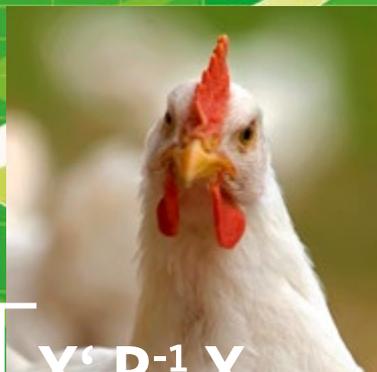




Neue Wege der Tierzucht für eine nachhaltige Nutztierhaltung



CAAAAGCT
ACTAAATC
CTTTCGTA

ACTTACTACC
AAAACAGTGA
ACAACAATTT

TTTATTTTAT
AATACTACTA
CCTTCACTCT

GTTTACTTTT
CATCAAACG
CCAACCTTCTC

TA
CA
TC

$$\begin{bmatrix} X' R^{-1} X & X' R^{-1} Z \\ Z' R^{-1} Z & Z' R^{-1} Z + G^{-1} \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X' R^{-1} y \\ Z' R^{-1} y \end{bmatrix}$$

Liebe Leserinnen und Leser,

mit dem europäischen Tierzucht recht für Tierarten in der landwirtschaftlichen Nutzung wurden verschiedene Kompetenzen an die Zuchtorganisationen übertragen. So können die Zuchtorganisationen in ihren Zuchtprogrammen für landwirtschaftliche Nutztierarten die Merkmale, auf die gezüchtet werden soll und deren Gewichtung festlegen.

Teilweise führt das in Einzelfällen zu Entwicklungen, die kritisch bewertet werden.

Die Amtschef- und Agrarministerkonferenz hatten deshalb um einen Sachstand zu Problemen in der Tierzucht gebeten. In einem weiteren Schritt hatten sie das Bundesministerium für Landwirtschaft und Ernährung (BMEL) um einen Bericht gebeten, auf dessen Grundlage ein Handlungskonzept zur Tierzucht vorgelegt wurde.

Ein erster Punkt des Handlungskonzeptes ist es, die Tierzucht mit den zur Verfügung stehenden Methoden und Ergebnissen darzustellen – auch in Abgrenzung zur Tierhaltung. Beide Begriffe werden zum Teil synonym verwendet, sind fachlich jedoch deutlich zu trennen.

Die Haltung landwirtschaftlicher Nutztiere – **Tierhaltung** – umfasst sehr viele unterschiedliche Bereiche, die unter anderem in der Nutztierhaltungsstrategie des BMEL berücksichtigt werden (Management, Fütterung, Krankheitsbekämpfung, aber auch Reproduktion, Vermehrung, Mast und damit insgesamt **Haltung**).

Unter dem Begriff **Tierzucht** werden dagegen alle Maßnahmen zusammengefasst, die „eine gerichtete Veränderung eines oder mehrerer erblicher Merkmale in einer Population über Generationen hinweg verursachen. Dieses umfasst die Definition der Zuchtziele. Zuchtziele geben die Richtung vor, in die sich eine Population entwickeln soll. Die Anwendung von Zuchtmethoden ermöglicht die gewünschte Veränderung in einer Population auf züchterischem Wege.“

Im Sinne des genannten Handlungskonzeptes haben die Autoren mit der vorliegenden Sammlung von Beiträgen die Grundlagen, aber auch Möglichkeiten der Tierzucht umfassend dargestellt. Die Tierzucht wird unter verschiedenen Aspekten im aktuellen Kontext erörtert, dabei der Bezug zur Vergangenheit hergestellt und ein Ausblick auf zukünftige Herausforderungen gegeben. Es werden auch sich daraus ergebende Chancen aufgezeigt. Mit der vorliegenden Broschüre sollen Interessierte – vom Praktiker bis hin zum Laien gleichermaßen – eine gemeinsame Sprache zum Thema „Tierzucht für eine nachhaltige Nutztierhaltung“ finden.

Der Autorin und den Autoren möchte ich an dieser Stelle ganz herzlich für ihr ausgeprägtes konstruktives Engagement und ihre wertvollen Beiträge und Frau Breuer aus dem Bundesinformationszentrum Landwirtschaft für die aufwendige redaktionelle Ausstattung danken.

Dr. Bernhard Polten
BMEL



Inhalt

Einleitung	4
1 Definition Tierzucht	6
2 Tierzucht: gestern und heute	8
2.1 Die Frühzeit	10
2.2 Die Moderne: Entwicklung der wissenschaftlich basierten Tierzucht	11
2.3 Das Hier und Heute: Tierzucht auf der Basis genomanalytischer Erkenntnisse	12
3 Züchtungsmethoden	14
3.1 Reinzuchtprogramme unter Nutzung der künstlichen Besamung am Beispiel Rind	15
3.2 Kreuzungszuchtprogramme am Beispiel Schwein und Geflügel	20
3.3 Nutzung molekulargenetischer Methoden in der Tierzucht	22
3.3.1 Allgemeines	22
3.3.2 Genomische Selektion auf der Basis von SNP-Markern	23
3.3.3 Neue Entwicklungen: Gene Editing und Precision Breeding	27
4 Leistungen der Tierzucht	30
4.1 Einflussfaktoren auf das Zuchtziel	32
4.2 Von Zuchtzielen zu Selektionskriterien am Beispiel der Rinderzucht	33
4.2.1 Anfänge	33
4.2.2 Die Populationsgenetik hält Einzug	34
4.2.3 Tiergesundheit und Tierwohl rücken in den Fokus	34
4.2.4 Der Gesamtzuchtwert als Ausdruck des Zuchtzieles	35
4.3 Die beteiligten Organisationen	37
4.4 Entwicklung einiger Kenngrößen am Beispiel der Rinder-, Schweine- und Geflügelzucht	38
4.4.1 Rinderzucht	38
4.4.2 Schweinezucht	38
4.4.3 Hühnerzucht	40
5 Rechtlicher Rahmen	42
5.1 Reichsgesetz zur Förderung der Tierzucht	44
5.2 Die Tierzuchtgesetzgebung in den 1970er Jahren	44
5.3 Weitere Rechtsentwicklung bis heute	45
6 Die Tierzucht in der öffentlichen Diskussion	48
7 Ausblick und Forschungsbedarf	52
8 Zusammenfassung und Schlussfolgerungen	56
Anhang	58
Glossar	58
Literaturverzeichnis	62
Autoren	63
Weiterführende Medien	64
BZL-Medien	65
Was bietet das BZL?	66
Impressum	67



Einleitung

Einleitung

von Heiner Niemann

Die Land- und Forstwirtschaft und Fischerei sind als Teil der Volkswirtschaft in Deutschland nach wie vor ein bedeutender Wirtschaftsbereich. Ihr Anteil beträgt nach neuesten Zahlen 2019 mit einer Bruttowertschöpfung von 21,3 Milliarden Euro zwar nur 0,9 Prozent, doch ist die volkswirtschaftliche Bedeutung der Landwirtschaft mit ihren nachgelagerten Bereichen wesentlich größer. In Deutschland arbeiten rund 575.000 Erwerbstätige in der Landwirtschaft. Rund 266.700 Betriebe bewirtschaften rund 16,65 Millionen Hektar landwirtschaftliche Nutzfläche.

Tierhaltung und Tierzucht sind wichtige Standbeine der deutschen Landwirtschaft. In Deutschland macht die Tierhaltung, inklusive der nachgelagerten Bereiche, rund 60% der landwirtschaftlichen Wertschöpfung aus. Die deutsche Tierzucht ist zudem im internationalen Maßstab außerordentlich wettbewerbsfähig. Seit einigen Jahren wird aber

in der öffentlichen Diskussion immer stärker die ökonomisch erfolgreiche und leistungsbezogene Zucht hinterfragt.

Vor diesem Hintergrund soll das vorliegende Positionspapier nach einem kurzen historischen Abriss das aktuelle Zuchtgeschehen für die Hauptnutztierarten Rind, Schwein und Geflügel (Legehennen und Broiler) darstellen und zukünftige Entwicklungen in einem globalen Kontext aufzeigen. Ferner werden die Fragestellungen in der aktuellen gesellschaftlichen Diskussion und der Forschungsbedarf erörtert.

Basierend auf einer faktenorientierten Darstellung der heutigen Nutztierzucht sollen zukünftige Entwicklungen skizziert und der Forschungsbedarf für eine nachhaltige und zielgenaue Tierzucht benannt werden.

Abbildung 1: Die wirtschaftliche Bedeutung der Landwirtschaft im Vergleich



1

Definition Tierzucht

von Heiner Niemann

Als Zucht wird in der Biologie die kontrollierte Fortpflanzung mit dem Ziel der genetischen Entwicklung bezeichnet. Tierzucht wird definiert als gezielte Auswahl von Elterntieren, die mit ihren Nachkommen die nächste Generation stellen. Dabei sollen gewünschte Eigenschaften verstärkt und unerwünschte Eigenschaften vermindert oder ganz unterdrückt werden. Um die Ziele zu erreichen, wird nach einer Leistungsprüfung (Phänotypisierung) eine Zuchtwertschätzung durchgeführt, um dann gezielt Individuen mit den gewünschten Eigenschaften auszuwählen und miteinander zu verpaaren. In anderen Bereichen der Landwirtschaft ist es auch möglich, gezielt Mutationen auszulösen oder Organismen gentechnisch zu modifizieren, um dann neue erfolgreiche Phänotypen zu erzeugen. Jedwede Neuzüchtung einer neuen Nutztier rasse muss gesetzliche Anforderungen

erfüllen, bevor sie in der Praxis eingesetzt werden kann. Die zur Zeit verfügbaren Zuchtverfahren der Kreuzung und Reinzucht sind in ihren Möglichkeiten der Genkombination begrenzt, da insbesondere bei Tieren eine fruchtbare Fortpflanzung unter artfremden Individuen stark eingeschränkt ist. Es befinden sich neue Verfahren der Genkombination in der Entwicklung.

Von der Tierzucht ist die Tierhaltung abzugrenzen, die auch alle anderen Bereiche zur Aufzucht und Haltung wie zum Beispiel Aufstallung, Fütterung oder Management beinhaltet und nicht Gegenstand dieser Betrachtungen ist.



Die Tierzucht ist die Grundlage erfolgreicher Nutztierhaltung.

2 Tierzucht: gestern und heute

von Heiner Niemann & Hermann Swalve

18. Jahrhundert
Robert Bakewell gilt als Begründer der modernen, systematischen Tierzucht

um 1900
Die Mendelschen Regeln der Vererbung werden wiederentdeckt.

1914
Shull prägt den Begriff Heterosis.

1920er
Wright, Fisher und Haldane etablieren Populationsgenetik als neuen Forschungsweig.

1700

1800

1900

1976

Lederer setzt die BLUP-Methode zur Routine-Zuchtwertschätzung für Milchrindbullen in Niedersachsen ein.

1973

Die von Henderson entwickelte BLUP-Methode wird für die Zuchtwertschätzung beim Milchrind vorgeschlagen.

1940er

Die BLUP-Methode wird erstmals fragmentarisch von Henderson vorgestellt.

1950er

Die künstliche Besamung wird in der Rinderzucht eingeführt.

1940er

Arbeitsgruppe um Lush entwickelt einen Selektionsindex.

1970er

Geldermann, Tierzuchtprofessor an der Universität Hohenheim, schlägt das QTL-Konzept vor.

1990-2001

Das Human Genome Project entschlüsselt das menschliche Genom. Die in der Folge verbesserten und kostengünstigeren Technologien zur Sequenzierung von DNA ermöglichen weitgehend vollständige Genkartierung auch bei landwirtschaftlichen Nutztieren.

1990er

Die markergestützte Selektion (MAS) auf der Basis von Mikrosatelliten verzeichnet begrenzte Erfolge in der Milchrinderzucht.

1990er

Implementierung der DNA-Analytik; umfassende Anstrengungen zur Identifizierung von quantitative trait loci (QTLs).

1980er

Der Embryotransfer (ET) wird in die züchterische Praxis eingeführt. Nicholas und Smith schlagen 1983 vor, die konventionellen Besamungszuchtprogramme durch ET-betonte Nukleuszuchtprogramme abzulösen.

2001

Meuwissen, Hayes und Goddard veröffentlichen eine Simulationsstudie, mit der sie Machbarkeit und erfolgreiche Anwendung einer genomischen Zuchtwertschätzung demonstrieren.

2009

Goddard publiziert eine Formel zur Vorausschätzung der Genauigkeit der genomischen Zuchtwertschätzung.

2006

Schaeffer erkennt und dokumentiert das Potential der genomischen Zuchtwertschätzung für die Milchrinderzucht.

2012

Charpentier und Doudna veröffentlichen die CRISPR/Cas-Methode (Chemie Nobelpreis 2020).

2010

Die genomische Selektion wird in Rinderzuchtprogramme eingeführt.

2015

Arbeitsgruppe um Hickey entwickelt das PAGE-Zuchtprogramm, das auf Genome Editing basiert.

2019

Das Zuchtprogramm für die Rasse Holstein wird auf Basis genotypisierter Kühe und genomischer Zuchtwertschätzung in Deutschland in die Praxis umgesetzt.

2000

2.1 Die Frühzeit

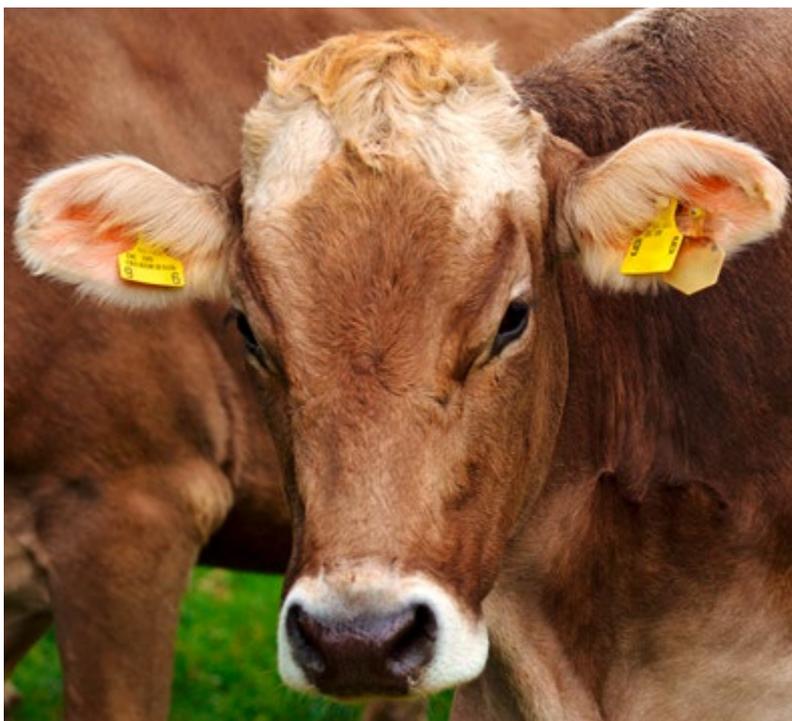
Vorfahren des heutigen Menschen sind nach aktuellen Forschungsergebnissen bereits vor rund 300.000 bis 250.000 Jahren erstmalig auf der Erde nachgewiesen worden. Lange Zeit lebte der Mensch als Jäger und Sammler. Die Domestikation der Nutztiere begann etwa 18.000 bis 15.000 Jahre vor Christi Geburt vor allem im Mittleren Osten. Damit war ein entscheidender Schritt in der menschlichen Entwicklung getan, durch den zudem bereits wesentliche Grundlagen für die heutige Landwirtschaft gelegt wurden. Archäologische Befunde aus dem Mittleren Osten und von den britischen Inseln haben gezeigt, dass die Menschen bereits 17.000 bis 14.000 Jahre vor Christus Tiere hielten und Milch und Milchprodukte wesentliche Bestandteile ihrer Ernährung waren.

Genetische Studien haben ergeben, dass die beiden wesentlichen Rinderspezies rund 8.000 Jahre vor Christus getrennt im Südwesten Asiens und im Indus im heutigen Pakistan domestiziert wurden. Schweine wurden nach heutigen Erkenntnissen vor allem in Ostanatolien und in China domestiziert, Schafe und Ziegen in West- und Ostasien und Pferde in der Eurasischen Steppe. Diese Domestikation war eine wesentliche kulturhistorische Leistung der damaligen Menschen, die einherging mit der Transformation vom Jäger und Sammler zum sesshaften Bauern und Handwerker.



Ägyptische Zeichnung von domestizierten Rindern.

Die Tiernutzung in Folge der Domestikation prägt die Biosphäre maßgeblich und wird sogar als ein wesentliches Signal des heutigen Zeitalters, des Anthropozäns, betrachtet, in dem das menschliche Wirken den Planeten Erde entscheidend prägt. Ein Beispiel dafür ist die Entwicklung des Masthähnchens, dessen Biomasse inzwischen die aller anderen Vogelarten um ein Mehrfaches übersteigt. Die Knochen von Masthähnchen als Relikt des menschlichen Konsums könnten dereinst als „archäologischer Marker“ des Anthropozäns in Erscheinung treten.



Über 30 verschiedene Rinderrassen werden allein in Deutschland gezüchtet.

Entwicklung der Rinderrassen

Der Auerochse oder Ur (*Bos primigenius*) ist eine in ihrer Wildform ausgerottete Art der Rinder. Das vermutlich letzte Exemplar der ehemals weit verbreiteten Wildform des Rindes starb im Jahre 1627.

Nach neueren Genforschungen gelten nahöstliche Populationen als Stammform des taurinen Hausrindes oder schlicht Rindes (*Bos taurus*), das damit eine domestizierte Form des Eurasischen Auerochsen darstellt.

Rinder wurden zunächst wegen ihres Fleisches, später auch wegen ihrer Milch und Leistung als Zugtier domestiziert. Seitdem hat der Mensch eine Vielzahl unterschiedlicher Rinderrassen gezüchtet.

2.2 Die Moderne: Entwicklung der wissenschaftlich basierten Tierzucht

Der Brite Robert Bakewell (1725 – 1795) gilt als Begründer der modernen, systematischen Tierzucht. Die bereits genannten Erkenntnisse wurden von ihm in der Weise formuliert, dass zum einen eine klare Vorstellung vom Zuchtziel existieren und zweitens eine scharfe Selektion betrieben wird, wobei Ähnliches mit Ähnlichem verpaart werden soll. Bakewell war zunächst mit diesen Prinzipien in der Schafzucht, dann auch in der Zucht von Fleischrindern und Pferden erfolgreich. Das Prinzip der Verpaarung von Ähnlichem mit Ähnlichem wurde bei Bakewell konsequent auch bis hin zu Inzuchtpaarungen betrieben.

Bereits in den Anfängen der systematischen Tierzucht wurden viele wesentliche Grundlagen erarbeitet:

- » Nutzung der Ähnlichkeit verwandter Individuen,
- » eine Nachkommenprüfung ergibt ein relativ genaues Ergebnis hinsichtlich des infrage kommenden Elterntieres,
- » die Nutzung von Exterieurmerkmalen verspricht aufgrund ihrer relativ hohen Erbllichkeit gute Zuchterfolge bei relativ einfacher Leistungsprüfung,
- » die vorhandene extrem hohe genetische Variation der Landrassen lässt die Differenzierung in die unterschiedlichsten Zuchtrichtungen einer Art zu,
- » die meisten Nutztierassen sind aus wenigen Elterntieren unter Vernachlässigung aller heute geforderten Prinzipien der Biodiversität entstanden,

» heute gibt es mehr Variation innerhalb, als zwischen Rassen.

Die Grundlagen der heutigen Tierzucht und ihrer Methoden wurden vornehmlich zu Beginn des 20. Jahrhunderts durch die damals neu entstandene Populationsgenetik und die Arbeiten von Wright, Fisher und Haldane gelegt. In die Populationsgenetik flossen die wiederentdeckten Erkenntnisse von Mendel ein, der neben den durch ihn bekannt gewordenen Mendelschen Regeln grundsätzlich als erster zeigen konnte, dass das Erbgut individuell ist und von Generation zu Generation weitergegeben wird.

Einschneidende Fortschritte konnten schließlich mit der Einführung von zwei wichtigen Biotechnologien erzielt werden: der künstlichen Besamung und des Embryotransfers. Die künstliche Besamung wurde nach dem Zweiten Weltkrieg in die Praxis überführt. Damit konnte nicht nur das genetische Potential wertvoller Vattertiere in einer Population besser ausgeschöpft und verbreitet, sondern auch die Verbreitung von Geschlechtskrankheiten vermindert werden. Heute werden in Ländern mit einer entwickelten Tierzucht über 90% aller geschlechtsreifen Milchkühe künstlich besamt und auch in der Schweinezucht ist die künstliche Besamung inzwischen stark verbreitet.



Künstliche Besamung ist heute bei Milchvieh Standard.

In den 1980er Jahren wurde der Embryotransfer in der züchterischen Praxis eingeführt. Dadurch konnte erstmals auch das genetische Potential weiblicher Zuchttiere besser ausgenutzt werden. Für züchterische Zwecke wird der Embryotransfer heute vorwiegend zur Gewinnung von Embryonen der besten weiblichen Tiere einer Population eingesetzt.

Für den **Embryotransfer** werden Embryonen am Tag 7 nach der Befruchtung aus der Gebärmutter eines züchterisch wertvollen Muttertieres ausgespült und auf zyklussynchrone Empfängertiere übertragen. Da es ein kostenintensives Verfahren mit vergleichsweise niedrigen Erfolgsraten ist, wird es nur zur Nachzucht von Spitzentieren verwendet.

2.3 Das Hier und Heute: Tierzucht auf der Basis genomanalytischer Erkenntnisse

Die weitere Entwicklung der Tierzucht in den letzten zwei Jahrzehnten ist sehr stark durch die wachsenden Kenntnisse über das Genom der Nutztiere und immer zuverlässigere, präzisere und kostengünstigere Verfahren zur Analyse des Erbgutes (DNA) gekennzeichnet. Die erste, nahezu vollständige Karte des humanen Genoms wurde 2001 nach mehr als 10-jähriger intensiver und kostenaufwendiger Arbeit veröffentlicht. In der Folge wurde die Technologie zur Sequenzierung von DNA immer weiter verbessert und immer kostengünstiger, so dass heute auch weitgehend vollständige Genkarten der landwirtschaftlichen Nutztiere Rind, Schwein, Schaf, Ziege, Pferd und des Geflügels (Haushuhn, *Gallus gallus domesticus*) sowie von Katze und Hund vorliegen. Die Genome der Nutztiere (exkl. Haushuhn) zeigen die bekannten typischen Charakteristika von Säugergenomen:

Sie haben eine Gesamtzahl von rund 21.000 bis 23.000 Genen, von denen aber nur ungefähr 5 bis 6% für Proteine kodieren und aktiv über Transkription und Translation abgelesen werden. Der Hauptteil des Genoms besteht aus repetitiven Sequenzen, epigenetischen und retroviralen Gensequenzen, die wahrscheinlich wesentlich für die Regulation der kodierenden Gene sind.

Die Umsetzung der DNA Analytik in die Tierzuchtpraxis basiert auf dem QTL-Konzept, das von Hermann Geldermann, einem Tierzuchtprofessor an der Universität Hohenheim, bereits Mitte der 1970er Jahre vorgeschlagen wurde. Das QTL-Konzept beinhaltet, dass die Effekte von einzelnen Genorten auf quantitative Merkmale, den sogenannten „quantitative trait loci“ (QTL) mit Hilfe von Markern erfasst



2001 wurde die erste, nahezu vollständige Karte des humanen Genoms nach mehr als 10-jähriger intensiver und kostenaufwendiger Arbeit veröffentlicht.



Mit SNP (Single Nucleotide Polymorphism) Chips können zufällig über das Genom verteilte Unterschiede einzelner Bausteine im Erbgut eines Individuums ausgemacht werden.

werden können. Marker können dabei jedwede Varianten einzelner Nukleotide bzw. von Abschnitten auf der DNA sein, die in enger Kopplung zum QTL stehen. Die Frequenz von vorteilhaften Allelen kann über die Marker gestützte Selektion („marker assisted Selektion“, MAS) in einer Population erhöht werden. MAS ermöglicht auch die schnelle Eliminierung von unvorteilhaften Allelen. In Fällen, wo einzelne QTL einen maßgeblichen Teil der Merkmalsvariation erklären, konnten die ursächlichen DNA-Veränderungen festgestellt werden. Ein Beispiel dafür ist der für das Stresssyndrom des Schweines hauptverantwortliche Genort, das Ryanodin-Rezeptor-Gen (RYR1). Die Kenntnis der ursächlichen DNA-Variante ermöglichte hier insbesondere dadurch, dass nicht nur Merkmals- sondern auch Anlageträger sicher erkannt werden können, die Eliminierung des schädlichen Allels innerhalb weniger Generationen.

