

Damit es ein Prachtkerl wird

Bei der Milchviehzucht mussten früher vor allem die Töchter überzeugen. Heute wird das Potential eines Bullen bereits an seiner DNA gemessen.

VON MICHAEL SCHLAG

Gerade als in Deutschland die Agrarwende ausgerufen wurde und in der Milch nur noch „Wasser, Getreide und Gras“ stecken sollten, begann auch das Zeitalter der genomischen Milchviehhaltung. Im April 2009 schlug der Niederländer Theo Meuwissen in der Zeitschrift *Genetics* erstmals vor, den züchterischen Wert eines Bullen anhand von Merkmalen seines Erbguts vorherzusagen, ohne dass er eigene Nachkommen haben muss, die diesen Nutzen belegen. Heute ist die genomische Selektion dabei, die herkömmliche Rinderzucht abzulösen: Über das Tier wird mittels DNA-Chip und mit einer aus 54 000 Elementen bestehenden mathematischen Formel entschieden. Man verspricht sich mehr Milch und mehr Gesundheit für die Herden – und eine Beschleunigung der Zucht.

Auf einem Hof in Goch am Niederrhein sucht der Tierarzt Ulrich Janowitz nach Erbgut für künftige Milchkuh-Generationen und entnimmt Blutproben. Das Bullenkalb im Stall von Johannes van de Loo ist zwar erst zwei Wochen auf der Welt, es könnte seinem Besitzer aber schon jetzt viel Geld beschern, je nachdem wie die Typisierung ausfällt: Denn die kann als eine Art Prognose dienen, welche Milchleistung der Stier einmal an seine Töchter vererbt, die in fünf, sechs oder sieben Jahren als Hochleistungskühe in einem Melkstand stehen werden. Beträgt sein „Relativer Zuchtwert Gesamt“ 140 oder mehr, stehen die Chancen gut, dass der Zuchtverband Rinder Union West (RUW) das Kalb gleich als künftigen Zuchtbullen übernimmt.

„Wir wollen möglichst früh wissen, ob wir Interesse an dem Tier haben, und es besteht kein Grund, länger zu warten“, sagt Janowitz, der die Besamungsstation der RUW in Borken leitet. Er klebt einen Barcode auf das Plastikröhrchen mit den zehn Millimetern Blut des Kalbes, legt die vorbereiteten Begleitpapiere dazu in einen gepolsterten Briefumschlag, den er später auf dem Heimweg einwirft. Ob die RUW den kleinen Bullen kaufen wird, wie es sich Milchbauer van de Loo erhofft, entscheidet sich in wenigen Wochen.

Die Rinderzucht konzentriert sich auf die Bullen, weil deren tiefgefrorenes Spermazig Nachkommen zeugen kann, während Kühe pro Jahr nur ein Kalb zur Welt bringen. Bei einer Zucht auf traditionelle Weise vergehen mindestens fünf Jahre, bevor sich zeigt, welche Eigenschaften tatsächlich vererbt wurden. Schließlich muss der Bullen erst mal geschlechtsreif sein, dann werden Kühe besamt, die Kälber ausgetragen. Und erst wenn diese Töchter herangewachsen sind und selbst zu Müttern wurden, fließt Milch dank seiner Erbinformationen. Und damit startet die Datensammlung der Zuchtverbände zur vererbten Milchleistung eines Bullen, der auf einer Besamungsstation lebt, während man die ersten hundert Tage Milch seiner ersten fünfzig Töchter abwartet.

„Der Bullen ist sehr lange ein sogenannter Wartebulle, und er kostet in dieser Zeit nur Geld“, sagt Sven König, der an der Universität Kassel das Fachgebiet Tierzucht leitet. Bis so der Zuchtwert bestimmt ist, belaufen sich die Kosten schon auf rund 20 000 Euro, ein Drittel davon allein für Futter, ohne Garantie für einen Erfolg. Selbst die Auswahl von Kandidaten nach ihrem Stammbaum, dem Pedigree, war bisher wenig verlässlich. Enge Verwandte, auch Vollgeschwister, unterschieden sich später in den Eigenschaften.

Seit August 2010 sind diese Jahre der Ungewissheit vorbei, denn die genomische Selektion hielt Einzug in den Viehstall. Die Sequenz des Rindergenoms wurde 2009 vollständig entziffert, doch „das komplette Genmuster von Anfang bis Ende ist für den Tierzüchter gar nicht so interessant“, sagt Sven König. Die für die Zucht interessante Methode nutzt stattdessen Einzelnukleotid-Polymorphismen, kurz SNPs oder Snips genannt: Die Basenfolge des DNA-Strangs variiert an bestimmten Stellen mit Punktmutationen, die aber nicht unbedingt in den aktiven Bereichen des Erbguts liegen. Vom Rind sind rund eine Million Snips bekannt. Um alle Eigenschaften zu bewerten, die für Züchter interessant



Sagenhafter Zuchtwert: Der Holsteiner Malindo wurde am 2. Juni 2009 geboren und als einer der ersten Bullen in Deutschland anhand seines Genoms als Spitzenkraft eingestuft.

