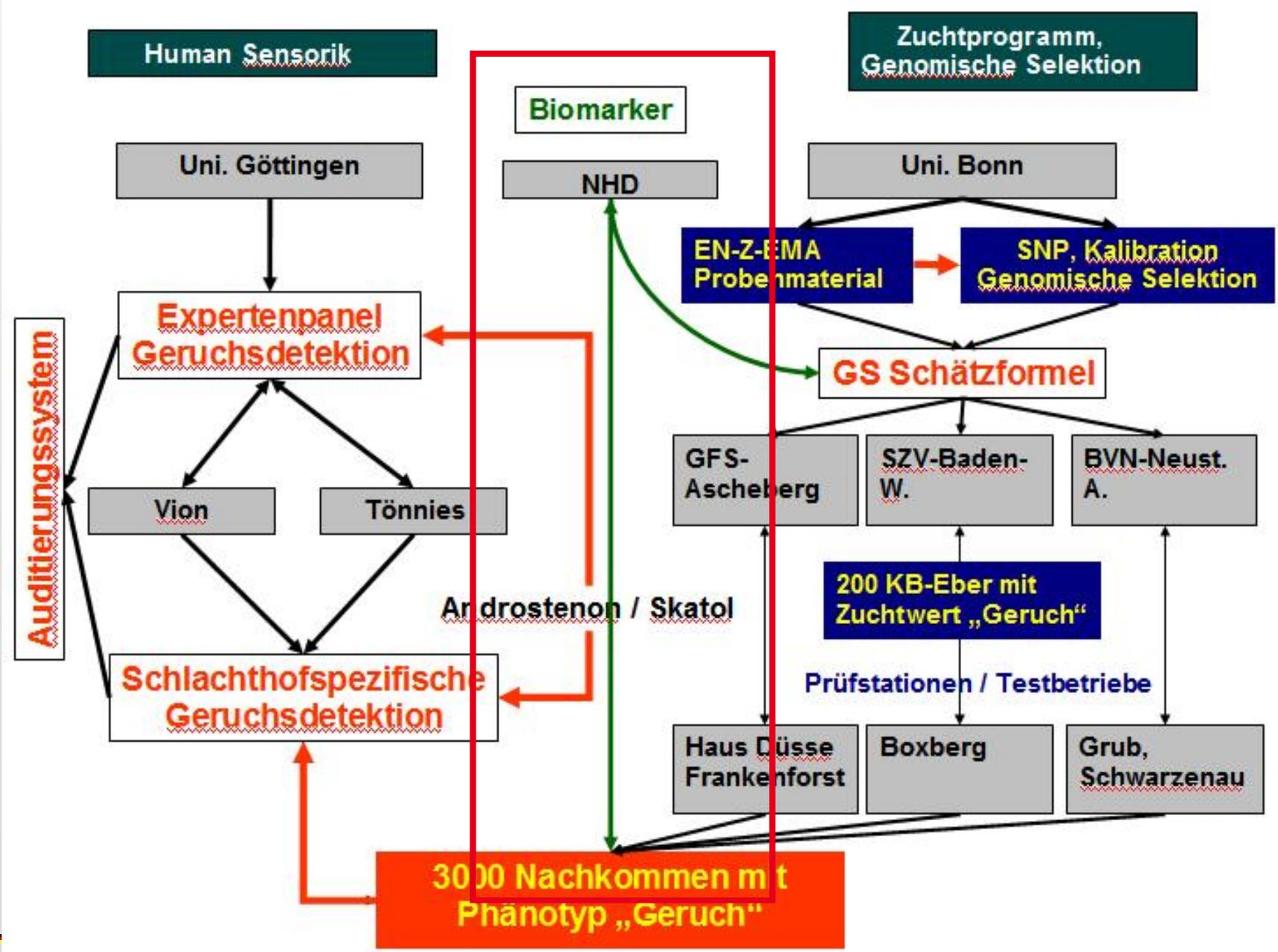
64 Eber aus 19 verschiedenen Genealogien

Schätzung der Markereffekte

- G-BLUP-Verfahren
- In der HD-typisierten Lernstichprobe
- Schätzung der Effekte des LD-Markerset

Zentrale Frage:

Mit wie viel Genauigkeitsverlust
ist bei einer Reduktion
der Markerdichte zu rechnen?



Identifizierung eines Blutbasierten-Biomarkers für das Merkmal Ebergeruch

- **Ziel:** schnelle, einfache und günstige Selektion von geruchsbelasteten Schlachtkörpern mit Beginn der Schlachtung
- **Material:** Blutproben von 120 Tieren mit vorherigen Androstenon- u. Skatolbestimmungen
- **Methode:** Differentielle Proteom-Analyse

Ziel

- Einbindung der Ergebnisse in die genomische Selektion bei German Pietrain-Tieren
- Erweiterung um relevante SNP`s
- Effektivere Selektionsmöglichkeiten



Vielen Dank für Ihr Interesse!