Der Begriff der **markergestützten Selektion** wird mitunter auch sehr allgemein im Sinne jedweder molekulargenetischen Diagnostik verwendet. In der Tierzucht wird der Begriff meist auf quantitative Merkmale eingegrenzt. Eine weitere Eingrenzung des Begriffes findet sich in der Tierzucht häufig in der Weise, dass damit nur die vielfach in den neunziger Jahren praktizierte markergestützte Selektion auf der Basis von Mikrosatelliten-Markern gemeint ist.

Die MAS-Systeme sind inzwischen zur genomischen Selektion weiterentwickelt worden. Dies ist durch die Identifizierung eines dichten Netzes an informativen Genmarkern, die idealerweise gleichmäßig über das gesamte Genom verteilt sind, und durch kostengünstige Verfahren der Sequenzierung möglich geworden. Die genomische Selektion mit dem Genomischen Zuchtwert (GZW) erfordert große Testpopulationen der betreffenden Nutztierspezies und eine präzise phänotypische Charakterisierung. Eine wesentliche technologische Voraussetzung für die Anwendung sind spezies-spezifische Genchips, die mehrere 10.000 Einzelnukleotid-Polymorphismen (single nucleotide polymorphisms, SNPs) enthalten.

Im Rahmen der genomischen Selektion werden beim Milchrind inzwischen Hunderttausende von Tieren genomweit genotypisiert und vor allem im Hinblick auf Gesundheitsmerkmale phänotypisiert. Die resultierenden Datensätze ermöglichen nicht nur eine Weiterentwicklung der genomischen Selektion, sondern sind auch die Grundlage für mächtige genomweite Assoziationsstudien. Solche Studien erlauben die systematische Identifizierung und Analyse von QTL und deren Zusammenwirken und somit Einblicke in die Biologie komplexer Merkmale und in der Perspektive nachhaltigere Selektionsentscheidungen. Die Kenntnis von kausalen Genorten ist zudem die Voraussetzung für die Editierung von Genomen.

h^2

σ_P

σ_A

r_{TI}

3

Züchtungsmethoden

von Hermann Swalve

3.1 Reinzuchtprogramme unter Nutzung der künstlichen Besamung am Beispiel Rind

In der Züchtung von Milchrindern dominiert bis heute die Reinzucht, wobei dieser Begriff durch die in vielen Rassen häufig beobachtete Hereinnahme von Genen aus anderen Rassen nur eingeschränkt zutrifft. Die Rinderzucht erlebte ab den fünfziger Jahren des 20. Jahrhunderts einen Aufschwung, der vornehmlich auf der Einführung der künstlichen Besamung unter Verwendung von Tiefgefriersperma der Vatertiere zurückzuführen war. Die künstliche Besamung ermöglichte, dass

- » Geschlechtskrankheiten des Rindes und vor allem Deckseuchen, die durch die gemeinsame Nutzung von Vatertieren über den natürlichen Deckakt stark verbreitet wurden, wirksam bekämpft werden konnten; dies war zunächst auch das wichtigste Argument für den Einsatz der künstlichen Besamung,
- » geprüfte, hochwertige Vatertiere von vielen Züchtern und Tierhaltern genutzt werden konnten,
- » nach Einführung effektiver Tiefgefrierverfahren ein weltweiter Handel mit tiefgefrorenem/aufgetautem Rindersperma entstehen konnte und damit wertvolle Genetik weltweit verfügbar wurde.

Aus einem Bullenejakulat können bei Jungbullen 100 bis 400 Portionen und bei älteren Bullen 200 bis 1.000 Portionen mit 20 Millionen vorwärtsbeweglichen Spermien je Portion gewonnen werden. Die damit verbundene, potentiell sehr weite Verbreitung einzelner Vatertiere erfordert eine detaillierte Prüfung von Phänotyp und Genotyp eines Vatertieres und die Ermittlung des Zuchtwerts eines Tieres vor dem Einsatz eines potentiellen Besamungsbullen der Population.



Unter dem Mikroskop wird die Spermiedichte ermittelt.

Abbildung 3: Das Vier-Pfade-Modell nach Rendel und Robertson (1950)

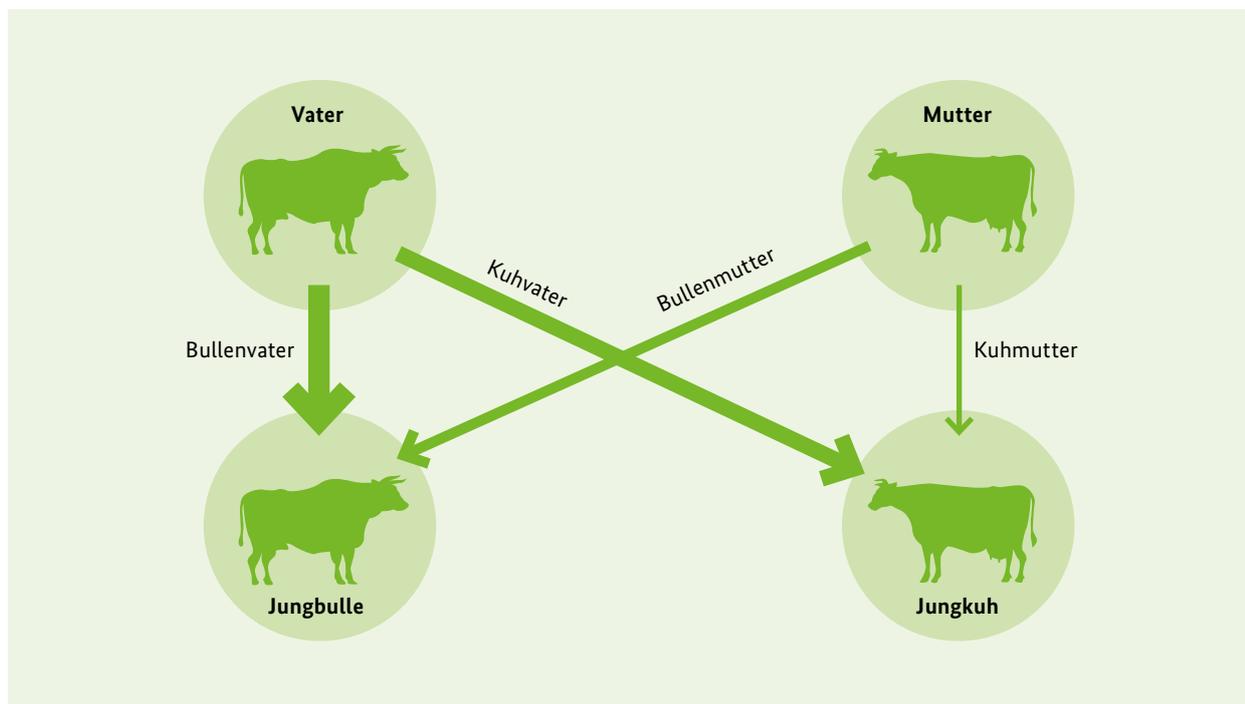


Abbildung 3 veranschaulicht die einzelnen Selektionspfade in der Rinderzucht unter den Bedingungen eines Besamungszuchtprogramms, wobei die Stärke der Linien die Bedeutung der Pfade symbolisiert. Bullenväter (Väter von Besamungsbullen) werden sehr scharf selektiert, nur wenige werden je Jahr benötigt. Der Anteil der Pfade am Zuchtfortschritt liegt in etwa bei 45 % für Bullenväter, 27 % für Kuhväter, 24 % für Bullenmütter und 4 % für Kuhmütter. Unter den Bedingungen der Genomischen Selektion steigt die Bedeutung des Bullenmutter-Pfades, da für die genotypisierte Bullenmutter dann auch relativ sichere Zuchtwerte der Auswahl zugrunde liegen. Eine ähnlich scharfe Selektion wird bei der Auswahl der Kuhväter (Bullen, welche in den Katalog einer Besamungsstation aufgenommen werden) vorgenommen. Bullenmütter (Mütter von zukünftigen Besamungsbullen) werden aus der Population selektiert, wobei auch hier eine relativ hohe Selektionsschärfe gilt.

Die Selektionsentscheidungen auf den Pfaden Bullenvater (BV), Kuhvater (KV) und Bullenmutter (BM) liegen allesamt im Verantwortungsbereich der Zuchtorganisationen, also der Rinderzuchtverbände und Besamungsstationen. Kuhmütter (KM) sind zunächst alle Kühe in den landwirtschaftlichen Betrieben, deren weibliche Nachkommen potentiell auch im Betrieb abkalben und gemolken werden. Da häufig der überwiegende Teil der eigenen Nachzucht auch als Ersatz für abgehende Kühe im Betrieb gebraucht wird, wird mithin auf dem Kuhmütter-Pfad nur sehr schwach selektiert.

Zur Vorausschätzung des möglichen Selektionserfolges sind für jeden Pfad zunächst einzeln die möglichen Selektionserfolge als $\Delta G = i \times h^2 \times \sigma_p$ bzw. als $\Delta G = i \times r_{TI} \times \sigma_A$ zu berechnen, wobei ΔG den genetischen Fortschritt, i die standardisierte Selektionsintensität, h^2 die Erbllichkeit (Heritabilität), σ_p die phänotypische Standardabweichung und σ_A die additivgenetische Standardabweichung bezeichnet.

Die obige Formel ist ein simples Produkt aus drei Größen und der genetische Fortschritt ist umso höher, wenn nur einer der drei Faktoren vergrößert wird. Die phänotypische bzw. additiv genetische Standardabweichung sowie die Heritabilität sind nur innerhalb gewisser Grenzen, beispielsweise durch die Messgenauigkeit für ein Merkmal, beeinflussbar. Wichtigster Ansatzpunkt für den Züchter ist deshalb die Selektionsschärfe.

Der vollständige Berechnungsgang für die Vorausschätzung des genetischen Fortschritts in einem Besamungszuchtprogramm ist in Abbildung 4 angegeben. Die einzelnen Terme der Gleichung im Zähler des Quotienten sind dabei wie oben dargestellt zu berechnen. Im Nenner des Quotienten befinden sich die Generationsintervalle auf jedem Selektionspfad.

Abbildung 4: Die Vorausschätzung des genetischen Fortschritts nach Rendel und Robertson (1950)

$$\Delta G = \frac{\Delta G_{BV} + \Delta G_{KV} + \Delta G_{BM} + \Delta G_{KM}}{L_{BV} + L_{KV} + L_{BM} + L_{KM}}$$



Spermaportionen von Bullen werden in flüssigem Stickstoff gefroren gelagert.

Ein Besamungszuchtprogramm mit Nachkommenprüfung ist schematisch in Abbildung 5 dargestellt. Bullenmütter werden aus der Population, genauer gesagt innerhalb der Herdbuchtiere der Population, ausgewählt und mit Bullenvätern verpaart. Die resultierenden Bullenkälber werden nach Erreichen der Geschlechtsreife im Alter von rund einem Jahr auf der Besamungsstation für die Spermagewinnung herangezogen. Von den Jungbullen, jetzt Testbullen genannt, werden dann in begrenztem Umfang etwa 400 bis 1.000 Portionen Sperma zur Besamung in der Population ausgegeben. Nach einer Wartezeit von weiteren vier Jahren sollen mindestens 100 laktierende Töchter Daten für die Schätzung

der Zuchtwerte der betreffenden Testbullen liefern, die jetzt als Wartebullen bezeichnet werden. Die Zahl der ausgegebenen Portionen soll sicherstellen, dass unter Berücksichtigung des Geschlechterverhältnisses bei den Nachkommen, von Verlusten und Tierverkäufen aus der Population heraus ausreichend Nachkommen für die Datenerhebung übrigbleiben. Die Zuchtwertschätzung erfolgt mit Hilfe des kontinuierlich anwachsenden Datenbestandes der Töchter. Die Wartebullen werden dann im Sinne einer Nachkommenprüfung selektiert. Nur wenige Wartebullen, meist um 10%, werden Kuh- bzw. Bullenväter, die meisten Wartebullen werden geschlachtet.

Kleiner Exkurs: Begriffe aus der Zuchtwertschätzung

Der **Selektionserfolg**, auch genetischer Fortschritt, beschreibt die durch Selektion hervorgerufene mittlere Leistungssteigerung einer Zuchtpopulation von einer Generation zur nachfolgenden Generation

Die **Selektionsschärfe**, auch Selektionsintensität, zeigt an, dass nur mit dem Teil einer Population weitergezüchtet wird, deren Ausprägung eine Mindestabweichung vom Mittel der Population aufweist.

Die **standardisierte Selektionsintensität** ist die dimensionsfreie Selektionsintensität unter der Annahme, dass die Verteilung der Selektionsmerkmale der Gauss'schen Normalverteilung folgt.

Der **Selektionspfad** beschreibt den Pfad vom jeweiligen Elternteil auf den Nachkommen.

Die **Heritabilität**, dargestellt mit dem Symbol h^2 , ist ein Maß für die Erblichkeit oder Vererbbarkeit. Sie beschreibt den Anteil der additiv-genetischen Variation an der insgesamt vorhandenen phänotypischen Variation.

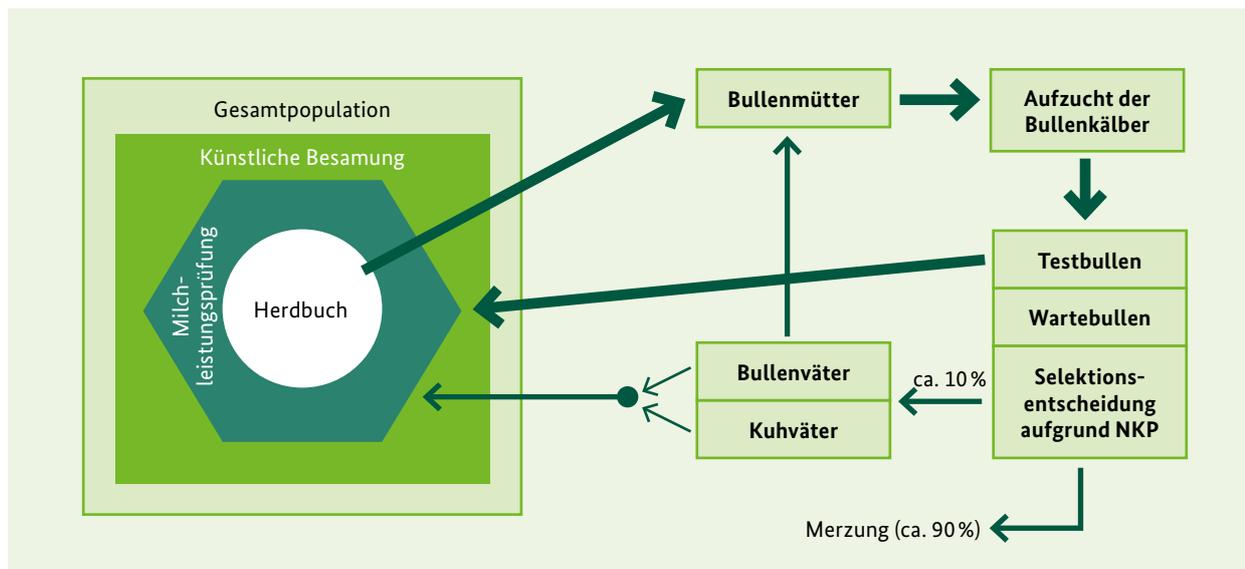
Die **phänotypische Standardabweichung** ist die Quadratwurzel aus der beobachtbaren insgesamt vorhandenen Varianz eines Merkmals.

Additiv-genetische Effekte sind diejenigen, welche im Mittel von Generation zu Generation weitergegeben werden können.

Die **additiv-genetische Standardabweichung** ist die Quadratwurzel aus der nicht beobachtbaren, aber anhand der Ähnlichkeit verwandter Individuen schätzbaren Varianz auf der additiv-genetischen Ebene.

Varianz ist eine biostatistische Maßzahl der Variation.

Abbildung 5: Schema eines Besamungszuchtprogramms mit Nachkommenprüfung

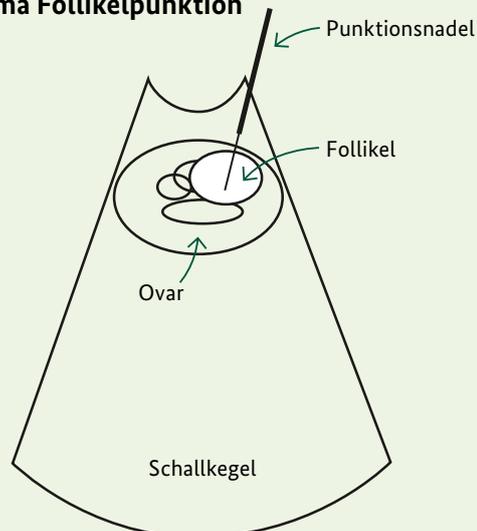


Das in Abbildung 5 dargestellte Schema war in der Zeit von 1950/1960 bis 2010 weltweit das vorherrschende Zuchtprogramm beim Milchrind. Ein großer Nachteil des Schemas ist die lange Wartezeit, die auf den Bullenpfaden nötig ist, die aber aufgrund der nötigen sicheren Töchterprüfung kaum wettgemacht werden kann. Ansätze zur Verbesserung ergaben sich aus der immer früheren Selektion weiblicher Tiere als Bullenmütter, mit dem das Generationsintervall verkürzt werden sollte. Auch der Embryotransfer bei der Anpaarung Bullenmutter x Bullenvater hatte zum Ziel, die Wartezeit zu verkürzen. Seit Mitte der 1980er Jahre bis heute liegen die Erfolgsraten im Mittel bei fünf bis sieben transfertauglichen Embryonen pro Spendertier und Spülung und drei bis vier lebend geborenen Nachkommen. So kann der Embryotransfer in einem Zuchtprogramm für Milchrinder lediglich sicherstellen, dass bei jeder Anpaarung Bullenmutter x Bullenvater ein lebendes männliches Kalb geboren wird. Dies ist der Grund, weshalb potentielle Testbullen für die künstliche Besamung heute eigentlich immer per Embryotransfer erzeugt werden. Der Einfluss des Embryotransfers auf den Zuchtfortschritt im gesamten Zuchtprogramm über alle Selektionspfade ist damit vergleichsweise gering. In modernen Embryotransfer-Programmen werden durch wiederholte Spülungen in Kombination mit der Ultraschall-geleiteten Oozytengewinnung (Follikelpunktion) und anschließender in vitro Befruchtung höhere Erfolgsraten erzielt.

Oozyten (Eizellen) können in verschiedenen Reifungsstadien aus den Ovarien gewonnen werden. Dafür stehen verschiedene Techniken zur Verfügung. Die Oozyten können bei lebenden Tieren mittels Laparoskopie oder mit der **Ovum Pick-Up Methode (OPU)**, auch „**transvaginal ultraschallgeleitete Follikelpunktion**“ genannt, gewonnen werden oder aus toten Tieren nach der Schlachtung.

Die Grundlagen für Zuchtprogramme wurden bereits in den 1940er Jahren durch die Arbeitsgruppe um Jay L. Lush in Ames, Iowa, USA, gelegt, die zunächst einen Selektionsindex entwickelte. Mit dem Selektionsindex kann ein mathematisch definiertes Zuchtziel mithilfe aller zur Verfügung stehenden Informationsquellen z. B. verwandter Individuen und korrelierter Merkmale berechnet werden. Die Kombination von Informationen zu einem einzigen Merkmal zwecks Schätzung des Zuchtwertes eines Tieres ist noch vergleichsweise einfach. Die Kombination von Informationen zu verschiedenen Merkmalen erfordert bereits eine vorherige Schätzung der phänotypischen und genetischen Zusammenhänge. Bei der Anwendung des Selektionsindex auf große Datenbestände mit unausgewogener Verteilung genetischer Effekte, wie z. B. verschiedene Väter, auf Umwelteffekte, wie

Schema Follikelpunktion



Schematische Darstellung der Ovum Pick-Up Methode.

z. B. verschiedene Herden, sind die Grenzen des Selektionsindexes allerdings erreicht.

Der Lush-Schüler C.R. Henderson entwickelte deshalb die BLUP-Methode zur Zuchtwertschätzung (BLUP = best, linear, unbiased prediction, zu Deutsch etwa beste, lineare, unverzerrte Vorhersage), mit der es möglich ist, unter Beibehaltung der Optimalitätskriterien des Selektionsindex genetische und umweltbedingte Effekte simultan und optimal zu schätzen. Die BLUP-Methode wurde fragmentarisch bereits in den vierziger Jahren des letzten Jahrhunderts von Henderson erarbeitet, für die Anwendung an großen Felddatenbeständen beim Milchrind allerdings erst anlässlich des Symposiums zu Ehren von J.L. Lush durch C.R. Henderson im Jahr 1972 (publiziert 1973) vorgestellt. Seit diesem Zeitpunkt begann der Siegeszug der BLUP-Methode zur Zuchtwertschätzung beim Milchrind und mit einer gewissen Verzögerung auch bei allen anderen Nutztierarten.

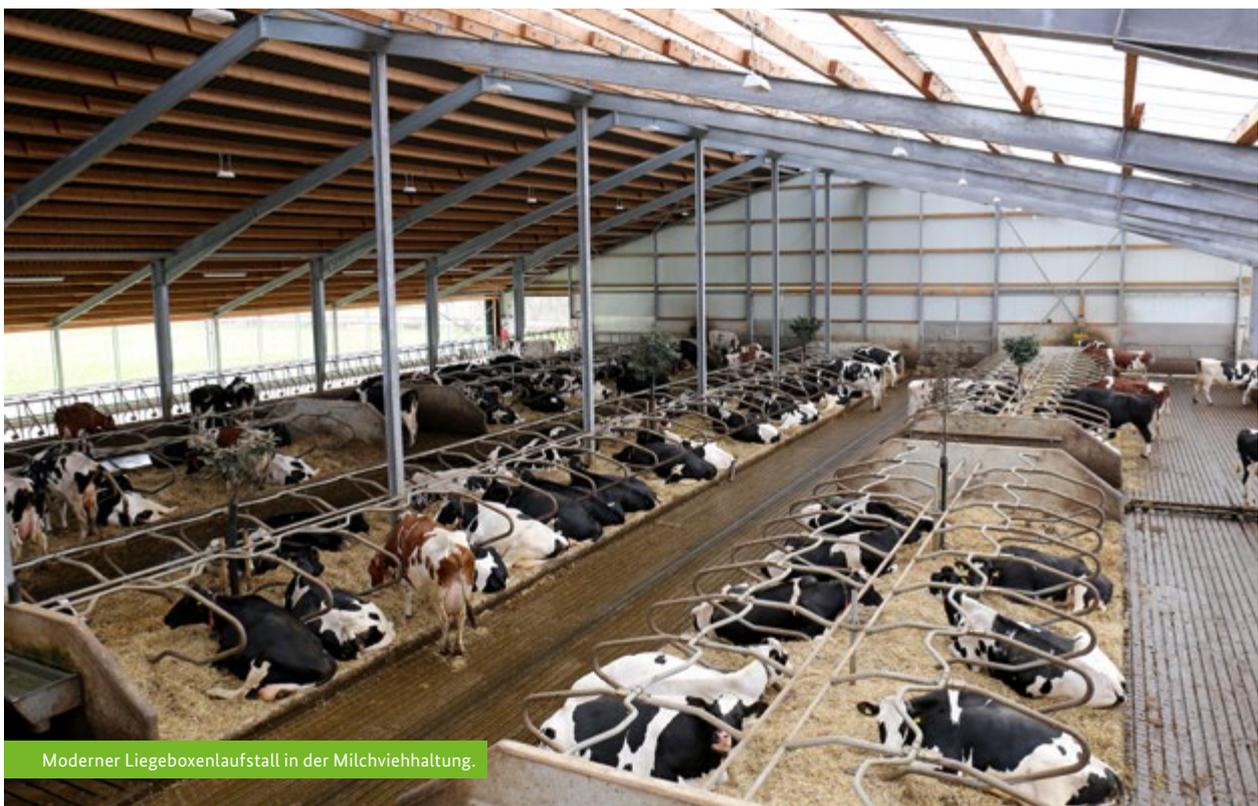
Deutschland gehörte zu den ersten Ländern, in denen die BLUP-Methode zur Zuchtwertschätzung beim Milchrind routinemäßig verwendet wurde. Diese Tatsache ist

insbesondere das Verdienst von J.A. Lederer, der bereits 1976 die BLUP-Methode zur Routine-Zuchtwertschätzung für Milchrindbullen in Niedersachsen einsetzte.