Foto: RUW

Tausende Gensnipsel entscheiden über das Schicksal: Zuchtbulle oder Steak?

sind, genügen 54 000. Mit Hilfe der Snips „kann man die Variabilität im Genom extrem genau abbilden“, sagt Ekkehard Schütz vom Zentrum für molekulare Diagnostik am Tierärztlichen Institut der Universität Göttingen. Dort analysiert man auch die Blutprobe aus Goch. Die daraus gewonnene DNA wird auf ein getöntes Glasplättchen mit 24 Feldern getropft: Jedes Feld dieses Snip-Chips ist einer Probe vorbehalten, 24 Bullen können somit gleichzeitig überprüft werden. Stark vergrößert würde man darin jeweils „Vertiefungen mit 54 000 kleinen Kügelchen sehen“, sagt Melanie Scharfenstein im Göttinger Labor. Diese Kügelchen sind DNA-Fragmente mit bekannten Snips etwa innerhalb der Rasse schwarzbunter Holstein-Rinder. Mit Hilfe von Laserlicht lassen sich die Proben aus dem Stall dann mit dem vorliegenden Muster vergleichen, und schon nach wenigen Minuten erscheint das Ergebnis als rot-grünes Raster auf einem Flachbildschirm.

Ekkehard Schütz nennt es „die genetische Signatur des Erbguts“, die bald auch als Textdatei vorliegt, mit endlosen Buchstaben- und Zahlenkolonnen, zum Beispiel: ARS BFG BAC 11627. „Das ist ein Snip, der unter diesem Namen in einer internationalen Datenbank hinterlegt ist“, sagt Ekkehard Schütz. Auch die Position im Erbgut ist genau beschrieben: Chromosom zehn, Nummer 29 237 179. Und all diese Details sind für das Rechenzentrum der Vereinigten Informationssysteme Tierhaltung VIT in Verden bestimmt. Denn die Snips werden mit der genomischen Formel der Rinderzuchtverbände bewertet; die Datengrundlage dafür aufzustellen hat Jahre gedauert und Millionen gekostet. Jeder abgefragte Snip korreliert mit einem Gen, doch um ein Urteil fällen zu können, muss

man dessen Wirkung kennen. Vor sechs Jahren setzte sich das Projekt Eurogenomics deshalb zum Ziel, jedem Snip eine Eigenschaft im Tier zuzuordnen. Als Basis dienten die Daten der konventionellen Zucht und die Milchleistungsprüfung vieler Generationen von Kühen. Außerdem wurden 16 000 Bullen genomisch typisiert und die Snips mit den Resultaten ihrer weiblichen Nachkommen verglichen. Die genetische Signatur des Bullen wurde so mit der Leistung einer Kuh im Melkstand in Zusammenhang gebracht, und das bezeichnet Sven König als den „entscheidenden Schritt im genomischen Zuchtprogramm“. Die Kataloge führten im August 2010 erstmals Jungbullen mit genomischem Zuchtwert als geprüfte Vererber – sie waren gerade geschlechtsreif und hatten noch keine Nachkommen. Nicht einmal die Gene, die eine Rolle spielen waren bekannt, nur die Snips, die immer wieder dieselbe Wirkung zeigten, aber nicht erklärten warum.

„Das Modell kennt keine kausalen Zusammenhänge“, sagt Stefan Rensing vom Geschäftsbereich Biometrie und Zuchtwertschätzung der VIT. Dennoch erfüllen die genomischen Zuchtwerte eine 2006 im EU-Recht festgeschriebene Bedingung, dass ein Zuchtverfahren bei der Vorhersage der Milchleistung eine Sicherheit von mindestens 50 Prozent bieten muss. Der Blick auf einzelne Punkte des Erbguts erlaubt viel genauere Prognosen, das beeinflusst natürlich die Viehwirtschaft. „Die Zucht ist heute so schnelllebig geworden“, beschreibt es Rinderzüchter Marco Hölz aus dem hessischen Weinbach. „Alle paar Wochen gibt es neue Top-Genetik, die positiven Vererber haben ruck, zuck Söhne, die als Kälber gleich wieder einen Zuchtwert bekommen.“

Die ersten genomisch geprüften Bullen 2010 hatten schon tolle Zuchtwerte, Bulle Malindo zum Beispiel erreichte damals einen RZG von 148. Im Jahr darauf stiegen die Werte weiter, es gab bereits zehn Bullen mit über 150. Und in der aktuellen Top-Liste der VIT bringt es der Bulle Boss auf sagenhafte 161. Auch das Generationsintervall wird immer kürzer: „Heute haben wir in fünf Wochen Ergebnisse, wofür wir früher fünf Jahre brauchten“, sagt Rudi Paul von der Zentralen Besamungsunion Hessen (ZBH), in Alsfeld.