Die BLUP-Methode ist allerdings, insbesondere in ihren späteren Ausformungen in der Gestalt eines Tiermodells für mehrere Merkmale, bezüglich der nötigen Rechentechnik anspruchsvoll. Mathematisch lässt sich das vorliegende Problem auf die Lösung von Gleichungssystemen mit sehr vielen (z. B. Millionen) Unbekannten zusammenfassen. Tierzuchtwissenschaftler, die die Methode immer weiterentwickelten, sahen sich deshalb gezwungen, Ausflüge in das Wissensgebiet der angewandten Numerik innerhalb der Mathematik zu unternehmen, um immer bessere Algorithmen zur Lösung der Gleichungssysteme zu finden. Gleichzeitig war in den siebziger Jahren des vorigen Jahrhunderts die vorhandene Computerkapazität (Rechengeschwindigkeit, Speicherkapazität von Haupt- und Massenspeicher) häufig der limitierende Faktor. Dies hatte auch oft Kompromisse bei der Wahl des statistischen Modells zur Folge, die erst in neuerer Zeit wirklich überwunden werden konnten.

Beim **Tiermodell** wird in der Zuchtwertschätzung jedes Tier unabhängig von seinem Geschlecht und den zur Verfügung stehenden Leistungsdaten ganz individuell und unter Einbeziehung der verwandtschaftlichen Beziehungen mit anderen Tieren betrachtet.

Die Weiterentwicklung der Zuchtwertschätzung beim Milchrind war und ist immer ein Zusammenspiel von **Biotechnologie wie künstliche Besamung und Embryotransfer, populationsgenetischer Theorie und Rechnerkapazität**. Dies gilt im Übrigen auch bei allen anderen Nutztierarten.



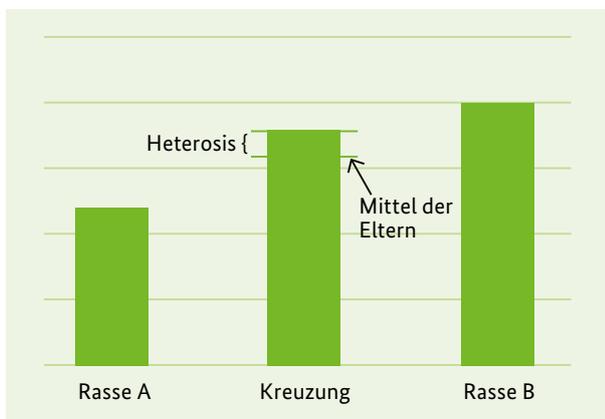
Moderner Liegeboxenlaufstall in der Milchviehhaltung.

3.2 Kreuzungszuchtprogramme am Beispiel Schwein und Geflügel

Aufgrund sich ändernder Zuchtziele kann eine Kreuzung von zwei oder mehr Rassen Vorteile haben, insbesondere wenn es um die Verwirklichung neuer Zuchtziele geht. Diese Motivation hatte und hat noch immer bei der Entstehung neuer Rassen eine große Bedeutung. Hingegen sollten bei einer Gebrauchskreuzung positive Eigenschaften aus den beiden Ausgangsrassen vereinigt werden; das Kreuzungstier wird dann aber nicht zur Weiterzucht verwendet.

In der Kreuzungszucht tritt das Phänomen der Heterosis auf. Heterosis bezeichnet die Abweichung des Durchschnitts des Nachkommens vom Mittel der Eltern. Derartige Phänomene sind bei Pflanzen und Tieren gleichermaßen zu beobachten. Der US-amerikanische Pflanzengenetiker George Harrison Shull prägte den Begriff schon 1914. Schematisch kann dies wie folgt dargestellt werden:

Abbildung 6: Schematische Darstellung von Heterosis als Abweichung der Nachkommenleistung vom Mittel der Eltern



Die Abweichung muss nicht immer positiv sein, jedoch werden überwiegend positive Schätzwerte in der Literatur gefunden. Eine Erklärung für das Phänomen Heterosis ist die heute allgemein akzeptierte Dominanzhypothese. Diese besagt, dass bei Heterozygotie und Dominanz an einem Genort das jeweils vorteilhafte und häufig dominante Allel den Phänotyp bestimmt. Ein möglichst hoher Heterozygotiegrad verstärkt daher die Ausprägung von Heterosiseffekten. Dies kann auch erklären, warum Inzucht nachteilig ist, da dann viele Genorte homozygot sind und das Phänomen der Heterosis dann am besten ausgeprägt ist, wenn Kreuzungen mit unterschiedlichen, separat gezüchteten Inzuchtlinien vorgenommen werden.

Die ursprünglich für die Pflanzenzucht beschriebenen Heterosiseffekte versuchte man auch in der Tierzucht zu erreichen. Es wurde aber schnell klar, dass in der Tierzucht kaum mit ähnlichen Heterosiseffekten wie in der Pflanzenzucht zu rechnen war. Dies war im Wesentlichen dadurch bedingt, dass die Züchtung von Inzuchtlinien bei Tieren sehr langwierig ist und auch mit einer Leistungsminderung einhergehen kann. Für viele Merkmale und manche Formen der Kreuzung wurden aber positive Heterosiseffekte beobachtet, die man auch in der Tierzucht nutzen konnte.

Die Entwicklung statistischer Modelle zur Modellierung von Inzucht, Reinzucht und Kreuzung brachte neue Erkenntnisse. So mussten nicht nur die auf nicht-additiver Genwirkung beruhenden Effekte, sondern auch die rein additiven Effekte, also die Summierung von Geneffekten verschiedener Linien in allgemeine und maternal und/oder paternal wirkende Effekte aufgeteilt werden. Mit dieser Aufteilung konnten dann auch Stellungseffekte definiert und erklärt werden. Der Stellungseffekt gibt an, ob eine Linie/Rasse besser als Vater- oder als Mutterrasse in einer Kreuzung verwendet wird. Diese Stellungseffekte begründen auch die getrennte Entwicklung von Vater- und Mutterrasse bei einem komplexen Zuchtziel mit darin enthaltenen, in antagonistischer Beziehung stehenden Teilkomplexen.

In der Schweinezucht kann man Stellungseffekte am folgenden Beispiel erklären: Die Rasse Pietrain ist besonders bekannt für einen hohen Fleischanteil und gute Futtermittelverwertung, weist aber Schwächen in den Merkmalen Ferkelzahlen, Tageszunahmen und Fleischqualität auf. Landrassen haben dem gegenüber höhere Ferkelzahlen, höhere Tageszunahmen und eine sehr gute Fleischqualität, allerdings bei weniger gutem Fleischanteil und schlechterer Futtermittelverwertung. In der Schweinezucht werden daher Vater- und Mutterrasse oder -linien gekreuzt. Ferkelerzeuger halten Mutterlinien und paaren mit Vaterlinien an, um Ferkel zu produzieren, die sich gut zur Mast eignen. In einem solchen Zuchtprogramm kann Heterosis genutzt werden. Bei Kreuzung von beispielsweise Landrasse und Edelschwein kann Heterosis auch schon bei der Entwicklung von Mutterlinien genutzt werden, insbesondere beim wichtigen Merkmal Ferkelzahl (lebend geborene bzw. abgesetzte Ferkel je Wurf). Die Erzeugung der Mastschweine geschieht dann wiederum durch eine Anpaarung mit einer Vaterrasse. Dieses Kreuzungsprogramm ist damit eine Drei-Rassen-Kreuzung.

Auch eine Vier-Rassen-Kreuzung wäre beim Schwein denkbar und wurde verschiedentlich bereits in praktischen Zuchtprogrammen ausgeführt. Aufgrund der extremen Überlegenheit der Rasse Pietrain im Fleischanteil ist es jedoch schwierig, eine weitere Vaterlinie zu entwickeln, die mit Pietrain konkurrenzfähig wäre. Aus der Sicht der



Ferkelerzeugung ist eine zusätzliche Robustheit der Vater- rasse auch weniger interessant, da die Eber in der Regel nicht auf dem eigenen Betrieb, sondern in einer auf die Eberhaltung spezialisierten Besamungsstation gehalten werden. Beim Geflügel wird Heterosis aber sowohl bei den Endprodukten als auch bei den Elterntieren genutzt und die Vier-Rassen-Kreuzung ist die Regel.

Insgesamt kann für die Schweinezucht festgehalten werden, dass die wichtigste Motivation zur Kreuzung die Nutzung von Stellungseffekten ist. Außerdem kann Heterosis bei

den Endprodukten oder im Fall der Drei-Rassen-Kreuzung zusätzlich bei den Sauen genutzt werden. Ein wichtiger Faktor bei der Entscheidung für ein Kreuzungsprogramm ist die biologisch bedingte Vermehrungsrate, da ein Zuchtunternehmen immer sowohl reine Linien als auch Kreuzungstiere (Sauen in der Vermehrungsstufe) halten muss. Bei einer vergleichsweise hohen Vermehrungsrate, wie sie beim Schwein und insbesondere bei Geflügel gegeben ist, kann die Haltung reiner Linien in der sogenannten Zuchtstufe klein ausfallen. Für die Produktion der Kreuzungseltern ist die Zwischenschaltung einer Vermehrungsstufe nötig.

In der Tierzucht versteht man unter **Populationen** in sich mehr oder weniger geschlossene Paarungsgemeinschaften, d.h. Gruppen von Tieren, die regelmäßig zu einem gemeinsamen Genpool beitragen. Mitglieder einer (Zucht-)Population sind daher enger verwandt als Mitglieder verschiedener Populationen. Besondere Populationen sind **Zuchtlinien** oder gar **Inzuchtlinien**, welche in Gebrauchskreuzungsprogrammen die genetischen Ressourcen darstellen.

Rassen sind im Gegensatz zu Populationen nicht ausschließlich genetisch, sondern geographisch, regional, morphologisch oder anderweitig definierte Tiergruppen einer Art. Rassen können Teile (Subpopulationen) einer oder Gemische mehrerer Populationen (synthetische oder veredelte Rassen) sein, die in der Regel aktiv züchterisch bearbeitet werden. Das Tierzuchtgesetz definiert ferner als **einheimische Rasse**:

- a) eine Rasse, für die aufgrund von in Deutschland vorhandenen Tierbeständen erstmals ein Zuchtbuch begründet wurde und seitdem oder, sofern die Begründung weiter zurückliegt, seit 1949 in Deutschland geführt wird; oder
- b) eine Rasse, für die ein Zuchtbuch nicht erstmals in Deutschland begründet wurde, aber nur noch in Deutschland ein Zuchtbuch geführt und ein Zuchtprogramm durchgeführt wird; oder
- c) eine Rasse, für die das Zuchtbuch nicht erstmals in Deutschland begründet wurde, aber für die mindestens seit 1949 aufgrund vorhandener Tierbestände in Deutschland ein Zuchtbuch geführt und ein eigenständiges Zuchtprogramm durchgeführt wird.



Vitale Ferkel – die Wurfgröße ist eine von vielen Parametern in der Zuchtwertschätzung.

Beim Geflügel wird mit Vier-Rassen-Kreuzungen Heterosis bei den Endprodukten und bei den Elterntieren genutzt.

Die wichtigsten Träger der Zuchtprogramme bei Schwein und Geflügel sind meist größere, zentral geführte Zuchtunternehmen. Dabei ergibt sich eine direkte Beziehung zwischen der Vermehrungsrate der Nutztierspezies und dem

Einfluss bzw. der Eigentümerschaft privater Gesellschaften: Je kleiner die Zuchtstufe sein kann, desto eher ist es möglich, als privates Unternehmen in die Zucht einzusteigen. Die Marktanbieter für Sauengenetik auf dem deutschen Markt sind teils genossenschaftlich organisiert und teils in privater Hand. Die Geflügelzucht ist überwiegend in der Hand weniger großer Zuchtunternehmen, die global operieren.

3.3 Nutzung molekulargenetischer Methoden in der Tierzucht

3.3.1 Allgemeines

Bereits in den neunziger Jahren des vorigen Jahrhunderts wurden molekulargenetische Erkenntnisse in der Tierzucht aufgegriffen und insbesondere zur Diagnostik z. B. von Erbfehlern angewendet. Insgesamt haben sich folgende Anwendungsfelder für molekulargenetische Methoden in der Tierzucht ergeben:

- » zur Identitätsprüfung und Abstammungskontrolle,
 - » zur Geschlechtsbestimmung bei Embryonen in Embryotransferprogrammen; das Ergebnis der Geschlechtsbestimmung entscheidet, ob der Embryo direkt auf ein Empfängertier übertragen oder zunächst tiefgefroren gelagert werden soll,
 - » zur Zuchtwahl bei qualitativen Merkmalen, die nur von einem oder wenigen Genen determiniert werden; Beispiele sind alle bereits identifizierten kausalen Mutationen bzw. auch indirekt über flankierende Marker
- identifizierbaren Genotypen: Erbdefekte, Qualitätsmerkmale (bestimmte Inhaltsstoffe im tierischen Produkt), Fellfarbe, etc; die Rolle der Molekulargenetik liegt hierbei vornehmlich in der präzisen und frühzeitigen Diagnostik; hervorzuheben ist, dass bei rezessiv vererbten Erbdefekten nicht nur die betroffenen Merkmalsträger, sondern auch die phänotypisch gesunden Anlagetragger identifiziert werden können,
- » zur Zuchtwahl bei quantitativen Merkmalen mit kontinuierlicher Variation und genetischer Determinierung durch sehr viele Gene mit überwiegend kleinen Effekten; dies ist die wichtigste Rolle der Molekulargenetik in der Tierzucht, da sie sich weit überwiegend mit kontinuierlich oder in Schwellen variierenden Merkmalen befasst (Leistung im eigentlichen Produkt, Fruchtbarkeit, Langlebigkeit, Krankheitsanfälligkeit); jede Art einer molekular bestimmbar Vielgestaltigkeit (Polymorphismus) auf der DNA kann als Marker dienen, wobei je Individuum jeweils mehrere, wenn nicht viele, Markerinformationen kombiniert werden müssen.



Polymerase-Ketten-Reaktion (PCR) ist die wichtigste Labormethode zur Untersuchung der molekularen Feinstruktur der Erbsubstanz.

Die vorgenannten vier Felder berücksichtigen insbesondere die molekulargenetische Diagnostik.

In den neunziger Jahren des letzten und in der ersten Dekade dieses Jahrhunderts wurden zahlreiche Studien auf der Basis von Mikrosatelliten-Markern durchgeführt. Die Erfolge in der Identifikation wichtiger chromosomaler Bereiche und einen Phänotyp mitbestimmender Gene einerseits sowie ihre Verwendung als Hilfsmittel in der Selektion andererseits blieben aber begrenzt. Die herausragende Erfolgsgeschichte ist die Entdeckung der Varianten des DGAT1-Gens auf Chromosom 14 des Rindes, welche starke Effekte auf den Fettgehalt und die Milchmenge aufweisen.

Der begrenzte Erfolg der Analysen und der daraus abgeleiteten Methoden zur Selektion auf der Basis von Mikrosatelliten war letztendlich zurückzuführen auf die vergleichsweise geringe Abdeckung des Genoms bei relativ hohen Kosten je Genotypisierung für einen einzigen Mikrosatelliten. Vor allem groß angelegte Studien verwendeten meist bis zu 300 Mikrosatelliten je Tier. Bei einem Chromosomensatz des Rindes von 29 x 2 plus X- und Y-Chromosom wurden also bei gleichmäßiger Abdeckung rund 10 Punkte auf jedem Chromosom bestimmt. Bei einer mittleren Länge eines Chromosoms in der Größenordnung von 100 Millionen Basenpaaren verbleiben in diesem Beispiel durch eine Bestimmung von Mikrosatelliten Zwischen-Intervalle mit einer Länge von rund 10 Millionen Basenpaaren. Die Wahrscheinlichkeit für eine Weitergabe einer Variante innerhalb eines Gens zusammen mit einer durch Mikrosatelliten identifizierten Variante aus dem nicht-kodierenden Bereich in der Nähe war auch aufgrund eines möglichen Crossing-Overs in der Meiose nicht immer gegeben.

3.3.2 Genomische Selektion auf der Basis von SNP-Markern

Der weit überwiegende Teil des Genoms, also des Gesamtbestandes an Basenpaaren in der DNA, ist innerhalb einer Spezies für alle Individuen gleich und weist auch kaum Variabilität auf. Aus der heute möglichen Sequenzierung ganzer Genome weiß man, dass je nach untersuchter Population beim Rind beispielsweise zwischen rund 6 bis 10 Millionen Punkte existieren, welche eine Variation zeigen, an der also eine Base gegen eine andere getauscht wurde. Diese Millionen Punkte aber sind die Hauptquelle genetischer Variation. Vergleicht man die Gesamtlänge des Genoms, beim Rind ist es rund 3 Milliarden Basenpaare lang, mit der angegebenen Zahl der überhaupt variierenden Punkte, so wird deutlich, dass nur eine vergleichsweise kleine Zahl von Punkten existiert, an denen überhaupt Variation existiert. Diese Varianten in Form von single nucleotide polymorphism (SNP, zu Deutsch etwa Einzelnukleotid-Polymorphismus) mit dem Austausch einzelner Basen in der DNA lassen sich heute mit sogenannten SNP-Chips auszugsweise bestimmen. Dazu bedarf es einer DNA-Probe, die mit fluoreszierendem Farbstoff behandelt worden ist. Die so behandelte Probe wird auf das nur wenige Millimeter große Untersuchungsfeld (Chip) gegeben, wo sich die DNA aus der Probe an sehr kurze komplementäre Fragmente künstlicher DNA auf dem Chip anlagern kann. Die sich daraus ergebenden Farbwerte können anschließend per Rechner in Allele der SNP übersetzt werden und bilden damit die auswertbaren genomischen Daten. In der Genetik wird mittlerweile eine Fülle verschiedener Chips verwendet, beim Rind beispielsweise mit 10.000, 54.000 oder 777.000 SNP, kurz als 10-K-, 54-K- und 777-K-Chips bezeichnet. Umgerechnet auf die Anzahl SNP je Chromosom bedeutet dies beim Rind beispielsweise eine Bestimmung von rund 1.500 bis 1.700 SNP je Chromosom. Verglichen mit der Technologie der Mikrosatelliten ergibt sich damit eine Abdeckung des Chromosoms in der Größenordnung von 1.500 : 10 und ein Abstand der ungefähr gleichmäßig angeordneten SNP auf jedem Chromosom untereinander in der Größenordnung von 50.000 bis 70.000 Basenpaaren. Dies wiederum kann man in Relation zur Größe von Genen setzen, die sehr unterschiedlich sein kann: ein Gen kann nur wenige Hundert Basenpaare, aber auch deutlich mehr als 100.000 Basenpaare umfassen.

Eine andere wichtige Größe ist die Häufigkeit einer Rekombination zwischen den homologen Chromosomen durch Crossing-Over während der Meiose. Diese beträgt circa 1 je homologen Chromosomenpaar. Die Wahrscheinlichkeit für eine Neu-Kombination zwischen zwei benachbarten SNP je Chromosom liegt bei 1.500 SNP je Chromosom für jedes einzelne Paar von SNP bzw. mehrere benachbarte SNP, ist also sehr gering. Folglich werden SNP, auch wenn sie im DNA-Bereich zwischen den Genen liegen, mit einer sehr großen Wahrscheinlichkeit auch gemeinsam mit den benachbarten SNP und damit auch mit Varianten der benachbarten Gene zusammen vererbt. Eine statistisch nachgewiesene Assoziation von SNP mit einem Phänotyp weist also sehr deutlich

auf die Beteiligung eines in der Nähe vorhandenen Gens bei der Ausprägung dieses Phänotyps hin. Dabei ist gleich, ob SNP innerhalb von Genen oder zwischen Genen liegt.

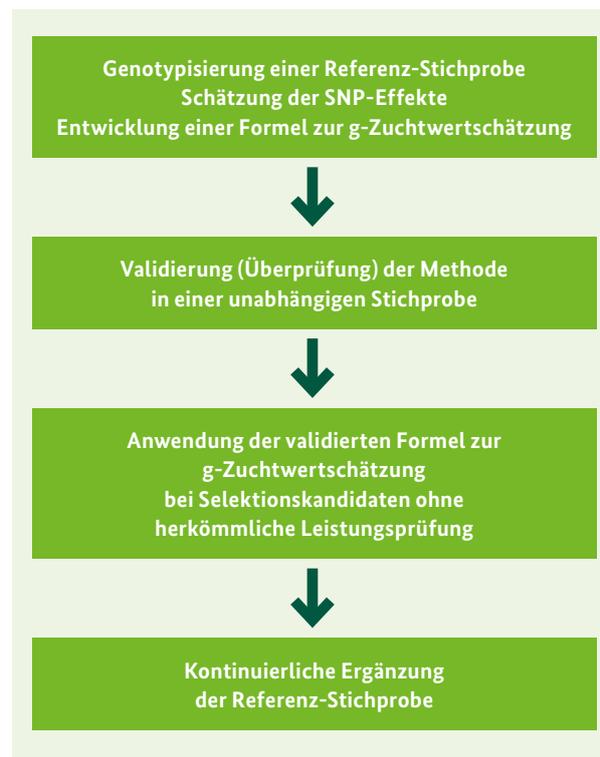
Im Jahr 2001, lange vor der kommerziellen Verfügbarkeit von SNP-Chips, publizierten Meuwissen, Hayes und Goddard eine Simulationsstudie, mit der sie Machbarkeit und erfolgreiche Anwendung einer genomischen Zuchtwertschätzung demonstrieren konnten. Dafür muss das Genom eines Tieres engmaschig dargestellt werden (wie oben beschrieben) und der Phänotyp des Tieres gut charakterisiert sein. Wenn man dann viele Tiere derart untersucht (phänotypisiert und genotypisiert), kann daraus eine Formel entwickelt werden, mit der die Zuchteffekte hinsichtlich des jeweiligen Phänotyps für jede polymorphe Stelle im Genom geschätzt werden können. Mithilfe dieser Formel könnten dann, nach erfolgter Validierung, auch genomisch-basierte Zuchtwerte für Tiere geschätzt werden, die keinen Phänotyp aufweisen. In der von Meuwissen et al. vorgestellten Simulationsstudie ergaben sich Sicherheiten der genomischen Zuchtwertschätzung von über 80%.

Der Ablauf der genomischen Zuchtwertschätzung und Selektion ist in Abbildung 7 dargestellt. Zunächst wird aus Tieren mit ausreichenden Informationen zu Genotyp und Phänotyp eine so genannte Lernstichprobe erstellt. Die Lernstichprobe sollte eine Zufallsstichprobe aus der aktuellen Population sein. In einem Milchrinderzuchtprogramm kann dies durch die systematische Beprobung ganzer Herden sichergestellt werden. Die Lernstichprobe wird deshalb so bezeichnet, weil der Versuchsansteller durch die Auswertung der Daten lernt, welche chromosomalen Regionen welche Bedeutung haben und daraus eine Formel zur genomischen Zuchtwertschätzung erarbeiten kann. Die Formel wird anschließend bei Individuen, für die ebenfalls ausreichende Informationen zu Genotyp und Phänotyp vorliegen, getestet. Nach erfolgreicher Validierung kann die Formel bei den Selektionskandidaten angewendet werden, für die noch keine Informationen zum Phänotyp vorliegen, beispielsweise bei noch sehr jungen Tieren. Auch Embryonen kommen als Selektionskandidaten in Frage, da ja lediglich DNA verfügbar muss, um damit einen genomischen Zuchtwert zu schätzen. Um die Sicherheit der Aussage immer weiter zu erhöhen, ist es erforderlich, die Lernstichprobe immer weiter mit Tieren, für die Informationen zum Genotyp und Phänotyp vorliegen, zu ergänzen. So kann sichergestellt werden, dass die Lernstichprobe immer die aktuelle Population abbildet.

Die beiden wichtigsten Teilschritte des dargestellten Ablaufes sind 1. die Zusammenstellung der Referenzstichprobe mit Schätzung der SNP-Effekte und 2. die Schätzung von genomischen Zuchtwerten für junge Selektionskandidaten. Die vorgestellte Variante der genomischen Zuchtwertschätzung und Selektion wird deshalb als 2-Schritt-Verfahren bezeichnet.

Eine andere Variante der genomischen Zuchtwertschätzung geht von der Grundidee der Tierzucht aus, dass verwandte Tiere sich ähnlicher sind als unverwandte Tiere.

Abbildung 7: Schema der genomischen Selektion



Dieser Grundgedanke ist bereits in der konventionellen BLUP-Zuchtwertschätzung enthalten, bei der im Schätzmodell Verwandtschaft definiert und eine Verwandtschaftsmatrix berücksichtigt wird. Die Verwandtschaftsmatrix wird dabei nach populationsgenetischen Regeln aufgestellt, welche für jedes Individuum die von den Eltern erhaltenen Genanteile zu je 50% widerspiegeln. Komplexere Verwandtschaftsverhältnisse können dann aus dieser Grundannahme abgeleitet werden, zum Beispiel ist der Verwandtschaftsgrad vom Tier zu den Großeltern 25% oder vom Tier zum Halbgeschwister auch 25%. Aufgrund der Zufälligkeiten in der Vererbung gelten diese Verwandtschaftskoeffizienten jedoch exakt nur für Eltern und Nachkommen, für alle anderen Verwandtschaftsverhältnisse sind es Durchschnittswerte. Durch die Information über beispielsweise 54.000 SNP ist jedes Individuum eigentlich hinreichend genau charakterisiert; es ist also bekannt, welche Varianten chromosomaler Regionen vorhanden sind. Die SNP-Information ist deshalb für eine exakte Identifikation und Abstammungskontrolle geeignet. So lassen sich auch die genomischen Informationen von jeweils zwei Tieren genau vergleichen: es kann regelrecht ausgezählt werden, wie häufig dieselben Varianten sind und wie häufig Unterschiede bestehen. Wenn man dies nun für alle genotypisierten Tiere durchführt, so kann man daraus eine exakte genomische Verwandtschaftsmatrix erstellen, die direkt in der BLUP-Zuchtwertschätzung verwendet werden kann. In einem einzigen Schritt können dann BLUP-Zuchtwerte für Tiere mit Informationen zum Genotyp und Phänotyp zusammen mit Tieren, für die lediglich der Genotyp bekannt ist, geschätzt werden. Auch die Einbeziehung von Tieren, für die umgekehrt lediglich der Phänotyp bekannt ist, ist möglich. Die beiden oben genannten



Hauptschritte der genomischen Zuchtwertschätzung und Selektion, die Erarbeitung der Formel in der Lernstichprobe und die Anwendung bei Selektionskandidaten werden so zu einem einzigen Schritt zusammengefasst. Das Verfahren wird deshalb als 1-Schritt-Verfahren bezeichnet.

Die wichtigste Einflussgröße auf die Genauigkeit der genomischen Zuchtwertschätzung ist die Größe der Lernstichprobe. Daneben ist auch die Erblichkeit des jeweils betrachteten Merkmals von entscheidender Bedeutung. Je mehr Tiere mit ausreichenden Informationen zu Genotyp und Phänotyp zur Verfügung stehen und je höher die Heritabilität, desto besser ist auch die Genauigkeit der genomischen Zuchtwertschätzung. Eine Formel zur Vorausschätzung der Genauigkeit der genomischen Zuchtwertschätzung wurde von Goddard 2009 publiziert. Wenn statt einzelner genotypisierter Tiere mit je einem Phänotyp Vatertiere verwendet werden, die viele Nachkommen haben, lässt sich je Vatertier ein korrigierter Durchschnitt aus vielen Nachkommen errechnen. Die Zahl der benötigten Tiere für die Lernstichprobe kann dann vermindert werden. Umgekehrt betrachtet bedeutet dies, dass bezüglich der Genauigkeit der genomischen Zuchtwertschätzung ein Bulle mit vielen, idealerweise über 100 Nachkommen, in der Lernstichprobe durch fünf bis zehn Kühe mit je einem Phänotypwert ersetzt werden kann.

Die Kosten für die Genotypisierung sind in den letzten Jahren stark gefallen und die Zuchtbulln selbst schon scharf auf der Basis genomischer Zuchtwerte selektiert worden. Die Tendenz geht heute dahin, Lernstichproben aus möglichst unselektierten Kühen der aktuellen Population zusammenzustellen, auch wenn die Zahl der Genotypisierungen dazu um den Faktor fünf bis zehn höher sein muss.

Das Potential der genomischen Zuchtwertschätzung für die Milchrinderzucht wurde bereits im Jahr 2006 von L.R. Schaeffer erkannt. Mit Hilfe der Genomischen Selektion

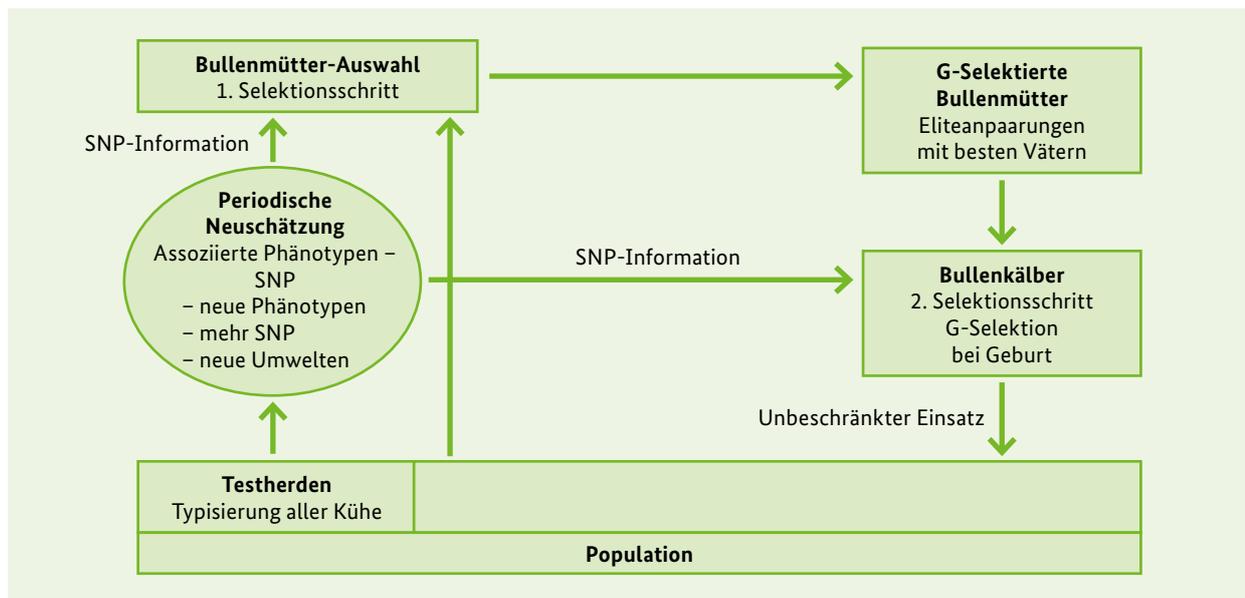
kann der Zuchtfortschritt nahezu verdoppelt werden, im Wesentlichen bedingt durch die starke Verkürzung des Generationsintervalls (Abbildung 4). Unter genomischer Selektion können Entscheidungen über ein potentiell Zuchttier bereits unmittelbar nach der Geburt getroffen werden. Auch auf der Kostenseite errechnete Schaeffer beträchtliche Vorteile, da die sehr aufwändige Haltung der Wartebullen über fast vier Jahre vollständig eingespart werden kann. Aufgrund der genomischen Zuchtwerte können Bullen für die künstliche Besamung gleich als Einjährige eingesetzt werden.

Swalve und König ergänzten das von Schaeffer vorgestellte Zuchtprogramm 2007 um den Gedanken, dass Lernstichproben nicht aus Bullen, sondern aus genotypisierten Kühen in sogenannten Testherden gebildet werden sollten (Abbildung 8). In den Testherden werden neben den standardmäßig erfassten Merkmalen in der Milchrinderzucht wie Milch, Zellzahl, Exterieur, Kalbung, Besamungserfolg, etc. auch weitere Merkmale, insbesondere der Gesundheit, erhoben und dokumentiert. Diese weiteren Merkmale lassen sich im Sinne einer genomischen Zuchtwertschätzung auswerten. Im April 2019 wurde das skizzierte Zuchtprogramm für die Rasse Holstein in Deutschland in die Praxis umgesetzt. Die Grundlagen dafür wurden mit dem Genotypisierungsprojekt *KuhVision*¹ (Kapitel 4.2.3) und der Lieferung von zusätzlichen Daten der beteiligten Betrieben beispielsweise zur Gesundheit der Tiere gelegt.

Die Verwendung von neuen, innovativen Phänotypen ist nicht auf die Verwendung dokumentierter Gesundheits- oder Krankheitsereignisse beschränkt. Wenn sich genügend milchviehhaltende Betriebe mit Genotypisierung der ganzen Herde beteiligen, könnte jede Art von Biomarker, die automatisch in der Milch gemessen werden kann, für die genomische Zuchtwertschätzung ausgewertet werden.

¹ <https://rinderallianz.de/service/kuhvision/>

Abbildung 8: Zuchtprogramm für Milchrinder mit genomischer Selektion und Kuhlernstichprobe (Swalve und König, 2007).



Die Verbindung von Kuh-Lernstichproben und die Sammlung neuer Phänotypen ist kostengünstig. Beispielsweise könnte eine Lernstichprobe aus 30.000 Bullen mit sicherer Nachkommenprüfung durch eine Stichprobe von 150.000 Kühen ersetzt werden. Die Genotypisierungskosten wären dabei zunächst höher. Für eine Lernstichprobe von 30.000 Bullen müsste jedoch eine Infrastruktur für die Sammlung neuer Phänotypen in der Größenordnung von mindestens drei Millionen Kühen aus 30.000 Bullen und 100 Töchtern je Bulle aufgebaut werden. Die Kosten wären enorm hoch und kaum zu decken. Für die Kuh-Lernstichprobe reichen hingegen 150.000 Kühe aus. Ganz allgemein gilt die Schlussfolgerung, dass nicht mehr die Kosten für die Genotypisierung der begrenzende Faktor sind, sondern die Kosten für (zusätzliche) Leistungsprüfungen.

Mittlerweile kann das Genom eines Tieres nicht mehr nur durch die Verwendung von SNP-Chips, sondern auch durch eine vollständige Sequenzierung des Genoms charakterisiert werden. In kleineren wissenschaftlichen Experimenten ist dies bereits eindrucksvoll demonstriert worden. Die Genotypisierung durch Sequenzierung großer Stichproben von Tieren ist momentan jedoch noch zu kostenintensiv, um beispielsweise große Lernstichproben einzelner Tiere zu umfassen. Vorteile einer Sequenzierung des Gesamtgenoms je Tier wären insbesondere, dass nicht nur alle SNP je Tier bestimmbar wären, sondern auch Quellen für genetische Variation, die nicht SNP-bedingt sind, wie beispielsweise Insertionen, Deletionen oder Duplikationen, erschlossen werden könnten. Bisherige Studien zur genomischen Zuchtwertschätzung haben allerdings ergeben, dass sich für die praktische Tierzucht nur geringe Verbesserungen der Genauigkeit der genomischen Vorhersage ergeben würden. Der Grund hierfür ist vornehmlich, dass die Abdeckung des Genoms über beispielsweise einen 54-K-Chip bereits weitestgehend ausreicht, um Effekte nahezu aller chromosomaler Regionen statistisch schätzen zu können.

Sehr dichte SNP-Chips bzw. die Sequenzierung ganzer Genome haben derzeit vornehmlich ihren Platz in der Forschung, bei der es darum geht, kausale Mutationen einzelner Gene präzise zu identifizieren. Dies trägt zum Verstehen der Auswirkungen genetisch bedingter Variation bei. Derartige Erkenntnisse, insbesondere auch solche über die Netzwerkorganisation von Genen, werden sich zukünftig auch verstärkt in der Zucht umsetzen lassen.

Weitere Möglichkeiten der Umsetzung von Erkenntnissen aus Daten, die per SNP-Chip gewonnen werden, sind zunächst die Möglichkeiten der Zuchtwertschätzung in Tierpopulationen, für die keinerlei Abstammungsdaten vorliegen. Die Notwendigkeit von Abstammungsdaten ist durch die Möglichkeit der Aufstellung von genomisch direkt berechneter Verwandtschaftsmatrizen überflüssig geworden. Erste Arbeiten hierzu liegen bereits aus Entwicklungsländern vor, in denen die Erfassung von Abstammungsdaten nie eingeführt wurde. Ein weiterer Vorteil der genomischen Selektion ist, dass die Abstammungskontrolle in bereits hinsichtlich der Abstammung erfassten Populationen quasi automatisch mit erledigt werden kann. Ferner kann die Häufigkeit der Anlageträger bereits erkannter Erbdefekte evaluiert und auch neue Erbdefekte viel schneller identifiziert und charakterisiert werden.

Die vorgenannten Zusammenhänge zur genomischen Zuchtwertschätzung und Selektion bezogen sich überwiegend auf die Erkenntnisse aus der Milchrinderzucht. Aufgrund ihrer Struktur mit vergleichsweise wenigen, zentral gehaltenen Vatertieren und umfangreichen Leistungsprüfungen im Feld war sie für eine Einführung molekularer Methoden geradezu wie geschaffen. Grundsätzlich kann und wird die genomische Selektion jedoch heute bei jeder wichtigen

Nutztierspezies angewendet. Ein Vergleich von Rind und Schwein zeigt jedoch, weshalb die methodische Entwicklung vornehmlich auf Ergebnissen aus der Milchrinderzucht fußt. Beim Schwein sind die Zuchtstufen der reinen Linien relativ klein, damit sind auch die möglichen Lernstichproben aus genotypisierten und phänotypisierten Tieren vergleichsweise klein. Somit ist die erzielbare Genauigkeit der genomischen Zuchtwertschätzung geringer als in der Zucht der am weitesten verbreiteten Milchrinderrassen. Weiter sind die Generationsintervalle auf den verschiedenen Pfaden der Selektion deutlich niedriger als beim Rind. Der große Vorteil der möglichen, sehr frühen Selektionsentscheidungen aufgrund genomischer Zuchtwerte fällt damit weniger ins Gewicht. Trotz dieser grundlegenden Einschränkungen sind genomische Zuchtwertschätzung und Selektion in einem Zuchtprogramm jedoch auch beim Schwein und anderen Nutztierarten lohnenswert.

3.3.3 Neue Entwicklungen: Gene Editing und Precision Breeding von Heiner Niemann & Hermann Swalve

Die Entwicklung der Grundlagen heutiger Zuchtprogramme ist in den obigen Abschnitten kurz dargestellt worden. Hier werden deshalb nur neue Entwicklungen genannt, die das Potential haben, die Zucht landwirtschaftlicher Nutztiere zukünftig zur verbessern, insbesondere in Richtung einer zielgenauen diversifizierten, nachhaltigen und damit gesellschaftlich akzeptierten Tierzucht (precision breeding).

Schon 2008 veröffentlichten Flint und Woolliams das Konzept der **Präzisionstierzüchtung** (im Englischen „**Precision Animal Breeding**“). In ihrem Beitrag formulieren sie eingangs die Verantwortung gegenüber der in menschlicher Obhut lebenden Tiere. In diesem Sinne soll der von ihnen geprägte Begriff der Präzisionstierzüchtung gleichermaßen beinhalten und dazu beitragen,

- » die Genauigkeit, mit der Zuchtergebnisse vorhergesagt werden, zu verbessern;
- » die Einführung und Weiterentwicklung von Merkmalen zu vermeiden, die dem Wohlbefinden abträglich sind;
- » und die genetischen Ressourcen und die Vielfalt zwischen und innerhalb der Populationen gemäß dem Übereinkommen über die Biologische Vielfalt zu berücksichtigen.

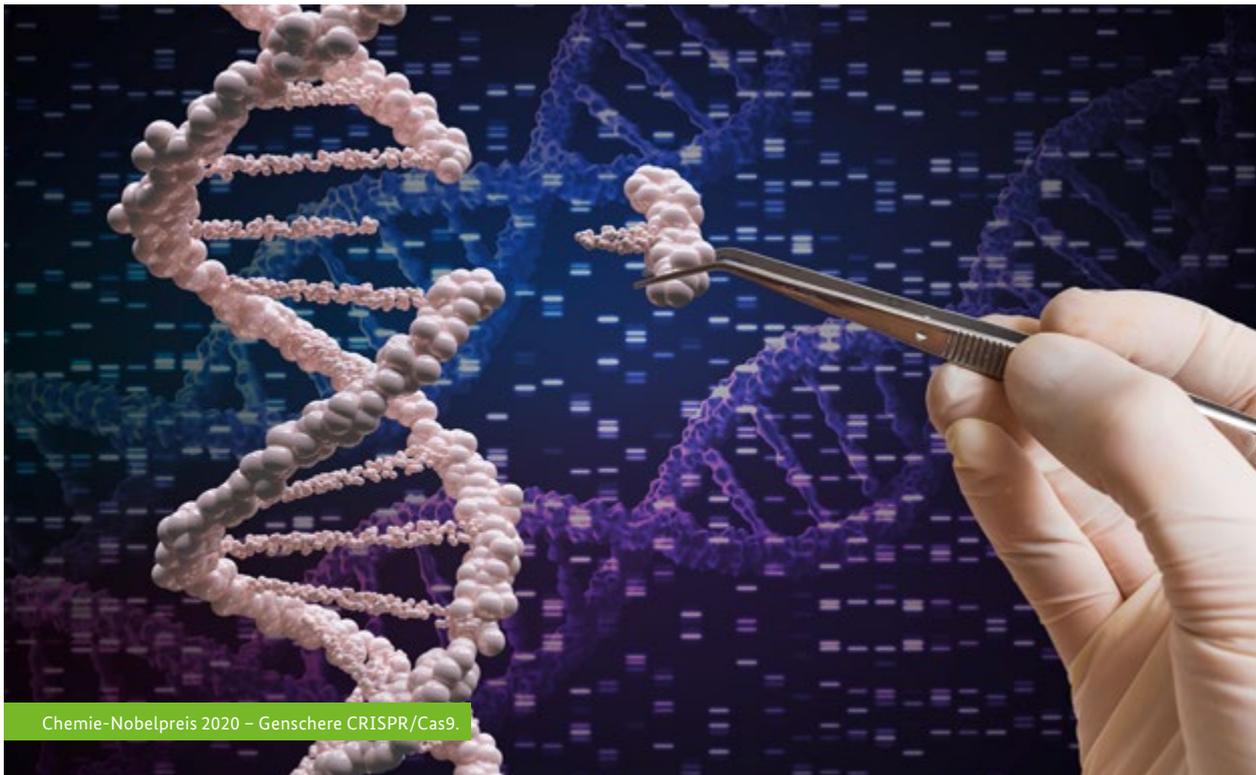
Bisher war es kaum möglich, Nutztiere mit zielgenauen genetischen Veränderungen zu züchten. Diese Situation hat sich in den letzten Jahren mit der Entwicklung von DNA-Nukleasen, wie Zinkfinger Nukleasen (ZFNs), Transcription-activator like endonucleases (TALEN) oder Clustered

Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats (CRISPR/Cas) deutlich verbessert. Damit sind Basenpaar-genaue genetische Modifikationen auch beim Nutztier mit hoher Effizienz möglich geworden. Diese Variante der genetischen Veränderung wird auch als Gene Editing bezeichnet, im deutschen Sprachgebrauch auch Genomeditierung.

3.3.3.1 Grundlagen des Gene Editings

Die DNA-Nukleasen sind molekulare Scheren, die meist aus einer Teilungsdomäne und einer DNA-Bindungsdomäne bestehen und die so angelegt werden können, dass sie im Prinzip jede DNA-Sequenz hoch spezifisch binden. Die Mutation der Ziel-DNA geschieht bei ZFNs und TALEN über die Aktivität des Enzyms Fok1, beim CRISPR/Cas System im Wesentlichen über die Endonuklease Cas9. Alle drei Systeme führen zu zielgenauen genetischen Veränderungen, indem sie die Mutationsrate der DNA durch eine gesteigerte Rate an Doppelstrangbrüchen an vorbestimmten genomischen Stellen signifikant erhöhen. Die genetischen Veränderungen werden nach der Induktion des Doppelstrangbruchs im Wesentlichen über die einsetzenden Reparaturmechanismen, wie Non-homologous endjoining (NHEJ) oder Homology directed repair (HDR) ausgelöst. In Abhängigkeit vom Umfang der DNA-Mutationen kommt es zu Veränderungen des Leserahmens (Sequenzbereich zwischen einem Startcodon und dem ersten Stopcodon im gleichen Leseraster eines Gens) bis hin zum Funktionsverlust des Zielgens. Durch entsprechende Selektion auf die verschiedenen Ergebnisse der DNA-Reparatur kann entweder der Knockout eines Gens, also das Abschalten des Gens oder der zielgenaue Einbau eines neuen Gens durch Mechanismen der homologen Rekombination erreicht werden. Auch genetische Modifikationen wie die Induktion von Polymorphismen (SNPs) – eine Basenpaar-genaue Veränderung oder die Reparatur von Erbfehlern – sind mit Hilfe von DNA-Nukleasen möglich.

DNA-Nukleasen sind in zahlreichen unterschiedlichen Organismen wie Insekten, Amphibien, Pflanzen, Nematoden und Säugern einschließlich Mensch erfolgreich eingesetzt worden. Im Gegensatz zu ZFNs und TALENs nutzt das CRISPR/Cas9 System die RNA, um spezifische DNA-Abschnitte zu erkennen und zu schneiden. CRISPR/CAS9 kann sogar gleichzeitig mehrere genomische Stellen mit hoher Präzision modifizieren und scheint damit den ZFNs und TALENs überlegen zu sein. Die neuen, synthetisch hergestellten molekularen Scheren wie ZFNs, TALENs und CRISPR/CAS9 können entweder direkt per Injektion in die Zielzellen wie Oozyten oder frühe Embryonen oder über Transfektion in somatische Zellen eingebracht werden, wo sie zu den gewünschten genetischen Mutationen führen. Die mutierten Zellen müssen dann im somatischen Kerntransfer eingesetzt werden und die daraus resultierenden geklonten Embryonen können nach Transfer in Empfängertiere zu Nachkommen mit dem gewünschten Genotyp führen. Ein Vorteil des Klonansatzes ist, dass auf der zellulären Ebene vorab die gewünschte genetische Modifikation identifiziert und die Zellen entsprechend selektiert werden können. So ist die Wahrscheinlichkeit,



Chemie-Nobelpreis 2020 – Genschere CRISPR/Cas9.

relativ zeitnah ein Tier mit der gewünschten genetischen Modifikation zu erstellen höher, als mit der Injektionsmethode. Gleichzeitig besteht die Möglichkeit, in einem Ansatz Tiere mit einem bi-allelichen Knockout zu erstellen.

Der erfolgreiche Einsatz von DNA-Nukleasen ist an eine Reihe von wichtigen Voraussetzungen gebunden. Besonders bedeutsam ist ein höchstmöglicher Grad an Spezifität für die gewünschte Zielsequenz. Es muss sichergestellt sein, dass Mutationen der DNA, die nicht die Ziel-DNA betreffen, ausgeschlossen sind. Diese Mutationen können mit Hilfe von speziellen Algorithmen identifiziert und ihr Vorhandensein kann molekulargenetisch geprüft werden. Auch über vollständige Genomsequenzierung könnten mögliche ungewollte Mutationen detektiert werden. Alle bisherigen Arbeiten haben ergeben, dass sowohl bei ZFNs, TALENs und CRISPR/CAS9 nur ein sehr geringer Anteil an Off-target Mutationen (zu Deutsch etwa ungewollt eingeführte Mutationen) zu erwarten ist. Die verschiedenen Nuklease Systeme haben bestimmte Vor- und Nachteile. Die Selektion einer DNA-Nuklease für einen spezifischen Zweck sollte deshalb in Abhängigkeit von der gewünschten Fragestellung erfolgen.