Mit den Zuchtwerten schossen die Preise in die Höhe. So zahlte der Besamungsverein Nordschwaben im vergangenen Jahr 80 000 Euro für den vierzehnten Monate alten Fleckvieh-Bullen Everest. „Die Schallmauer ist



Blutproben von aussichtsreichen Jungbullen werden im Labor per DNA-Chip überprüft.

Foto: M. Schlag

durchbrochen“, stellte das *Elite-Magazin* für Milcherzeuger dann im September fest. Auf einer Auktion hatte die Besamungsstation Greifenberg den per Chip hoch bewerteten Bullen Weltenburg für 12 000 Euro ersteigert. Das Jungtier war 13 Monate alt. Die genomische Selektion ermöglicht nicht nur eine so frühzeitige wie rasche Bullen-Eignungsprüfung, sondern zudem ein Ausweiten des genetischen Screenings in den Herden. Im

Jahr 2009 durchliefen in Deutschland 1000 Bullen den Nachkommenstest über ihre Töchter. Allein 2012 wurden dagegen 10 000 Jungbullen anhand ihres Genoms typisiert. Die genetische Basis der Zucht wird breiter; bei vergleichsweise günstigen Typisierungskosten von 99 Euro suchen die Zuchtverbände nützliches Erbgut auch vermehrt in sogenannten Outcross-Bullen außerhalb der etablierten Kuhfamilien. „Wir finden heute Bullen, nach denen hätten wir früher gar nicht gesucht“, sagt ZBH-Experte Rudi Paul.

Für die Kühe blieb die konventionelle Zucht, die ihre Milchproduktion in den vergangenen Jahrzehnten mehr als verdoppelte, nicht ohne Folgen für die Gesundheit. Ihre Lebenserwartung verkürzte sich. Die Hochleistungskühe überstehen kaum mehr als zwei bis drei Laktationen, bevor sie mit typischen Krankheiten beim Schlachter enden, dazu zählen chronische Euterentzündungen und Klauenschäden. „Viel zu viele Kühe gehen mangels Gesundheit und Fruchtbarkeit früh aus den Betrieben“, kritisiert Milchbauer Heinz Tangermann. Er ist Vorsitzender der Arbeitsgemeinschaft Lebenslinien ALL, einer kleinen Zuchtvereinigung, die für eine Rinderzucht auf langes Leben eintritt. „Wie soll man dem Verbraucher vermitteln, dass die Kühe nur fünf Jahre alt werden?“, sorgt sich Tangermann um das Ansehen der Milchwirtschaft in der Öffentlichkeit.

Das neue Zuchtverfahren bietet nun laut Hartwig Meinikmann, Abteilungsleiter Zucht bei der Rinder-Union West eG in Münster, eine große Chance. Es gehe nicht nur um die Milchleistung, Gesundheit, Fruchtbarkeit und lange Lebensdauer – „das muss dabei herauskommen“. Während die Nachkommenschaft auch solche Eigenschaften erst nach Jahren belegt, lassen sich mit den Snip-Infomra-

tionen gleich vierzig Merkmale aus vielen zurückliegenden Generationen analysieren. „Das ist eigentlich die starke Seite der genomischen Selektion“, meint Ulrich Janowitz. Sie erlaube zum ersten Mal Vorhersagen zur Eutergesundheit künftiger Tiere oder zur Fruchtbarkeit der Töchter eines Bullen. Dementsprechend können Milchbauern sich die Väter ihrer Kuhherde auswählen.

Bei Einführung der ersten genomischen Zuchtwerte 2010 fragte man sich noch, ob die Milchbauern das neue Verfahren überhaupt akzeptieren würden. Heute, nur drei Jahre später, stammt nahezu die Hälfte der verkauften Spermaportionen in Deutschland von genomischen Bullen, bei der Osnaabrücker Herdbuch-Genossenschaft sind es sogar 70 Prozent. Die RUW hat ihren Bestand an teuren, inzwischen genomisch typisierten Wartebullen halbiert, und bei der zusätzlich vorgenommenen Nachkommenprüfung zeigt sich: „Viele Bullen treffen die Vorhersage punktgenau“, sagt Ulrich Janowitz. Noch trauen jedoch nicht alle Milchbauern den Snip-Chips, deshalb führt man in Münster weiterhin ein „Classic Programm“ mit ausgereiften Zuchtbullen und ihren geprüften Töchtern.

Und was geschieht mit dem Kalb von Johannes van de Loo? Werden mit dem Spermazig des Bullen einmal seine Erbinformationen in die Zucht einfließen? Leider nein. „Der Zuchtwert war mit 137 gar nicht so schlecht“, erzählt der Milchbauer vom Niederrhein. Der Bullen entwickelte im Verlauf der Monate allerdings schräg stehende Hinterfüße, damit ist er für die Zucht nicht geeignet. Jetzt wird er mit den anderen Kälbern im Stall gefüttert – bis zum Schlachtgewicht. Sein Besitzer van de Loo meint: „Man kann vom genomischen Zuchtwert eben nicht alles ableiten.“