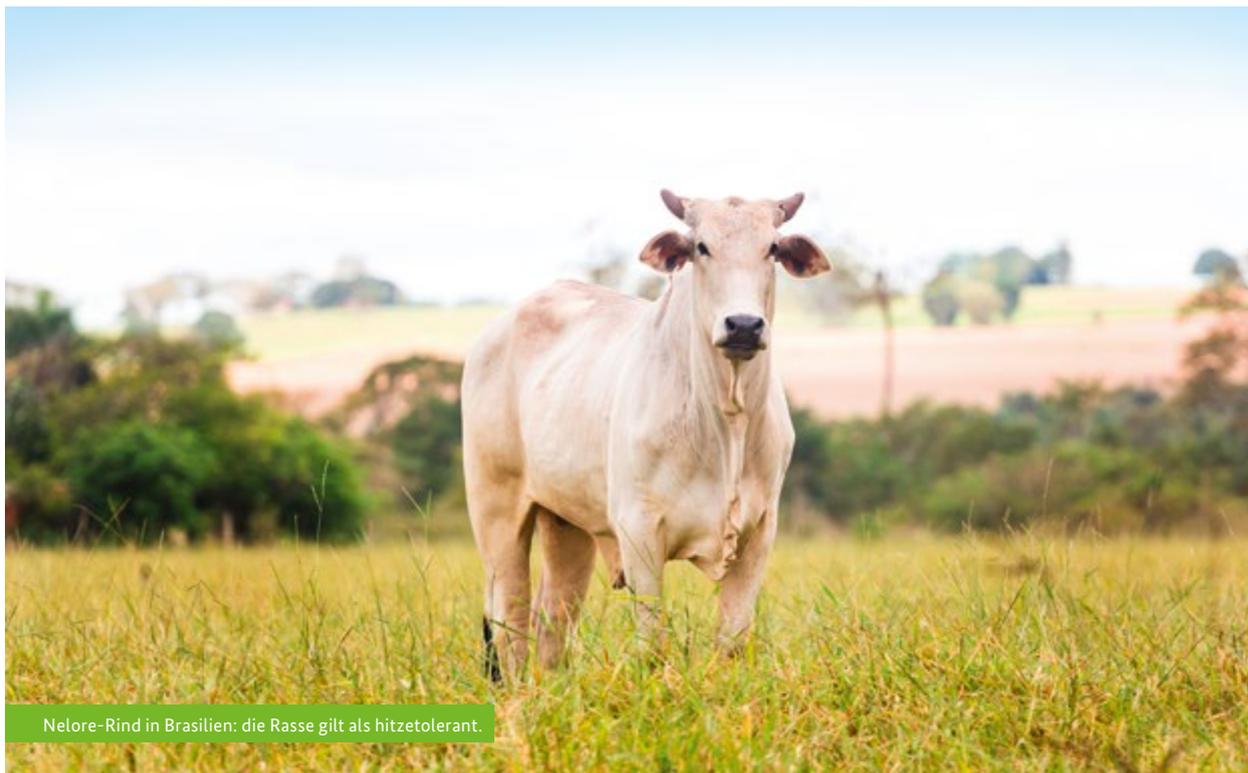
3.3.3.2 Anwendung des Gene Editings in der Nutztierzucht

Die DNA-Nukleasen werden auch für die Nutztierzucht von großer Bedeutung sein. Zum einen können sie für die Produktion von Nutztieren mit neuen genetischen Eigenschaften in der Biomedizin von Nutzen sein, aber auch für die Induktion genetischer Polymorphismen (SNP) mit züchterischer Bedeutung oder zur Korrektur bestimmter Gendefekte.

Durch Gene Editing sollen lediglich in der Population bereits vorhandene Varianten gezielt vermehrt werden. Unter dieser Annahme kann davon ausgegangen werden, dass die gezielt vermehrten Varianten auch keine unerwünschten Nebeneffekte haben, da ansonsten die Tiere, welche die Variante bereits tragen, diese Nebeneffekte auch zeigen würden. Dieser Umstand grenzt damit das Verfahren des Gene Editing klar vom bislang gesetzlich streng regulierten Verfahren des Gentransfers ab, da beim Gentransfer auch DNA-Konstrukte anderer Populationen bzw. Spezies übertragen werden.

Die Arbeitsgruppe um John Hickey (Edinburgh), welche intensiv an der Umsetzung des Gene Editing in Zuchtprogramme arbeitet, prägte deshalb den Begriff des PAGE-Zuchtprogramms: Promotion of Alleles with Gene Editing, zu Deutsch etwa Förderung von Allelen durch Gene Editing. Es geht also um die Förderung von ohnehin in der Population auftretenden Varianten.

Für monogen bedingte Merkmale, also Merkmale, die entscheidend nur durch ein Gen bestimmt werden, liegen die Vorteile des Gene Editing auf der Hand: Erwünschte Varianten von Genen können in der Population vergleichsweise einfach verbreitet werden. Hornlosigkeit, Doppellendigkeit bei Fleischrindern, Hitzetoleranz beim Rind (SLICK-Gen), die bekannten vorteilhaften Gene beim Fleischrind für die Zartheit des Fleisches (CAST – calpastatin; CAPN1 – calpain) und noch eine Reihe weiterer Gene, für die der kausale Polymorphismus bereits geklärt ist und deren Wirkungen



Nelore-Rind in Brasilien: die Rasse gilt als hitzetolerant.

auch physiologisch (teilweise) geklärt sind. Bastiaansen et al. (2018) demonstrieren in einer Simulationsstudie, dass für ein monogen bedingtes Merkmal eine beträchtliche Steigerung des Zuchterfolges durch Gene Editing möglich ist. Für quantitative Merkmale, die kontinuierlich variieren und von vielen Genen bestimmt sind, sind zurzeit erst wenige Gene mit kausal verantwortlichen Polymorphismen tatsächlich bekannt. Dies führt dazu, dass Gene Editing in diesem Fall deutlich weniger effektiv ist und beträchtliche Erfolgsraten beim Editing jeder einzelnen Zygote nötig sind, um eine kosteneffektive Nutzung in einem Zuchtprogramm sicherzustellen. Weiter gilt, dass mögliche unbeabsichtigte Auswirkungen des Gene Editing ausgeschlossen werden müssen. Die Minimierung von Risiken bedingt also auch eventuell aufwändige Prüfungen.

In einer Simulationsstudie von Simianer et al. (2018) konnte lediglich eine knappe Überlegenheit eines PAGE-Zuchtprogramms relativ zu einem herkömmlichen Zuchtprogramm mit genomischer Selektion gefunden werden. Die Autoren weisen darauf hin, dass die genetische Architektur komplexer Merkmale in der Realität noch deutlich komplexer ist, als in Simulationsstudien nachempfunden werden kann. Gründe dafür sind unter anderem Wechselwirkungen zwischen Genen, komplexe nichtlineare Regulationsmechanismen, Genotyp-Umwelt-Wechselwirkungen und Genotyp-Geschlecht-Wechselwirkungen. Die Genetik eines komplexen Organismus ist eben nicht einfach eine Frage der linearen und additiven Wirkung einzelner Gene. Die Steigerung des Zuchtfortschrittes durch Genome Editing für quantitative Merkmale in Relation zu den Möglichkeiten bei monogen-bedingten qualitativen Merkmalen sollte deshalb deutlich zurückhaltender beurteilt werden.

Auf der Grundlage der immer feiner werdenden Genkarten und neuen Möglichkeiten der genomischen Veränderung könnte mit dem sogenannten Precision Breeding ein neues Zeitalter der Tierzucht eröffnet werden. Die über DNA-Nukleasen eingebrachten Mutationen lassen sich nicht von natürlich auftretenden genetischen Veränderungen unterscheiden.

Es bleibt aber abzuwarten, wann und inwieweit diese neuen Entwicklungen zum Gene Editing in die züchterische Praxis übernommen werden können. Nach dem Urteil des Europäischen Gerichtshof aus 2018 werden alle nach dieser Methode veränderten Organismen einschließlich Tiere, Pflanzen und Mikroben als gentechnisch verändert nach dem geltenden Gentechnikgesetz angesehen und damit einem sehr kosten- und zeitaufwendigen Zulassungsprozess unterliegen. Dies spricht gegen eine baldige züchterische Anwendung in Europa. Außerhalb von Europa hingegen werden Pflanzen und Tiere, die nach Genom Editierung entstanden sind, bereits vielfach in der praktischen Zucht eingesetzt.



Leistungen der Tierzucht

von Johanne Waßmuth & Otto Werner Marquardt

Die landwirtschaftliche Nutztierhaltung dient in erster Linie der Erzeugung von Nahrungsmitteln, z. B. Milch, Fleisch und Eier, sowie der Gewinnung anderer tierischer Erzeugnisse wie z. B. Wolle, Häute und Felle, oder dem Sport und zur Gewinnung von Lebensfreude.

Unter den Bedingungen eines weitgehend liberalisierten Welthandels bildet die hiesige Tierhaltung die erste Stufe einer globalen Wertschöpfungskette aus Urproduktion, Verarbeitung, Handel und Konsum. In dieser Kette stellt die Landwirtschaft seit vielen Jahren besonders wegen der stark monopolisierten Strukturen im Handel das schwächste Glied dar. Als Folge stagnieren die Erzeugerpreise seit langem. Milch beispielsweise hat seit 1980 verglichen mit der kumulierten Inflationsrate etwa die Hälfte ihrer relativen Kaufkraft eingebüßt. Daraus resultierte ein dramatischer Strukturwandel in der landwirtschaftlichen Urproduktion mit dem Trend zu immer größeren Produktionseinheiten, einer sehr starken Abnahme der Betriebszahlen und dem Zwang zu höherer Produktivität und Effizienz.

Auf der anderen Seite sank der Anteil der Verbraucherausgaben für Ernährung in Deutschland innerhalb der letzten 70 Jahre von rund 50% auf lediglich 10 bis 12% und liegt damit sogar unter dem für Urlaubsreisen. Dabei macht der Anteil der landwirtschaftlichen Urproduktion mittlerweile weit weniger als die Hälfte der Ausgaben aus, da immer mehr Lebensmittel weiter verarbeitet und als Fertigprodukte angeboten werden.

Die Erzeugung tierischer Produkte in Deutschland unterliegt also einem harten europäischen und globalen Wettbewerb und ist zunehmend einem erheblichen gesellschaftlichen Druck ausgesetzt, der die bisherige Grundhaltung des eigenen wirtschaftlichen Selbstverständnisses auf der Stufe der Landwirte in Frage stellt. Die Tierzucht hatte zu jeder Zeit die Aufgabe, Zuchtziele für die gegebenen und zukünftigen Ansprüche zu definieren und landwirtschaftliche Nutztiere in diesem Sinne für die Urproduktion weiter zu entwickeln.



Tierische Produkte werden global gehandelt und müssen sich diesem Wettbewerb stellen.

4.1 Einflussfaktoren auf das Zuchtziel

Das Ziel jeder Züchtung besteht darin, Fortschritte zu erzielen im Hinblick auf die vorab definierten Zuchtziele. Diese Ziele können übergeordneten Aspekten der Volkswirtschaft oder auch einzelbetrieblichen Aspekten der Erzeuger unterliegen, die keineswegs gleichgerichtet sein müssen. Sowohl genetische als auch ökonomische Zielkonflikte sind keine Seltenheit.

Kernelemente der volkswirtschaftlichen Anforderungen sind:

- » die Ernährungssicherung, sowohl in Bezug auf Menge, Preis und Qualität,
- » die sozioökonomische Funktion durch Sicherung von Beschäftigung und Einkommen,
- » die nachhaltige Erzeugung tierischer Produkte,
- » der Klimaschutz durch Minderung klimaschädlicher Emissionen,
- » die Sicherung der Biodiversität, auch bei landwirtschaftlichen Nutztieren und
- » Tierschutz und Tierwohl.

Volkswirtschaftliche Ziele setzen die Rahmenbedingungen. Es sind essentielle Aspekte, die meist einen unmittelbaren Einfluss für den Tierproduzenten haben, wenn sie sich auf Marktchancen, Produktionsbedingungen und Preise und damit direkt auf das Produktionsgeschehen auswirken.

Einzelbetriebliche Anforderungen werden unmittelbar von den Nutzern der Zuchttiere, also den produzierenden Landwirten, gestellt. Diese müssen mit ihren Tieren den Lebensunterhalt für die Familie erwirtschaften und entscheiden mit der Zuchtauswahl ihrer Tiere über die Entwicklung des Zuchtfortschritts. Exemplarisch seien folgende einzelbetriebliche Aspekte genannt:

- » hohe Produktqualität,
- » hohe Effizienz von Input und Output,
- » Marktfähigkeit und Marktgängigkeit der Produkte,
- » Gesundheit und Fruchtbarkeit,
- » Eignung der Tiere für wechselnde Umwelten.

Einzelbetriebliche Ansprüche können sehr wohl von volkswirtschaftlichen Zielen überlagert und beeinflusst werden.



Mastschwein im Auslauf.

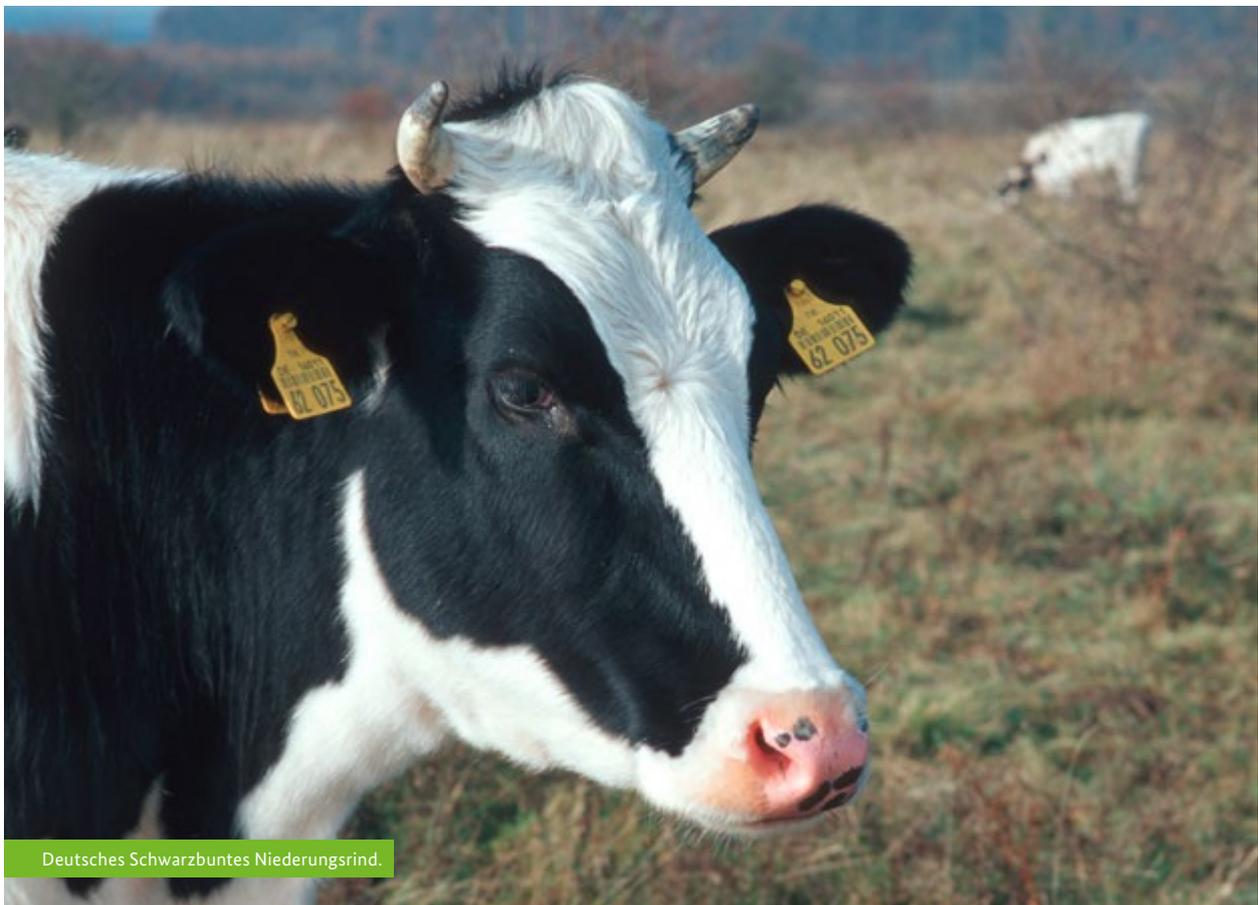
4.2 Von Zuchtzielen zu Selektionskriterien am Beispiel der Rinderzucht

4.2.1 Anfänge

Die Entwicklung wird im Folgenden anhand der Züchtung von Deutschen Schwarzbunten bis hin zu den Deutschen Holsteins dargestellt, wobei die Aussagen tendenziell auch für andere Nutztierarten im Rahmen der Reinzucht zutreffen.

Insbesondere die einzelbetrieblichen Anforderungen waren im Prinzip seit den Anfängen einer organisierten Tierzucht vor etwa 150 Jahren Gegenstand des züchterischen Strebens. Dabei stand zu keiner Zeit die Steigerung der Produktivität allein im Vordergrund. Vielmehr wurden Gesundheit und Fruchtbarkeit als essentielle Voraussetzungen für jede Leistungsanforderung angesehen. Allerdings fehlten hierfür zunächst direkte Selektionsmerkmale und damit auch geeignete Selektionskriterien. Stattdessen fungierte lange Zeit das Exterieur als Hilfsmerkmal – eine ideale äußere Erscheinung galt als Indiz für gesunde und fruchtbare Tiere.

Zuchtziele wurden lange Zeit verbal und sehr allgemein formuliert. Bei den Schwarzbunten wurde eine „gesunde und fruchtbare Milchkuh“ angestrebt, die „im mittleren Rahmen stand“ und ein „rasstypisches Erscheinungsbild“ zeigen sollte. Man sprach von der „Wirtschaftskuh“ und ab 1930 von der sogenannten „Wirtschaftsfutterkuh“. Die gemeldete Milchleistung lag lange Zeit im Durchschnitt bei jährlich rund 4.000 Kilogramm Milch pro Kuh. Ab etwa 1930 führten staatliche Forderungen zu einer Erhöhung der Milchfettleistung. Als wesentliche Selektionsinstrumente galten die Bewertung des Exterieurs sowohl auf den Betrieben als auch auf Tierschauen und die Resultate aus der flächendeckend durchgeführten Milchleistungsprüfung. Hierbei galt wie bereits angedeutet das Exterieur als wesentliches Hilfsmerkmal zur Bewertung der Gesundheit. Es war auch bei der staatlichen Zulassung von Zuchtbullen, der sogenannten Körung, ein entscheidendes und besonders aufmerksam betrachtetes Merkmal.



Deutsches Schwarzbuntes Niedergründ.

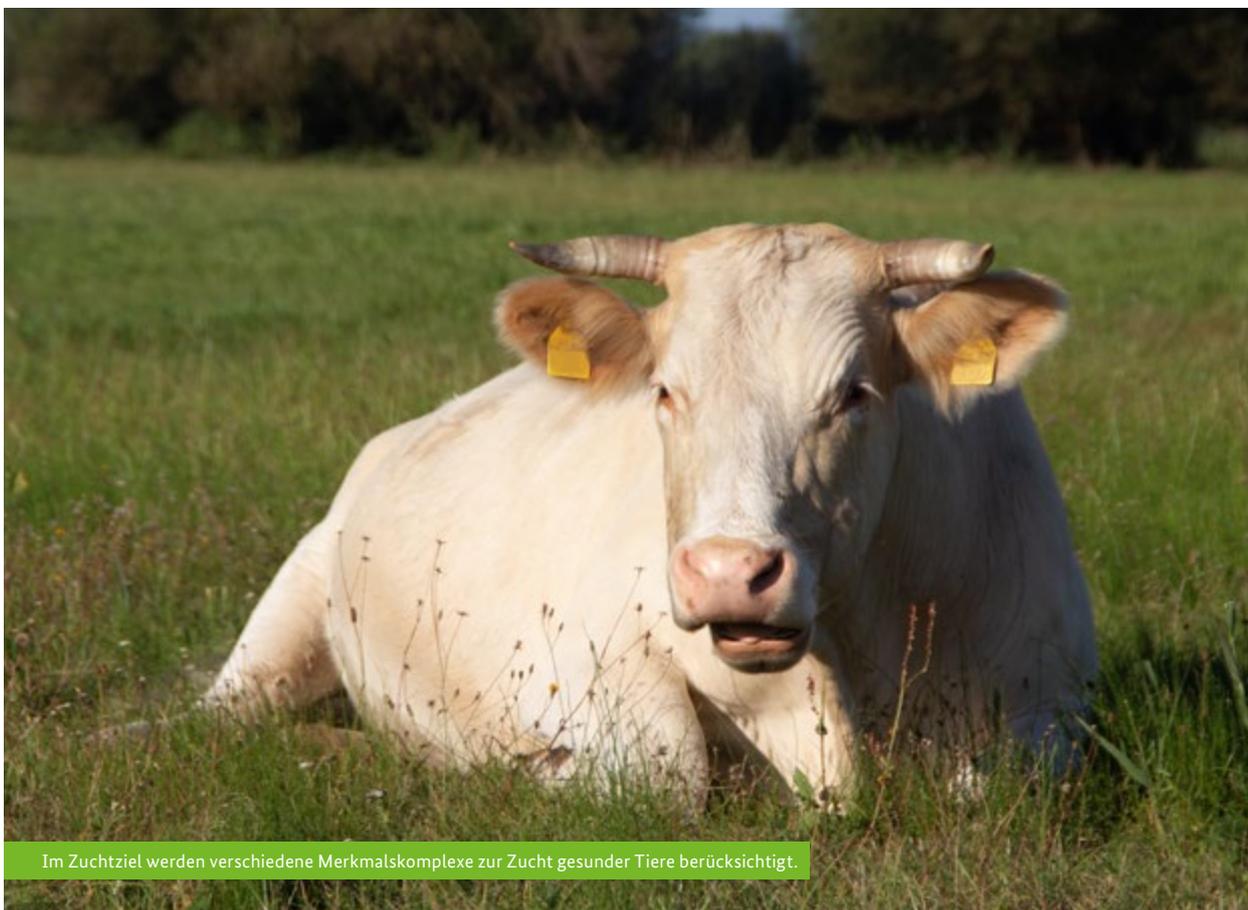
4.2.2 Die Populationsgenetik hält Einzug

Ab Mitte der 1960er Jahre änderten sich mit der Öffnung der Agrarmärkte und der damit verbundenen Senkung der Getreidepreise auf das niedrigere Weltmarktniveau die Produktionsverhältnisse für die tierische Erzeugung dramatisch. Für die Milchrinderzucht bedeutete dies erhebliche Produktivitätssteigerungen und damit höhere Milchleistungen pro Kuh. Parallel dazu verschob sich auch das Preisverhältnis von Milch zu Rindfleisch zugunsten der Milch. Die Folge war ein massiver Genimport aus den USA und Kanada, wo milchbetonte Rinder bereits früher gezüchtet wurden. Es erfolgte aber auch eine Besinnung auf populationsgenetische Verfahren und deren Anwendung. Die systematische Zuchtwertschätzung wurde zum Standard und in enger Zusammenarbeit mit der Wissenschaft etablierten sich zunehmend sogenannte Besamungszuchtprogramme. In den Folgejahren wurde die Entwicklung der Rinderzucht von der Tierzuchtwissenschaft in Verbindung mit den lizenzierten Rechenstellen wie den Vereinigten Informationssystemen Tierhaltung w. V. (vit Verden) und der Bayerischen Landesanstalt für Tierzucht (BLT Grub) einer permanenten genetischen Kontrolle unterzogen, die verwendeten Selektionsmerkmale wurden auf ihre Gültigkeit hin überprüft und Zuchtwertschätzungsverfahren permanent verbessert. Der vorläufige Höhepunkt war dabei die Einführung der genomischen Selektion 2012.

4.2.3 Tiergesundheit und Tierwohl rücken in den Fokus

In der praktischen Rinderzucht ist seit vielen Jahren allgemein bekannt, dass Zuchtwerte das genetische Potential von Einzeltieren charakterisieren und ein geeignetes Instrument für deren objektive Bewertung, Rangfolge und Zuchtwahl darstellen. Gegenwärtig werden für die Rasse Holstein Friesian genomische Zuchtwerte für mehr als 50 Einzelmerkmale geschätzt und in verschiedenen Relativzuchtwerten zusammengefasst. Voraussetzung dafür sind umfassende Systeme zur Erfassung der jeweiligen Phänotypen und die intensive Vernetzung der verschiedenen Informationsquellen.

Ein wichtiges Zuchtziel ist, die Tiergesundheit noch weiter zu verbessern. Durch das bundesweite Projekt KuhVision wurden über die Erfassung individueller Gesundheitsdaten aus Praxisbetrieben erstmals Schätzungen verlässlicher genomischer Zuchtwerte möglich und damit Wege für die aktive Verbesserung der Tiergesundheit geebnet. Entsprechende Zuchtwerte werden seit April 2019 für die Merkmalskomplexe Eutergesundheit, Klauengesundheit, Stoffwechselgesundheit und Reproduktionsgesundheit veröffentlicht, die zum Relativzuchtwert „Gesund“ zusammengefasst werden. Damit besteht erstmals die Chance, Gesundheitsmerkmale, statt der bis dahin verwendeten Hilfsmerkmale in das Zuchtziel aufzunehmen und als direkte Selektionskriterien zu nutzen.



Im Zuchtziel werden verschiedene Merkmalskomplexe zur Zucht gesunder Tiere berücksichtigt.

4.2.4 Der Gesamtzuchtwert als Ausdruck des Zuchtzieles

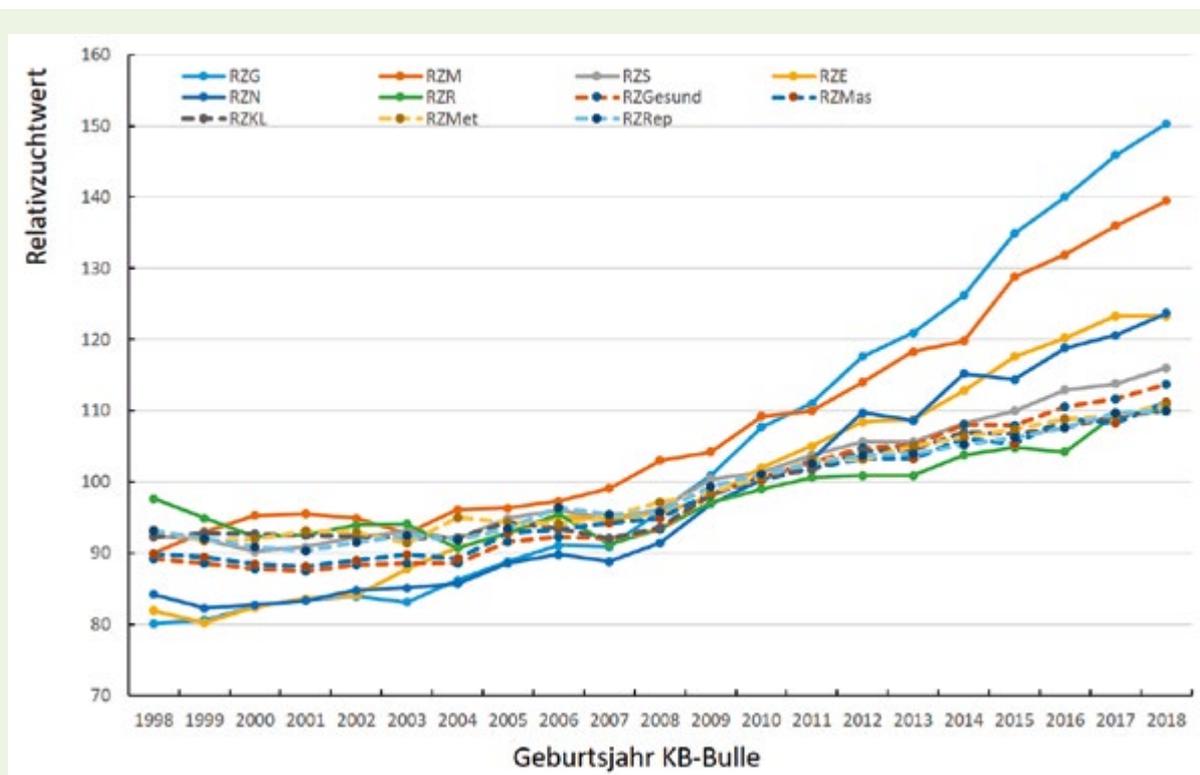
Die große Menge der inzwischen vorliegenden Einzelzuchtwerte ist für die zielgerichtete Anpaarung der Tiere eine große Hilfestellung. Um den einzelnen Landwirt mit der Fülle an Informationen nicht zu überfordern, werden von den Zuchtorganisationen computergestützte Anpaarungsprogramme angeboten, bei denen alle vorhandenen Zuchtinformationen der Kühe genutzt werden können. Die

Landwirte können entsprechend ihrer Wünsche eine exakte Auswahl der jeweiligen Bullen vornehmen.

Bereits 1997 wurde dies für die Deutsche Holsteinzucht als „Relativzuchtwert Milch“ eingeführt, der die fünf Merkmalskomplexe aus Produktion, Gesundheit und Nutzungsdauer zusammenfasst und sie nach ihrer ökonomischen Bedeutung gewichtet.

Die nachfolgende Abbildung zeigt beispielhaft die Entwicklung des relativen Zuchtwerts in der Milchrinderpopulation in den letzten 20 Jahren.

Abbildung 9: Genetischer Trend für Bullen in der künstlichen Besamung der Rasse Deutsche Holstein Schwarzbunt



Erläuterungen zur Abbildung:

Der genetische Trend wird in der Tierzuchtwissenschaft als Vergleich von Mittelwerten nach Geburtsjahr von Zuchttieren durchgeführt. Für die Abbildung lagen die Ergebnisse der Zuchtwertschätzung für Bullen der Rasse Holstein vor, die sich im Einsatz in der künstlichen Besamung befanden. Verwendet wurden ausschließlich Bullen im Besitz deutscher Besamungsstationen, welche auch Ergebnisse für alle dargestellten Zuchtwerte einschließlich Gesundheitszuchtwerte aufwiesen. Jeder Punkt für ein Jahresmittel eines Zuchtwertes errechnet sich – je nach Jahrgangsstärke – aus 400 bis 900 Einzelwerten, in den Jahrgängen ab 2013 aus 140 bis 350 Einzelwerten.

Bisherige Hauptmerkmale sind:

RZG Relativzuchtwert Gesamt in der Fassung von 2008; Index aus den Relativzuchtwerten (Erläuterungen nachfolgend)
RZM (45 %), **RZN** (20 %), **RZE** (nur Fundament und Euter, 15 %), **RZR** (10 %), **RZS** (7 %), **mRZK** (maternale Kalbeeigenschaften, 3 %). Der RZG wird derzeit überarbeitet und ab 2021 auch Gesundheitszuchtwerte (RZGesund) beinhalten.

Folgende Relativzuchtwerte gibt es:

RZM Relativzuchtwert **Milchleistung**
RZN Relativzuchtwert **Nutzungsdauer**
RZE Relativzuchtwert **Exterieur** (im RZG nur Berücksichtigung von Fundament- und Eutermerkmalen)
RZS Relativzuchtwert **Somatische Zellzahl**
RZR Relativzuchtwert **weibliche Fruchtbarkeit**

Gesundheitszuchtwerte ab April 2019:

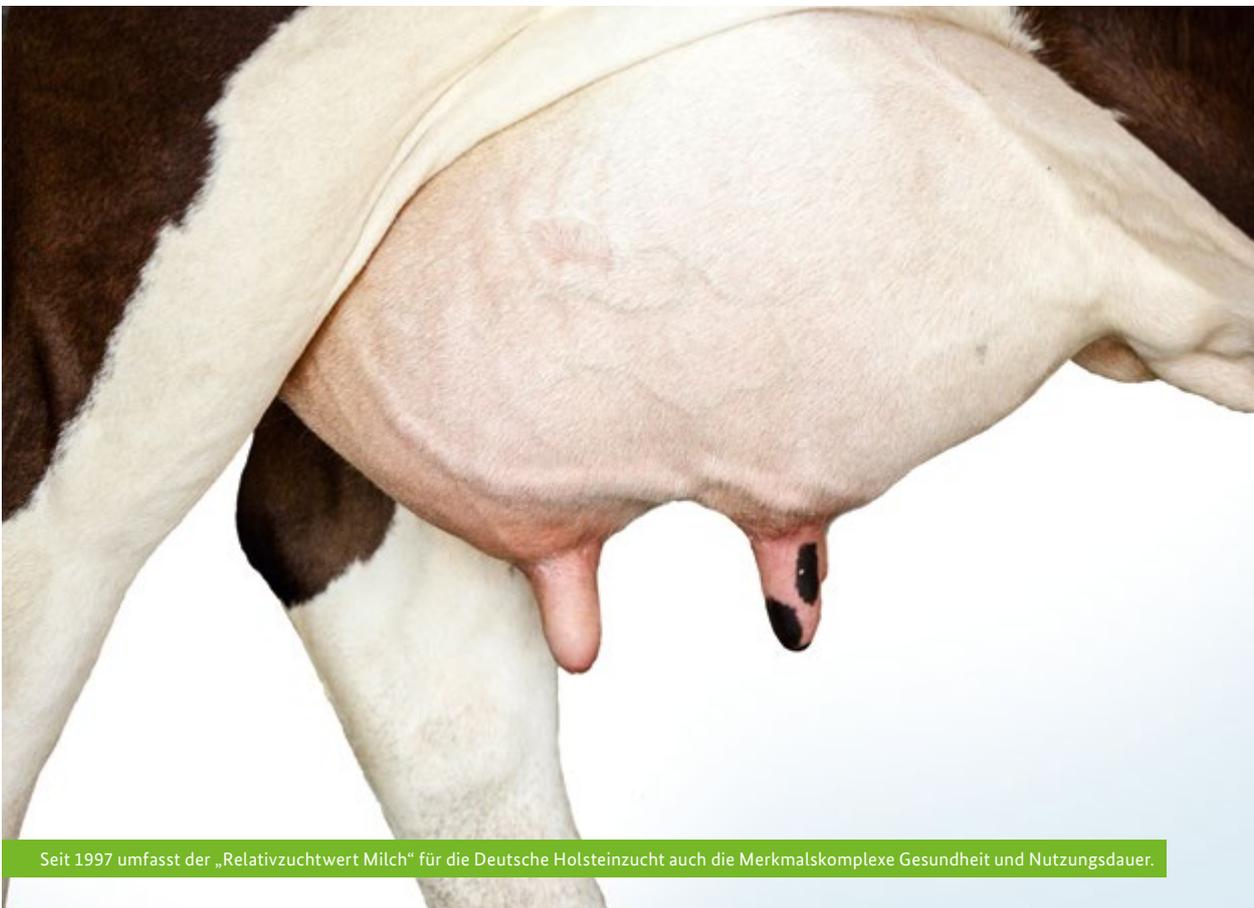
RZGesund Relativzuchtwert **Gesundheit**; Index aus RZMas, RZKL, RZMet, RZRep
RZMas Relativzuchtwert **Mastitis** (auf der Basis tatsächlicher Mastitisereignisse)
RZKL Relativzuchtwert **Klauen** (auf der Basis einer Reihe von Klauenerkrankungen als Index)
RZMet Relativzuchtwert **metabolische Störungen** (auf der Basis tatsächlicher Erkrankungen wie Ketose und Milchfieber)
RZRep Relativzuchtwert **Störungen der weiblichen Reproduktionsorgane** (auf der Basis tatsächlicher Erkrankungen wie Nachgeburtsverhaltung, Puerperalstörungen, Ovarzysten)

Abbildung 9 ist wie folgt zu interpretieren:

- » Der RZG wurde 1998 eingeführt. Im Jahr 2002 wurde er erstmals geändert, wobei die Nutzungsdauer eine deutliche Gewichtung erfahren hat. Diese zusammen mit der letzten Änderung im Jahr 2008 führten dazu, dass ab dem Jahr 2008 deutliche Zuchtfortschritte nicht nur in der Milchleistung und im Exterieur, sondern auch in den Merkmalen der Funktionalität und Gesundheit und damit in der Nutzungsdauer gemacht wurden und werden.
- » Einzig der RZR zeigt bezüglich der Geburtsjahre 1998 bis 2007 einen negativen Trend, der inzwischen aber korrigiert wurde.
- » Gesundheitszuchtwerte, auch als genomische Zuchtwerte für junge Bullen, sind seit April 2019 eingeführt, sie lassen sich jedoch auch für zurückliegende Jahrgänge errechnen. Die Gesundheitszuchtwerte (jeweils gestrichelte Linien) haben sich in den älteren Jahrgängen kaum weiterentwickelt. Die genetische Veranlagung für eine verbesserte Gesundheit und Nutzungsdauer steigt seit dem Geburtsjahr 2008 deutlich und kontinuierlich. Diese positive Entwicklung ist auf indirekte Effekte und die Anwendung des RZG zurückzuführen.
- » Mit der direkten Einbeziehung der Gesundheitszuchtwerte in den RZG ab April 2021 ist mit noch deutlich stärkeren positiven Trends für die Gesundheitsmerkmale zu rechnen.

Wichtig ist dabei die relative Gewichtung der Produktionsleistung im Vergleich zu Gesundheit, Nutzungsdauer, etc.: Sie betrug 1997 56 %, 2002 50 % und seit 2008 nur noch 45 %. Mit dieser Maßnahme wurde in der Zucht der Holstein Friesian und tendenziell auch in der Zucht von Fleckvieh und Braunvieh bereits seit 1997 eine züchterische Trendwende von der Betonung der Milchleistung und Milchqualität hin zu den komplexeren Merkmalen Tiergesundheit und Tierwohl eingeleitet. Obwohl direkte Selektionsmerkmale für diesen funktionalen Bereich wie oben beschrieben erst seit 2019 zur Verfügung stehen, zeigen die ermittelten Zuchtfortschritte seither in die richtige Richtung. Verstärkt wurde dieser erfreuliche Trend durch die Einführung der genomischen Selektionskriterien.

Eine stetige Weiterentwicklung der Zuchtwertschätzung wird auch in Zukunft notwendig sein. Von Bedeutung dafür sind sicherlich die Ergebnisse aus dem Projekt KuhVision, in dem Gesundheitsmerkmale direkt erfasst werden. Es sind also weitere deutliche Signale in Richtung der züchterischen Bearbeitung von Tiergesundheit und Tierwohl zu erwarten, wobei die relative Bedeutung der Produktion vermutlich noch einmal reduziert werden dürfte.



Seit 1997 umfasst der „Relativzuchtwert Milch“ für die Deutsche Holsteinzucht auch die Merkmalskomplexe Gesundheit und Nutzungsdauer.

4.3 Die beteiligten Organisationen

An der Zucht von Pferden, Rindern und Schafen sind maßgeblich Züchtervereinigungen und Besamungsorganisationen, also genossenschaftliche Zusammenschlüsse von Landwirten, beteiligt. Bei Schweinen und Geflügel wird diese Rolle inzwischen zum Teil von global agierenden Zuchtunternehmen übernommen.

Gemäß der **EU-Tierzucht-Verordnung** (EU)2016/1012 (EU-TierzuchtVO) ist ein „**Zuchtverband**“ eine Züchtervereinigung, Zuchtorganisation oder öffentliche Einrichtung, die von der zuständigen Behörde eines Mitgliedstaats für die Durchführung eines **Zuchtprogramms bei reinrassigen Zuchttieren**, die in ein von ihr geführtes oder angelegtes **Zuchtbuch** eingetragen sind, anerkannt ist.

Ein „**Zuchtunternehmen**“ ist demnach eine Züchtervereinigung, Zuchtorganisation, ein privates Unternehmen, das in einem geschlossenen Produktionssystem tätig ist, oder öffentliche Einrichtung, die von der zuständigen Behörde eines Mitgliedstaats für die Durchführung eines **Zuchtprogramms bei Hybridzuchtschweinen**, welche in einem von ihr geführten oder angelegten **Zuchtregister** eingetragen sind, anerkannt ist.

Allen Beteiligten gemein ist das Bestreben, Nutztiere züchterisch so zu bearbeiten, dass die tierischen Erzeugnisse und Zuchtprodukte erfolgreich vermarktet werden können. Zwischen den Anbietern von Zuchtprodukten in Form von Sperma, Embryonen und Zuchttieren herrscht dabei seit jeher ein reger Wettbewerb, der auch dank liberalisierter Märkte zunehmend heftiger wird und bei Rindern, Schweinen und Geflügel mittlerweile global stattfindet. In diesem Spezialmarkt haben die Anbieter aus Deutschland im Verlauf der letzten 30 Jahre einen bemerkenswerten Stand erreicht: In der Geflügelzucht ist ein Unternehmen aus Deutschland weltweit dominierend und auch in der Schweinezucht, die überwiegend als Hybridzucht betrieben wird, ist unter den führenden vier Unternehmen in Europa eines aus Deutschland zu finden. Parallel dazu existiert ein relativ freier Weltmarkt für Zuchtprodukte, auf dem Deutschland neben den USA, Kanada und den Niederlanden im Bereich der Rinderzucht zu den stärksten Anbietern gehört.

Auch aus Gründen der nationalen und internationalen Marktbehauptung besteht allein aus primärem wirtschaftlichem Interesse der Zwang zur permanenten Weiterentwicklung. Dabei unterliegt die Nutzung der im Abschnitt 3 genannten wissenschaftlichen Methoden sowohl in der Genetik als auch in der Biotechnologie einer stetigen Überprüfung und Fortentwicklung.

Insbesondere bei dem inzwischen dominierenden Bereich der funktionalen Merkmale, also Gesundheit, Fruchtbarkeit, Anpassungsvermögen und Umweltverträglichkeit, ist man gegenwärtig auf der Suche nach geeigneten Phänotypen und damit nach direkten Merkmalen für die Selektion. Unter dem Stichwort „Phänotypisierung“ besteht daher nach wie vor großer Forschungsbedarf, der vor allem interdisziplinäre Ansätze erfordert.

Eine nicht zu unterschätzende Herausforderung stellt dabei der sich international verstärkende Trend zur Erlangung von Biopatenten dar. Damit könnten hiesige Zuchtunternehmen bei der Einführung von Neuentwicklungen erheblich behindert werden, was zum Nachteil der hiesigen Landwirtschaft wäre. Als Beispiel hierfür sei die vor etwa zehn Jahren erfolgte Patentierung eines nordamerikanischen Unternehmens zur Spermientrennung beim Rind erwähnt, das bis heute entsprechende Folgen zeigt.

Die Genehmigung und Förderung einer intensiven Forschung im Bereich der biologischen Wissenschaften und hier insbesondere im Bereich der Bio- und Gentechnologie ist daher unabdingbar.

4.4 Entwicklung einiger Kenngrößen am Beispiel der Rinder-, Schweine- und Geflügelzucht

4.4.1 Rinderzucht

Neben der Pferdezucht kann die Rinderzucht auf die längste Zuchtgeschichte zurückblicken. Dank umfangreicher Dokumentation seit Beginn des 20. Jahrhunderts und einem internationalen Zuchttieraustausch konnten neue Entwicklungen in der Tierzucht hier schnell Fuß fassen.

Abbildung 10: Entwicklung der Milchleistung



So betrug die Milchleistung pro Kuh um 1900 lediglich 2.165 kg, 1950 waren es mit 2.349 kg nur unwesentlich mehr. Mit der Einführung neuer Zuchtwertschätzverfahren konnten dann zunehmende Leistungssteigerungen realisiert werden, so dass nur 40 Jahre später bereits fast eine Verdoppelung der Milchleistung erreicht wurde: 1990 gab eine Kuh durchschnittlich etwa 4.857 kg Milch, heute liegen wir bei 8.250 kg pro Kuh und Jahr. Parallel dazu haben sich allerdings auch die Größe und das Gewicht der Kuh erheblich verändert. Wog eine Milchkuh um das Jahr 1850 noch etwa 250 kg, so weist die heutige Milchkuh ein Gewicht von etwa 600 bis 700 kg aus.

Während die Rinderzucht bis zu Beginn der 90er Jahre des letzten Jahrhunderts eine vorwiegend leistungsorientierte Zucht mit dem Fokus auf Milchmenge und deren Inhaltsstoffe war, erfolgte in den darauffolgenden Jahren eine Abkehr von dieser züchterischen Strategie. Zu Recht forderten die praktischen Züchter auch die Berücksichtigung anderer relevanter Merkmale im Gesamtzuchtwert. Deshalb wurden die Zuchtschwerpunkte hin zu sogenannten funktionalen Merkmalen verlagert, sodass sie heute

im Gesamtzuchtwert für die Rasse Holsteins bereits eine Gewichtung von 55% besitzen.

Dies ist ein klarer Beleg dafür, dass die Rinderzucht die Gesundheit der Tiere stärker in den Fokus gerückt hat, und die Zuchtwertschätzung bei hoher Leistung und guten Milchinhaltsstoffen vor allem gesunde, fruchtbare und langlebige Tiere anstrebt.

Parallel dazu haben sich in der Zuchtwertschätzung auch neue Wege etabliert, indem spezielle Zuchtwerte für einzelne Fitnessmerkmale und Merkmalskomplexe ausgewiesen werden. So stehen den Landwirten heute beispielsweise Zuchtwerte für Nutzungsdauer, Kalbeverlauf, Totgeburtenraten, Fundamentmerkmale und anderes mehr zur Verfügung. So können sie Schwachstellen in ihrer eigenen Herde gezielt verbessern, indem sie Bullen einsetzen, die in eben diesen Merkmalen überdurchschnittliche Werte aufweisen.

Zu den positiven Entwicklungen bei den funktionalen Merkmalen hat die Sequenzierung des Rindergenoms und die dadurch möglich gewordene genomische Selektion wesentlich beigetragen. Sie hat es erlaubt, dass auch bei Merkmalen mit geringer Erbllichkeit, wie den Fitnessmerkmalen, heute deutlich verbesserte Züchterfolge realisiert werden können und das, obwohl die primären Leistungen nach wie vor moderat steigen.

Beispielhaft hierfür sei die Abgangsrate in der ersten Laktation genannt, bei der das Rechenzentrum vit-Verden für Tiere mit hohen genomischen Zuchtwerten geringere Abgangsrate ausweist als bei Tieren mit geringen Zuchtwerten.

4.4.2 Schweinezucht

Ähnlich wie in der Rinderzucht dominierte auch in der Schweinezucht über lange Zeit hinweg die Reinzucht. Und ebenso wie bei den Rindern waren Entwicklung und Wachstum der Tiere über Jahrhunderte hinweg nur gering. Noch um das Jahr 1800 wurden in Deutschland überwiegend spätreife Schweine gehalten, die bis zu einem Alter von drei Jahren Schlachtgewichte von circa 40 kg erreichten. In den Folgejahren begann man in Deutschland, sich nach englischem Vorbild um eine Steigerung der Mastleistungen



Schlachtkörper – Schweinehälften und -keulen.

bei Schweinen zu bemühen. Um 1850 wurde deshalb bei Schweinen in Deutschland bereits im Alter von zwei Jahren ein mittleres Schlachtgewicht von 70 kg erreicht. Fortschritte in der Zucht ermöglichten es um 1900, dass Schweine der damaligen deutschen Neuzüchtungen bereits im Alter von 11 Monaten ein durchschnittliches Schlachtgewicht von 100 kg erzielten. Ab 1950 konnten die gleichen Lebendgewichte bereits nach sechs bis sieben Monaten erreicht werden.

Neue populationsgenetische Erkenntnisse zu Beginn der 60er Jahre des letzten Jahrhunderts aber zeigten, dass zwischen den Merkmalskomplexen Fruchtbarkeit und Fleischleistung deutliche Antagonismen bestehen. Der Reinzucht, also der Verpaarung von Tieren der gleichen Rasse, waren damit Grenzen gesetzt. Vor diesem Hintergrund schwenkte man in der Schweinezucht auf die sogenannte Hybridzucht um (siehe Kapitel 3.2). Diese Methode nutzt die Überlegenheit von Kreuzungstieren gegenüber den Elterntieren bedingt durch Heterosis- und Stellungseffekte. So besaßen die Kreuzungstiere auf der weiblichen Seite eine herausragende Fruchtbarkeit, während auf der männlichen Seite sowohl Futterverwertung als auch Magerfleischanteil durch den Einsatz von reingezüchteten Pietrainebern deutlich verbessert wurden. Anpaarungen zwischen Hybridsauen und Ebern der Fleischrasse Pietrain – eine sogenannte Drei-Rassen-Kreuzung – hatten dank der neuen Zuchtmethodik viele lebend geborene Ferkel mit hervorragenden

Tageszunahmen, guter Futterverwertung und hohem Fleischanteil zur Folge, was der Schweinezucht einen enormen Auftrieb gab.

Gleichzeitig folgte die Schweinezucht dem Wunsch der Verbraucher nach magerem Schweinefleisch und veränderte in den folgenden Jahren deshalb auch das Leistungsniveau der Tiere beträchtlich. Der Fleischanteil der Schlachtkörper stieg, die Kotelettfläche nahm an Größe zu und die Rückenspeckdicke wurde stark reduziert. Ohne es zunächst zu bemerken, wurden mit der Auswahl besonders fleischreicher Schweine allerdings auch Tiere herangezogen, die nicht nur stressanfällig waren, sondern auch noch eine mangelhafte



Schweinefleisch ist nach wie vor die beliebteste Fleischsorte.

Fleischqualität aufwies. Als Reaktion auf diese züchterische Fehlentwicklung wurde mit Beginn der 80er Jahre des letzten Jahrhunderts nur noch mit stressstabilen Tieren weitergezüchtet. Allerdings hatten die stressunempfindlichen Schweine häufig einen geringeren Fleischanteil, so dass sich durch deren bevorzugte Selektion der Fleischanteil nur sehr moderat verbesserte. Da wundert es kaum, dass die täglichen Zunahmen in der Mast in den letzten 30 Jahren nur unwesentlich um etwa 100 g gesteigert werden konnten und heute in der Mastleistungsprüfung auf Station bei 900 g und mehr pro Tier und Tag liegen. Deutliche Verbesserungen hingegen konnten in der Futtermittelverwertung erzielt werden. Waren für den Zuwachs von einem Kilogramm Schweinefleisch 1985 durchschnittlich noch 3,3 kg Futter notwendig, so wird heute ein Richtwert von 2,8 kg und weniger angestrebt. Das entspricht einer Reduktion von 15 % und bei einem Mastschwein eine Futterersparnis von 40 kg und mehr. Bei einer Bruttoeigenerzeugung von etwa 45 Millionen Mastschweinen in Deutschland können dank einer verbesserten Futtermittelverwertung heute alljährlich also rund 1,8 Millionen Tonnen Futter eingespart werden. Unter der Annahme, dass von einem Hektar 80 Dezitonnen Weizen geerntet werden, stellt dies eine Flächensparnis von mehr als 225.000 Hektar dar.

4.4.3 Hühnerzucht

Bis Mitte des 20. Jahrhunderts waren die Hühner sogenannte Zweinutzungstiere. Die weiblichen Tiere einer Rasse wurden zur Eierzeugung und die männlichen Tiere der gleichen Rasse für die Fleischproduktion genutzt. Diese sogenannten Zweinutzungsrassen wurden auf den Betrieben selber vermehrt, wobei man mit Hilfe der Reinzucht versuchte, sowohl Fleisch- als auch Legeleistung zu verbessern. Allerdings zeigten sich ebenso wie bei den Schweinen auch hier schon früh Grenzen ab, da zwischen Legeleistung und Fleischleistung Antagonismen auftraten, die durch die klassische Zuchtmethode der Reinzucht nicht überwunden werden konnten.

Dies änderte sich in den 1960er-Jahren, als die Hybridzucht in die Geflügelzucht eingeführt und damit die Abkehr vom Zweinutzungshuhn eingeläutet wurde. Dabei entstanden im Rahmen von Kreuzungen sogenannte Hybridlinien, die entweder vorwiegend auf hohe Eierproduktion oder aber auf Fleischzuwachs fokussierten. Durch die Konzentration auf eines der beiden Merkmale ließen sich enorme Leistungssteigerungen erzielen, wobei die Verwertung der männlichen Tiere der Legelinien, die natürlicherweise keine Eier legen können, zunehmend ein Problem darstellt.

Beim Ausbrüten von Eiern schlüpfen zur Hälfte männliche Küken. Da die männlichen Nachkommen naturgemäß keine Eier legen und aufgrund der Zucht auf hohe Eierleistung kaum Fleisch ansetzen bzw. je Kilogramm Fleisch deutlich mehr Futter benötigen als Masthähnchen, lohnt es sich weder wirtschaftlich noch ökologisch, sie zu mästen. Die Männchen der Legehybriden werden daher gleich nach dem Schlupf getötet.

Mit dem im September 2020 vorgelegten Gesetzentwurf zur Beendigung des Kükentötens soll das Töten von Eintagsküken in Deutschland flächendeckend bis Ende 2021 verboten werden. Außerdem sollen die bestehenden Verfahren zur Geschlechtsbestimmung im Brutei, auch **In-Ovo-Geschlechtsbestimmung**, weiterentwickelt werden, sodass die Geschlechtsbestimmung

vor dem 7. Bruttag erfolgen kann, denn mit dem 7. Bruttag beginnt das Schmerzempfinden des Hühnerembryos.

Darüber hinaus wird seit den 1990er Jahren versucht, ein **wirtschaftliches Zweinutzungshuhn** zu etablieren. Zweinutzungshühner produzieren jedoch deutlich weniger Eier oder Fleisch wie die in der Hybridzucht genutzten Lege- bzw. Mastlinien. Somit ist das Zweinutzungshuhn nicht wirtschaftlich und ohne Quersubventionierung in Bruderhahn- oder Stubenküken-Initiativen nicht tragbar. Ferner ist ein erheblich höherer Einsatz von Ressourcen in Form von Futter, Energie, Wasser usw. pro Kilogramm erzeugtes Produkt zu erforderlich, was im Sinne der Nachhaltigkeit auch ökologisch nachteilig zu bewerten ist.



Legehennen und Masthuhn im Vergleich.



Bis Mitte des letzten Jahrhunderts legten Hennen etwa 118 Eier pro Jahr, was nicht einmal 50% der heutigen Legeleistung entspricht. Mit Beginn der Hybridzucht konnte eine Steigerung auf rund 260 Eier zu Beginn der 90er Jahre des vorherigen Jahrhunderts erzielt werden, während heute ein Huhn rund 295 Eier im Jahr legt.

Entgegengesetzt verhält es sich mit der Futtermenge, die zur Erzeugung je Kilogramm Eimasse benötigt wird: Hier hat sich in den letzten 20 Jahren die Futtermenge von 2,45 kg auf unter 2 kg verringert – ein Minus von über 18%. Für die jährliche Eierzeugung können in Deutschland allein durch die verbesserte Futtermenge so 55.000 Hektar und weltweit sogar 8 Millionen Hektar Fläche eingespart werden.

Masthühner der Hybridlinien nehmen extrem schnell an Gewicht zu. Sie wachsen dreimal so schnell wie Legehennen, so dass ein Mastküken innerhalb von fünf Wochen bei

Zunahmen von bis zu 60 g pro Tier und Tag zu einem rund 2 kg schweren Masthähnchen wird. Dabei hat auch hier die Einführung der Hybridzucht in den 60er Jahren des vorherigen Jahrhunderts diese enormen Leistungssteigerungen erst ermöglicht. Während die Tageszunahmen 1960 noch bei rund 20 g lagen, haben sich diese bis heute nahezu verdreifacht, was gleichzeitig mit einer Verringerung der Mastdauer von 90 auf nunmehr 36 Tage einherging. Gleichzeitig haben sich auch die Anteile wertvoller Teilstücke am Schlachtkörper verändert: Insbesondere der Anteil des Brustmuskels, der von den Verbrauchern vornehmlich nachgefragt wird, hat sich auf etwa 24% des Schlachtkörpers erhöht. Parallel dazu hat sich auch die Futtermenge der Masthähnchen seit etwa 1960 von 2,5 bis 3 kg auf heute etwa 1,5 bis 1,6 kg nahezu halbiert. Dadurch konnte nicht nur der Ressourcenverbrauch deutlich vermindert, sondern auch die CO₂-Freisetzung deutlich reduziert werden.

5



Rechtlicher Rahmen: Die Deutsche Tierzuchtgesetz- gebung im Wandel der Zeit

von Johanne Waßmuth

National

Europa

1900

26.05.1936

Erste Verordnung
zur Förderung der
Tierzucht

17.03.1936

Reichsgesetz
zur Förderung der
Tierzucht

07.07.1949

Gesetz über Maß-
nahmen auf dem
Gebiete der tierischen
Erzeugung (Tierzucht-
gesetz, TierZG)

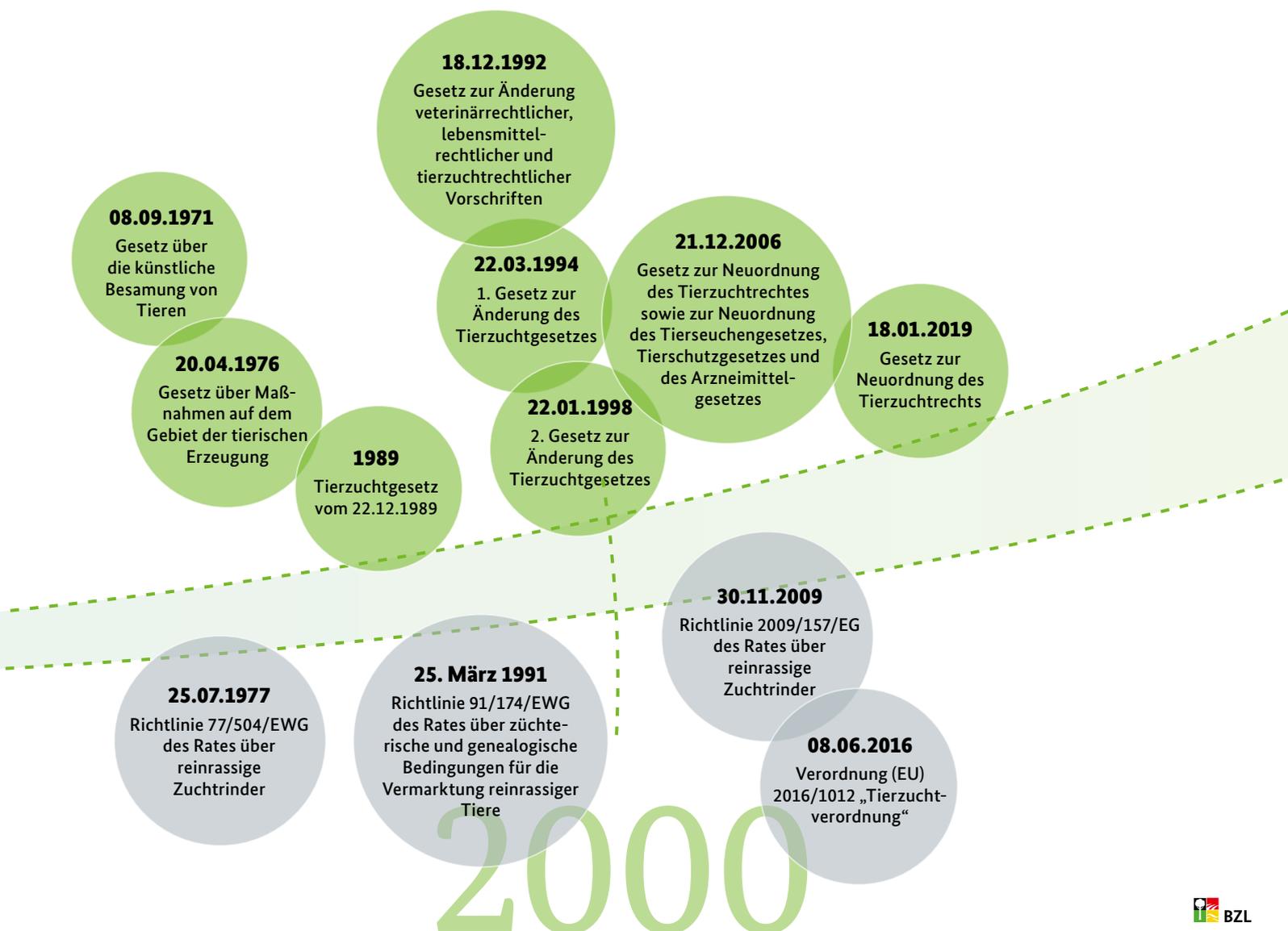
Aus historischer Sicht gibt es nur wenige Sektoren unserer Volkswirtschaft, in die der Staat so massiv fördernd und zugleich steuernd eingegriffen hat, wie in den Bereich Tierzucht. Den Anstoß hierfür lieferte die Mitte des 19. Jahrhunderts sehr schnell wachsende Bevölkerung und deren Nachfrage nach kostengünstigen Nahrungsmitteln tierischer Herkunft, vor allem Milch, Fleisch und Eier. Dies konnte mit den damals vorhandenen Tierbeständen und Produktionsverfahren nicht erfüllt werden. Es drohten Hungerrevolten und Mangel, denen man mit dem Aufbau systematischer Züchtungssysteme nach englischem Vorbild begegnen wollte.

In der Folge wurden die erforderlichen organisatorischen staatlichen Strukturen geschaffen und für sehr lange Zeit auch personell gesteuert bzw. gefördert. Die dabei angewendeten Züchtungsstrategien orientierten sich zunächst nahezu ausschließlich an der Reinzucht. Später hielten auch Kombinationskreuzungen mit leistungsmäßig überlegenen ausländischen Rassen Einzug, um die lokalen Tierschläge zu konsolidieren und im Hinblick auf ihre Eigenschaften zu verbessern. Die Schlüsselrolle der Züchtungsstrategien oblag naheliegender Weise den potentiellen Vatertieren, die naturgemäß den meisten Nachwuchs je Tier erzeugten.

Maßnahmen der Einflussnahme waren u. a.

- » der Körperzwang für Vatertiere, mit dem der Staat Mindeststandards für deren (genetische) Qualität setzte,
- » Aufbau und Förderung von Leistungsprüfungsverfahren (ab circa 1900),
- » die Anerkennung und Überwachung von Züchtervereinigungen, Besamungsstationen und Embryotransfereinrichtungen einschließlich Regelungen zum Inverkehrbringen von Sperma, Embryonen und Eizellen,
- » die Einflussnahme auf die Zuchtzielfindung, die mittlerweile allein den Zuchtorganisationen obliegt sowie
- » Regelungen zu Art und Umfang von Zuchtwertschätzungen.

Im Zuge der Weiterentwicklung der Erkenntnisse der Tierzuchtwissenschaften, aber auch unter erheblichem Druck der Europäischen Union (EU) wurde das deutsche Tierzuchtrecht im Laufe der Zeit den EU-Vorgaben in mehreren Schritten angepasst. Es trug zudem auch der Forderung nach Biodiversität und genetischer Variabilität Rechnung. Vor allem aber wurde das deutsche Tierzuchtrecht deutlich liberalisiert, indem die vorstehend genannten Maßnahmen vielfach in den Verantwortungsbereich der Zuchtorganisationen überführt wurden.



Zunächst stand primär der Fördercharakter bei gleichzeitig deutlicher Einflussnahme des Staates im Vordergrund. Heute ist neben der Erhaltung der genetischen Variabilität insbesondere der Verbraucherschutz maßgeblich. Ziel ist, eine Vergleichbarkeit der züchterischen Daten zu gewährleisten und den Austausch von Genetik, sowohl innerhalb der EU als auch darüber hinaus zu fördern.

Damit obliegt es den Zuchtorganisationen, den Züchtungsprozess im Rahmen der rechtlichen Vorgaben eigenständig zu steuern und als originäre Aufgabe auch die jeweiligen Zuchtziele zu formulieren. Dabei müssen in besonderem Maße sowohl volkswirtschaftliche als auch einzelbetriebliche Faktoren berücksichtigt und damit letztlich auch die berechtigten Ansprüche der Gesellschaft an die tierische Erzeugung, zu der die Tierzucht gehört, einbezogen werden.

5.1 Reichsgesetz zur Förderung der Tierzucht

Im Zuge der Beseitigung der Länderhoheit nach dem Jahre 1933 und der Gründung des Reichsnährstandes wurde im Jahre 1936 das „Reichsgesetz zur Förderung der Tierzucht“ verabschiedet. Die im gleichen Jahr am 26. Mai zum Gesetz ergangene „Erste Verordnung zur Förderung der Tierzucht“ enthielt im Wesentlichen Bestimmungen zur Körpflicht für alle Vatertiere, insbesondere in Form von Sammelkörungen, zur Herdbuchabstammung der Vatertiere und zur Haltung der männlichen Zuchttiere durch die Gemeinden.

Mit dem Ende des zweiten Weltkriegs und dem Wegfall des Reichsnährstandes wurde der Ruf nach einem neuen Tierzuchtgesetz laut. Das am 07.07.1949 erlassene Tierzuchtgesetz brachte materiell-rechtlich gegenüber dem bisherigen Recht aber keine wesentlichen Neuerungen. Als Rahmengesetz regelte es wie sein Vorgänger den Körzwang, die Deckerlaubnis und die Haltung männlicher Zuchttiere und auch die im Entstehen begriffene künstliche Besamung wurde erstmals gesetzlich geregelt.

5.2 Die Tierzuchtgesetzgebung in den 1970er Jahren

Im Laufe der Zeit wurde immer deutlicher, dass das „Gesetz über Maßnahmen auf dem Gebiete der tierischen Erzeugung (Tierzuchtgesetz, TierZG)“ aus dem Jahre 1949 den fachlichen Anforderungen der sich rasch weiterentwickelnden landwirtschaftlichen Tierzucht nicht mehr genügte. Immer nachdrücklicher wurde daher ein neues, bundeseinheitliches Tierzuchtgesetz, das sowohl die praktisch-züchterischen und rechtlichen Bedürfnisse als auch die wissenschaftlichen Erkenntnisse angemessen berücksichtigte, gefordert. Dem trug der Bund mit Erlass des Tierzuchtgesetzes vom 20.04.1976 Rechnung, das am 01.01.1977 in Kraft trat. Es beinhaltete eine umfassende Modernisierung des Tierzuchtrechts unter Berücksichtigung des züchterischen Fortschritts und brachte in manchen Bereichen auch eine deutliche Verwaltungs- und Verfahrensvereinfachung. Das Tierzuchtgesetz von 1976 entsprach darüber hinaus an verschiedenen Stellen den beginnenden Bestrebungen nach einer Rechtsharmonisierung und Wettbewerbsgleichheit im Bereich der damaligen Europäischen Gemeinschaft.

Im Einzelnen enthielt das TierZG 1976 folgende **wesentliche** Neuerungen:

- » Anstelle der bisher für die Feststellung der Zuchttauglichkeit erforderlichen jährlichen Körung trat die einmalige Körung (**Körung auf Lebenszeit**); die Unterscheidung in Hauptkörung, Sonderkörung und Nachkörung entfiel.
- » Die Körentscheidung war gesetzlich auf die Bewertungsurteile: „**gekört**“ – „**nicht gekört**“ – „**vorläufig nicht gekört**“ festgelegt; die früheren Zuchtwertklassen als **öffentlich-rechtliche** Bewertungsstufen entfielen.
- » Die nach bisherigem Recht zusätzlich zur Körung erforderliche Deckerlaubnis wurde gestrichen; damit wurde den Ländern die Möglichkeit genommen, die **Zuchtverwendung** örtlich und zeitlich zu steuern oder das männliche Tier auf das Decken der eigenen Tiere des Halters oder auf Tiere einer ganz bestimmten Rasse zu beschränken. Aus der positiven Körentscheidung ergab sich daher nicht nur, dass das gekörte Tier zuchttauglich war, sondern dass seiner Zuchtverwendung auch keine Einschränkungen entgegenstanden, wie sie nach der früheren Deckerlaubnis möglich waren.

- » Für die Eintragung von ausländischen, **importierten Zuchttieren** in das Zuchtbuch einer inländischen Züchtervereinigung durften **keine höheren Anforderungen** aufgestellt werden als für die Eintragung inländischer Zuchttiere.
 - » Das gesamte **Besamungsrecht** wurde ohne wesentliche Änderungen in das TierZG 1976 integriert; damit wurde die seit Erlass des Besamungsgesetzes (Gesetz über die künstliche Besamung von Tieren vom 08.09.1971) bestehende Trennung zwischen Tierzucht im engeren Sinne und Besamungsrecht wieder beseitigt.
 - » Die traditionellen Züchtervereinigungen und Zuchtverbände wurden den **Zuchtunternehmen** gleichgestellt und in die gesetzliche Regelung einbezogen.
 - » Die Einführung einer **Verpflichtung der Gemeinden zur Vattertierhaltung** wurde der Regelungsbefugnis der Länder überlassen.
- Im Vollzug des TierZG 1976 erließ der Bund mehrere Rechtsverordnungen, die die tierzuchtgesetzlichen Regelungen konkretisierten, auf deren Nennung an dieser Stelle jedoch verzichtet wird.

5.3 Weitere Rechtsentwicklung bis heute

Parallel zur nationalen Tierzuchtgesetzgebung wurden auch auf europäischer Ebene tierzuchtrechtliche Vorgaben erlassen, um zunächst das tierzüchterische Geschehen im Rinder- und Schweinebereich, später dann auch für den Schaf-, Ziegen- und Pferdebereich zu harmonisieren, den Handel zu liberalisieren und züchterische Beschränkungen des Handels abzubauen. Dieses Bestreben fand ab Mitte der 70er Jahre mit dem Erlass von **Richtlinien und Entscheidungen** auf EU-Ebene über

- » die Zulassung von Zuchttieren zur Zucht,
- » den innergemeinschaftlichen Handel mit Zuchttieren,
- » die Einrichtung sowie staatliche Anerkennung von Zuchtorganisationen sowie
- » den innergemeinschaftlichen Handel mit Zuchtmaterial

und anderes mehr seinen Niederschlag.

Im Jahr 1991 wurde schließlich die **Richtlinie des Rates über züchterische und genealogische Bedingungen für die Vermarktung reinrassiger Zuchttiere** erlassen, um den innergemeinschaftlichen Handel mit allen landwirtschaftlichen Zuchttieren weiter zu harmonisieren. Danach hatten die Mitgliedstaaten dafür Sorge zu tragen, dass die Vermarktung

reinrassiger Zuchttiere und ihr Zuchtmaterial aus züchterischen oder genealogischen Gründen weder untersagt, noch behindert oder eingeschränkt werden konnte. Für die Züchter war ebenfalls wichtig, dass die Mitgliedstaaten Kriterien für

- » die Zulassung und Anerkennung von Zuchtorganisationen,
- » die Eintragung in Zuchtbücher/Zuchtregister,
- » die Zulassung reinrassiger Zuchttiere zu Zuchtzwecken und
- » zu Verwendung von Samen, Eizellen und Embryonen sowie
- » die bei der Vermarktung der vorstehenden Erzeugnisse vorzulegende Bescheinigungen

erlassen mussten.

Diese Vorgaben fanden über das Gesetz zur Änderung veterinärrechtlicher, lebensmittelrechtlicher und tierzuchtlicher Vorschriften vom 18.12.1992 ihren Eingang in die nationalen tierzuchtrechtlichen Vorschriften.

Etwa zur gleichen Zeit wurde auf europäischer Ebene auch die sogenannte „**Drittlandsrichtlinie**“ erlassen, die die tierzüchterischen und genealogischen Bedingungen bei der Einfuhr lebender Tiere und deren Zuchtmaterial aus Drittländern regelte.

Die Richtlinien der EU sind für die Mitgliedstaaten nicht unmittelbar verbindlich. Die Mitgliedstaaten sind gehalten, die Bestimmungen der europäischen Richtlinien und Entscheidungen in nationales Recht umzusetzen. Ein Änderungsbedarf für das TierZG aus dem Jahr 1976 ergab sich aber nicht nur aus der Tatsache, dass der Tierzuchtbereich in die EU-Rechtsangleichung einbezogen wurde; vielmehr erschien es notwendig, auch neuen züchterischen Bedürfnissen und wissenschaftlichen Erkenntnissen Rechnung zu tragen.



Daher hat die Bundesregierung beispielsweise Bestimmungen zum Embryotransfer in das TierZG aufgenommen und gemeinsam mit diversen Änderungen am 22.12.1989 ein neues TierZG erlassen. Dessen Intention war es:

- » den innergemeinschaftlichen Handel mit Zuchttieren zu erleichtern,
- » die bewährten Elemente Leistungsprüfungen, Besamungsregelungen und Anerkennung von Zuchtorganisationen beizubehalten und
- » die erforderlichen Grundlagen für Kauf- und Produktionsentscheidungen von Zuchttieren und Zuchtmaterial zur Verfügung zu stellen.

Von diesen Zielsetzungen ausgehend regelte das TierZG von 1989:

- » das Anbieten und Abgeben von Zuchttieren und Zuchtmaterial,
- » die erforderlichen Zweckfestlegungen und Begriffsbestimmungen,
- » die Durchführung von Leistungsprüfungen und Auswertung ihrer Ergebnisse,
- » die Sicherung der gewachsenen Zuchtstrukturen durch Anerkennung von Zuchtorganisationen,
- » das Besamungswesen und
- » den Embryotransfer.

Wesentliche Neuerung war der **Wegfall der staatlichen Körung**: War es bis dato jahrzehntelang gesetzlich vorgeschrieben, dass nur staatlich gekörte Tiere für den Deckeinsatz zugelassen waren, musste man sich nun an EU-Vorgaben

halten. In der Richtlinie 87/328/EWG war festgelegt, dass die Verwendung reinrassiger Bullen zur natürlichen Bedeckung nicht verboten, beschränkt oder behindert werden durfte, so dass konsequenterweise für alle vom TierZG umfassten Tierarten die staatliche Körung entfallen musste.

Gemäß der EU-Tierzucht-Verordnung (EU)2016/1012 (EU-TierzuchtVO) wird als „**Rasse**“ eine Population von Tieren definiert, die einander so weitgehend ähnlich sind, dass eine oder mehrere Züchtergruppen sie als eine sich von anderen Tieren derselben Art unterscheidende Gruppe betrachten und übereingekommen sind, sie mit Angabe ihrer bekannten Abstammung in ihre Zuchtbücher einzutragen, um ihre erblichen Eigenschaften durch Reproduktion, Austausch und Selektion im Rahmen eines Zuchtprogramms zu reproduzieren.

Ebenfalls neu war die Erweiterung der züchterischen Zielsetzungen des Gesetzes, die sich in der Aufnahme der Kriterien „Erhaltung der Vitalität“ und „genetische Vielfalt“ widerspiegelt. Und schließlich hat der Bundesgesetzgeber mit dem TierZG auch die Notwendigkeit ausdrücklich anerkannt, die Tierzucht auch durch den Einsatz finanzieller Mittel zu fördern.

1994 und **1998** wurden dann weitere Anpassungen der nationalen tierzuchtrechtlichen Vorgaben vorgenommen, die im Wesentlichen der Umsetzung von EU-Regelungen dienen.



Das Glanrind wird in der „Roten Liste gefährdeter Nutztierassen 2019“ als Beobachtungspopulation geführt.

Zugleich berücksichtigten sie neue Entwicklungen auf dem Tierzuchtsektor, wie z. B. neue Methoden zur Identitätssicherung oder Regelungen zu Erbfehlern und genetischen Besonderheiten und anderes mehr.

2006 schließlich erfolgte die bislang vorletzte Neuordnung des Tierzuchtrechtes. Das Kernanliegen des neuen TierZG bestand darin, die Regelungen zur künstlichen Besamung 1:1 an die Erfordernisse des EU-Vertrages anzupassen. Die bisherigen Bestimmungen, insbesondere die Erfordernis einer Besamungserlaubnis für nachkommegeprüfte Spendertiere, wurden von der EU als Behinderung der Warenverkehrs- sowie der Dienstleistungs- und der Niederlassungsfreiheit angesehen. Außerdem wurde die bisherige staatliche oder im staatlichen Auftrage von Privaten wahrgenommene Durchführung von Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzung grundsätzlich den Zuchtorganisationen als Aufgabe zugeordnet. So sollte deren Verantwortung für die Durchführung leistungsfähiger Zuchtprogramme gestärkt werden. Ferner wurde die grenzüberschreitende Tätigkeit von Zuchtorganisationen und Besamungsstationen gemeinschaftsrechtskonform geregelt und stark vereinfacht.

Eine bedeutende Neuerung war darüber hinaus im Vollzug internationaler Übereinkommen die Einführung eines Monitorings. Diese kontinuierliche Beobachtung der vorhandenen Rassen und Populationen sollte der Erhaltung tiergenetischer Ressourcen dienen und eine ausreichende genetische Vielfalt landwirtschaftlicher Nutztiere fördern. Allerdings hielt man auch an Bewährtem fest. Dazu gehörten insbesondere Leistungs- und Qualitätsprüfung, Rechtsstellung und Aufgaben von Zuchtorganisationen sowie Besamungsstationen und nicht zuletzt auch Regelungen zur Durchführung der künstlichen Besamung, für die man nach wie vor auf fachlich qualifiziertes Personal setzte.

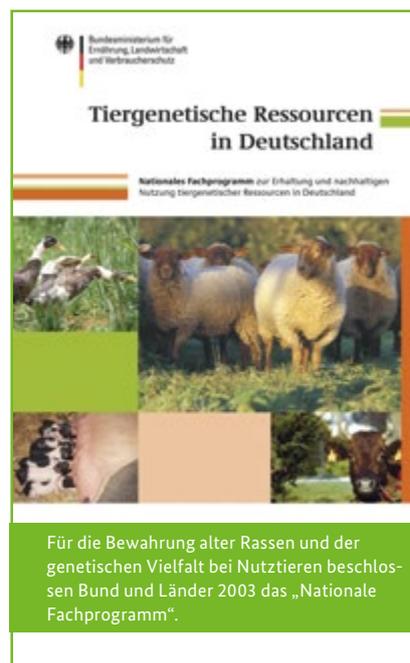
Im Januar 2019 erfolgte schließlich die bisher letzte Novellierung des Tierzuchtrechtes, mit der das Tierzuchtgesetz aus dem Jahr 2006 an die geänderten EU-rechtlichen Rahmenbedingungen, insbesondere der Verordnung (EU)2016/1012 (EU-TierzuchtVO) angepasst wurde. Letztere stellt im Wesentlichen eine Zusammenfassung aller bisherigen tierzuchtrechtlichen Vorgaben des Gemeinschaftsrechtes dar und ist am 19.07.2016 in Kraft getreten. Nach einer Übergangszeit von 28 Monaten war die EU-TierzuchtVO ab dem 01.11.2018 in allen Mitgliedstaaten unmittelbar anzuwenden. Mit dem aktuellen TierZG aus 2019 wurden die Vorgaben der EU-TierzuchtVO auf die nationale Ebene übertragen und damit unmittelbar wirksam.

Insbesondere das bisherige Anerkennungsverfahren von Zuchtverbänden oder Zuchtunternehmen wurde an die Anforderungen der EU-Tierzuchtverordnung angepasst. Diese trennt die Anerkennung von Zuchtverbänden oder Zuchtunternehmen und die Genehmigung von Zuchtprogrammen in zwei separate Vorgänge. Damit wurde erstmalig ein EU-weit gültiges Verfahren für die Genehmigung von Zuchtprogrammen etabliert, die von Zuchtverbänden oder Zuchtunternehmen in mehreren Mitgliedstaaten durchgeführt werden.

Weitere Anpassungen des nationalen Rechts betrafen insbesondere die Zweckbestimmung des Gesetzes, die Aufnahme neuer Verordnungsermächtigungen beispielsweise zu Anforderungen, an die nach der EU-Tierzuchtverordnung durchzuführenden amtlichen Kontrollen sowie die Höhe der Bußgelder bei Rechtsverstößen. Die Regelungen für die Erlaubnis von deutschen Besamungsstationen und Embryo-Entnahmeeinheiten für den ausschließlich nationalen Handel von Sperma, Eizellen und Embryonen wurden beibehalten.

Tiergenetische Ressourcen sind nach EU-Recht als bedeutende Grundlage für die nachhaltige Entwicklung der Tierhaltungsbranche anerkannt. Im Übereinkommen über die Biologische Vielfalt wird als genetische Ressource „jedes Material pflanzlichen, tierischen, mikrobiellen oder sonstigen Ursprungs, das funktionale Erbinheiten enthält“ definiert und tiergenetische Ressourcen als „Material von land- und ernährungswirtschaftlich genutzten Tieren (Nutztieren)“.

Bereits 1990 hat die FAO die Vorbereitung eines globalen Programms für die nachhaltige Nutzung tiergenetischer Ressourcen empfohlen, dem ein auf Länderberichten basierender „Weltzustandsbericht“ folgte. Der Bericht wurde mit einem „**Globalen Aktionsplan für Tiergenetische Ressourcen und der Interlaken Deklaration**“ im September 2007 anlässlich der „Internationalen technischen Konferenz der FAO über tiergenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft“ vorgestellt. 2015 wurde der „Weltzustandsbericht“ aktualisiert und 2017 bestätigte die FAO Konferenz ihr Engagement für die Fortführung des Globalen Aktionsplans.





6

Die Tierzucht in der öffentlichen Diskussion

von Ruedi Fries

Laien nehmen Tierzucht nicht in erster Linie als genetische Selektion wahr, sondern verstehen darunter Tierhaltung allgemein einschließlich Aufzucht, Aufstallung und Nutzung. Selektion, die Tierzucht im engeren Sinne also, ist aber dann gemeint, wenn von „Leistungszucht“ oder „Qualzucht“ die Rede ist. In der Auseinandersetzung der Gesellschaft mit dem Thema Tierzucht geht es meistens eher grundsätzlich um das Verhältnis der Menschen zum Nutztier und wie es sich über die Zeit verändert hat.

In vorwiegend agrarischen Gesellschaften, wie sie in der vorindustriellen Zeit die Regel waren und wie sie heute noch viele Regionen der Erde prägen, wurde und wird das Tier als Leidensgenosse betrachtet, das genauso wie der Mensch den oft harten und schicksalhaften Lebensumständen ausgesetzt ist. Die Bedingungen der Industriearbeiter wurden mit der Situation der Tiere verglichen: Menschen und Tiere werden in einer harschen Arbeitsumwelt gleichermaßen ausgebeutet. Die Nutzung der Tiere und die Hierarchisierung des Menschen über die Tiere wurde jedoch damit gerechtfertigt, dass Nutztiere Nahrung und Kleidung lieferten und so das Überleben der Menschen sicherten oder das Leben durch ihren Einsatz in der Feldarbeit und beim Transport erleichterten.

Die Leidensfähigkeit von Tieren und das Vermeiden von Schmerz wurde erst zu Beginn des 20. Jahrhunderts ein Thema. Das vom nationalsozialistischen Regime 1933 in Kraft gesetzte, sehr weitreichende Tierschutzgesetz wird jedoch als moralische Inversion betrachtet, da den Rechten

der Tiere implizit ein höherer Stellenwert als den Rechten der Menschen eingeräumt wird. Tiernutzung inklusive Tierzucht und Tötung wurden während eines großen Teils des 20. Jahrhunderts nicht grundsätzlich in Frage gestellt, solange die Tiere während ihres Lebens nicht übermäßigen Schmerz erleiden und sie human getötet werden. Weil tierzüchterische Maßnahmen als Vorbild für eugenische Ansätze gedient hatten, sind die Selektion von Nutztieren und insbesondere der Begriff „Rasse“ in der zweiten Hälfte des 20. Jahrhunderts oft negativ besetzt.

Die existenzielle Bedeutung der Tiere für den Menschen und die daraus resultierende, nicht hinterfragte Nutzung wurden erst im letzten Viertel des 20. Jahrhunderts philosophisch und ethisch relativiert. Der australische Philosoph Peter Singer hat mit dem 1975 erschienenen Werk „Die Befreiung der Tiere: Neue ethische Grundsätze für unseren Umgang mit Tieren“ den Anstoß für ein grundlegendes Um- oder Neudenken über das Verhältnis des Menschen zu den (Nutz) Tieren gegeben. Singer kritisiert den angenommenen Vorrang der Spezies Homo Sapiens, den er als „Speziesismus“ bezeichnet. In einem weiteren Buch „Praktische Ethik“ fordert Singer als wichtige Konsequenz seiner neuen Tierethik, dass neben der Schmerzvermeidung das Wohlergehen der Tiere anzustreben sei. Inwieweit die aktuelle gesellschaftliche Tierwohl-Diskussion von dieser Tierethik angestoßen wurde, müsste eingehender untersucht werden. Tierwohl hat in der gesellschaftlichen Wahrnehmung heute jedenfalls eine große Bedeutung.



Die Tierhaltung allgemein und die Tierzucht im speziellen sollten immer das Wohlbefinden und die Gesundheit der Tiere berücksichtigen.



Tier und Technik lassen sich zum Wohl des Tieres vereinen – oftmals geht die Meinung von Fachpublikum und der Öffentlichkeit darüber aber auseinander.

Die Wahrnehmung von Tierwohl spiegelt sich auch in den Medien wie beispielsweise der Süddeutschen Zeitung. Sie erreicht als überregionale Tageszeitung Bürger in ganz Deutschland und gilt auch unter Journalisten als Leitmedium, welches die gesellschaftliche Kommunikation gestaltet und prägt. Eine Suche in den Ausgaben von Anfang 1992 bis Dezember 2018 nach dem Begriff „Tierwohl“ ergab 341 Artikel, in denen der Begriff erwähnt wurde. Das erste Mal wurde er am 24.11.2001 in einem Bericht über eine Jahreshauptversammlung eines Tierschutzvereines erwähnt. Bei dieser Versammlung wurde unter anderem gefordert, dass im Sinne des Tierwohls staatliche Subventionen für Schlachttiertransporte abgeschafft werden sollen. Am 29.11.2018 wird über die Arbeit der Metzger der Landkreise Freising und Dachau berichtet und dabei erwähnt, dass in einem Schlachthof klassische Musik laufe, um die Tiere zu beruhigen.

Die Berichterstattung über Tierwohl hat oft einen positiven Unterton mit Hinweisen auf Tierwohl-Labels, und grundsätzlich wird in diesem Zusammenhang seitens der Gesellschaft unterstellt, dass Landwirte um das Wohl ihrer Tiere bemüht sind. Negative Berichte über die Tierhaltung enthalten oft den Begriff „Massentierhaltung“. Mit diesem Begriff wird eine Reihe von weiteren negativen Wahrnehmungen verknüpft wie „industrielle“ Tierhaltung, „Umweltverschmutzung“, „Treibhausgasemissionen“, „Qualzucht“, „Leistungszucht“, „Turbokuh“ und weitere, deren Bedeutung

oftmals nicht definiert oder anhand von Zahlen und Fakten konkretisiert wird.

Aufschlussreich ist auch, wie die weltgrößte Messe für Tierhaltung und Tiermanagement, die EuroTier, vom Nicht-Fachpublikum wahrgenommen wird. Melkroboter, Zucht auf Hornlosigkeit, moderne Laufställe werden nicht als Innovationen gesehen, die unter anderem durchaus auch einen Beitrag zur Verbesserung des Tierwohls leisten, sondern als Werkzeuge für die industrielle Ausbeutung von Lebewesen. Sehr eindrücklich zeigt dies beispielsweise der Fotograf Nikita Teryoshin, der – inspiriert von der EuroTier – mit der Fotodokumentation „Ein hornloses Erbe – Die deutsche Milchkuh im Zeitalter der technischen Reproduzierbarkeit“² die Selbstdarstellung der Branche hinterfragt. Die Tierzucht im engeren Sinne, also im Sinne der genetischen Selektion, wird in erster Linie als sehr erfolgreiches, industrielles Wirken zur Steigerung der Leistung der Nutztiere auf Kosten ihrer Gesundheit wahrgenommen. Das kommt z. B. in einem Interview des Autors der oben genannten Fotodokumentation zum Ausdruck: „Züchtung geht einher mit Gesundheitsproblemen. Trotz einer Lebenserwartung von 30 Jahren leben Turbokühe im Schnitt nur drei bis fünf Jahre, bis sie krank werden oder nicht mehr trächtig. Die Kühe können keine Milch mehr produzieren und werden geschlachtet.“ Die Meinung, dass die Zucht die Grenzen der Leistungsfähigkeit

² <https://nikitateriyoshin.com/hornless-heritage>



Hornlosigkeit in der Genetik der Tiere zu verankern gilt als ein tragfähiger Kompromiss.

der Tiere erreicht oder überschritten hat und somit als Qualität betrachtet werden muss, ist weit verbreitet, ja vielleicht sogar so etwas wie gesellschaftlicher Konsens.

Wie soll sich die Tierzucht und der einzelne Tierhalter oder Tierzüchter, die Zucht- und Besamungsorganisationen, die staatlichen mit Tierzuchtbelangen befassten Stellen sowie die Tierzuchtforschung angesichts dieses negativen Meinungsbildes positionieren?

Eine wesentliche Voraussetzung für eine bessere gesellschaftliche Akzeptanz ist in jedem Fall, dass alle Akteure die Bedürfnisse der Tierindividuen weiter in den Mittelpunkt stellen. Die Gesellschaft will die Tiere in guten Händen wissen. Dazu muss aufgezeigt werden, dass die Tierhalter die Bedürfnisse der Tiere mit neuester Technik immer besser erfassen und befriedigen können, aber die Technik dabei nie genutzt wird, um Abstriche in der Qualität der Tierbetreuung wettzumachen. Es muss vermittelt werden, dass die Tierzuchtforschung sich intensiv mit den genetischen Grundlagen der Gesundheit und des Wohlbefindens der Tiere befasst, wobei die züchterischen Maßnahmen der Unversehrtheit und Würde der Tiere nicht abträglich sein dürfen. Deshalb ist es wichtig, dass die Tierzuchtforschung nicht als solitäre Disziplin agiert, sondern eng mit den anderen Tierwissenschaften, insbesondere den Verhaltenswissenschaften, zusammenarbeitet. Der interdisziplinäre Ansatz muss zudem über den agrarwissenschaftlichen Rahmen hinausgehen, indem Forschungsverbünde etwa mit den Bereichen Neurobiologie und Maschinelles Lernen initiiert werden.

Wie in anderen Wirtschaftszweigen müssen auch in der Tierzucht und Tierhaltung immer wieder Kompromisse ausgehandelt werden. Ein Kompromiss ist etwa die genetische Hornlosigkeit des Rindes. Sie tangiert das Verhalten der Rinder individuell nicht (wesentlich). Gleichzeitig wird aber die Verletzungsgefahr für Mensch und Tier maßgeblich reduziert und Eingriffe zur Verödung der Hornanlagen bzw. die Entfernung von Hörnern werden unnötig.

**Die staatlichen mit der Tierzucht und Tierhaltung be-
trauten Stellen sowie die Tierzuchtforschung sind mehr
denn je gefragt, der Gesellschaft und der Politik auch in
Zukunft deutlich zu machen, dass sie sich bei der Aus-
handlung dieser Kompromisse im Bereich Tierzucht und
Tierhaltung ernsthaft und auf der Grundlage wissen-
schaftlicher Fakten für die Belange der Tiere einsetzen.
Die gesellschaftlichen Diskussionen zur Tierzucht und
Tierhaltung sollten deshalb nicht als Störung betrach-
tet werden, sondern als notwendige Voraussetzung für
die Aushandlung tragfähiger Kompromisse.**

7

Ausblick und Forschungsbedarf

von Karl Schellander

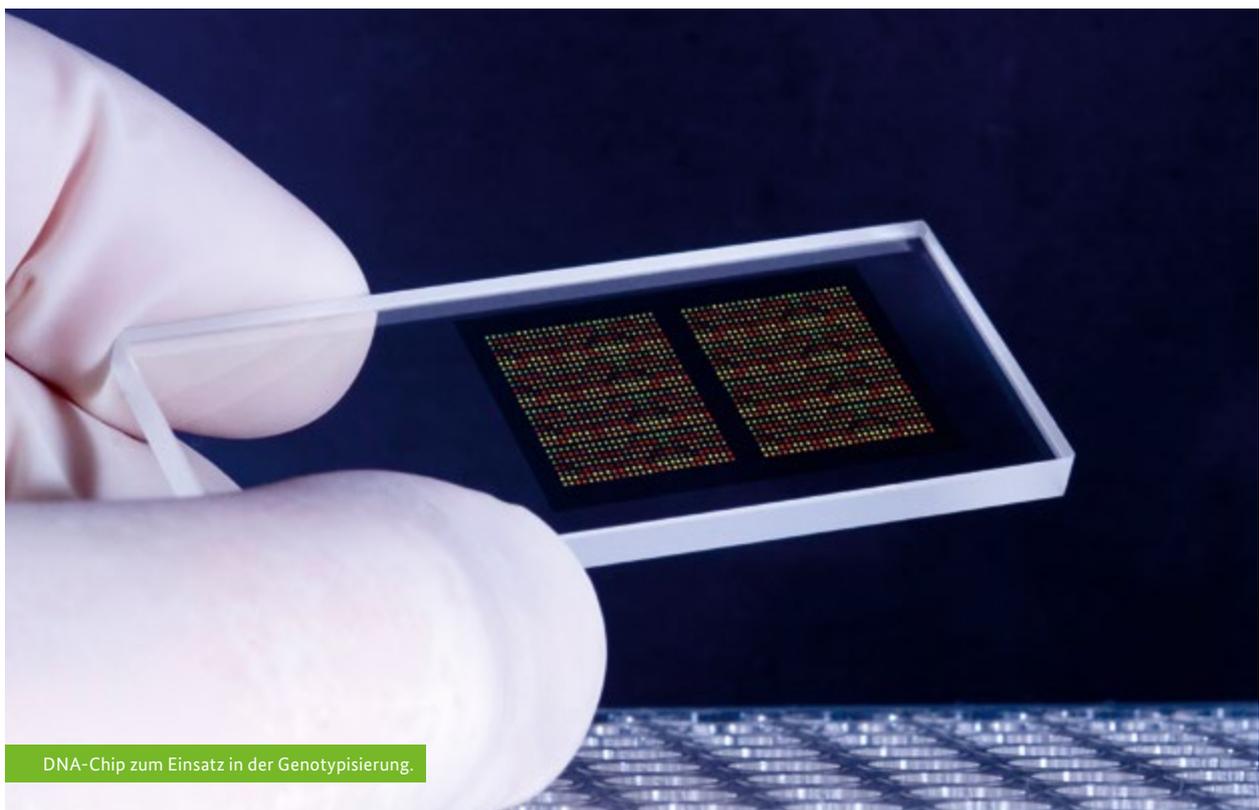
Es herrscht Übereinstimmung in der Einschätzung, dass die Weltbevölkerung von jetzt 7,3 auf 9,5 Milliarden in 2050 steigen wird. Die FAO hat errechnet, dass sich dadurch die globale Nachfrage nach tierischen Produkten verdoppelt und damit große Herausforderungen bewältigt werden müssten, wenn die Nachfrage der Bevölkerung auch in Zukunft noch gedeckt werden soll. Dafür kommen zwei Optionen in Betracht: die Bestände aufstocken oder die Produktionseffizienz der Nutztiere zu verbessern. Die erste Option bringt eine Reihe von Problemen mit sich – Nutzfläche und Ressourcen sind limitiert und negative Umweltwirkungen wie die Entstehung von Treibhausgasen würden die Nachhaltigkeit dieser Vorgehensweise in Frage stellen. Die zweite Option kann hingegen eine nachhaltige Alternative sein, wenn Verfahrens- und Produktionsinnovationen in den Produktionsablauf gezielt und strategisch eingebracht werden. Zukunftsfähige, nachhaltige Nutztierhaltung muss also mit der Entwicklung und Anwendung angepasster Zuchtstrategien, die eine effiziente Nutzung der begrenzten Ressourcen unter umwelt- und tierfreundlichen Rahmenbedingungen fördern, einhergehen.

Die Anwendung von Methoden zur Erfassung von neuen Merkmalen von OMICS, Futteraufnahmevermögen, Gesundheits- und Verhaltensmerkmalen, epigenetische Regulation, die Identifizierung von negativen Merkmalskorrelationen, die Identifizierung positionell funktioneller Kandidatengene und die Weiterentwicklung genauerer statistisch-genomischer Vorhersagemodelle für die Zuchtwerte werden die Entwicklung der Tierzucht in den nächsten Jahrzehnten bestimmen.

Fortschritte im Verstehen der DNA-Variationen bis hin zu deren Bedeutung für den Phänotyp durch die Entwicklung der Next Generation Sequenzierungen haben zur Identifizierung genetischer Varianten geführt, die mit Produktions- und funktionalen Merkmalen assoziiert sind. Die Analyse von Kandidatengenen, QTL und genomweite Sequenzierungsansätze werden zur Identifizierung genomischer Regionen, die z. B. mit der Non-Return-Rate, Ovulation, Muskelentwicklung etc. assoziiert sind, herangezogen.

Wegen der Populationsstruktur und den Vorteilen in der Typisierung der Referenzpopulation ist die Genomische Selektion derzeit beim Rind am besten implementiert. Während in den vergangenen Jahren die Genomische Selektion hauptsächlich auf Bullenreferenzpopulationen

Die Nachsilbe **-omik** (oder im Englischen **-omics**) bezieht sich häufig auf ein Forschungsfeld in den Bio-/Lebenswissenschaften wie der Medizin, der Molekularbiologie, aber auch den Agrar- und Ernährungswissenschaften. Das jeweilige Forschungsfeld stützt sich auf umfangreiche Daten bzw. Informationen zur Erforschung von Leben, die in verschiedenen auf -omik auslautenden Teilbereichen zusammengefasst werden. So beschäftigt sich z. B. die Proteomik mit der Gesamtheit der Proteine, die Genomik mit der Gesamtheit der Gene, dem Genom oder die Metabolomik mit der Gesamtheit der Stoffwechselprodukte, den Metaboliten.



DNA-Chip zum Einsatz in der Genotypisierung.

aufgebaut wurde, werden in Zukunft die Referenzpopulationen auch aus weiblichen Tieren bestehen, die geno- und phänotypisiert sind. Damit soll die Vorhersagegenauigkeit erhöht werden. Große Sequenzierungsnetzwerke wie das „1000-Bullen-Genom-Projekt“³ und der International Bull Evaluation Service Interbull⁴ werden auch zukünftig wertvolle Beiträge zur verbesserten Genauigkeit der Vorhersage und somit einen wichtigen Beitrag zur züchterischen Verbesserung unserer Nutztiere leisten.

Die Implementierung der Genomischen Selektion hat großes Potential, in der zukünftigen Rinderzucht den Zuchtfortschritt zu verbessern, ohne das Wohlbefinden des Tieres zu gefährden. Durch die zukünftige Integration weiblicher Tiere in die Referenzpopulation wird eine mögliche Verzerrung der genomischen Werte durch eine vorselektierte Bullenreferenzpopulation vermindert. Zukünftige Zuchtprogramme könnten spezifisch das populationsweite Kopplungsgleichgewicht berücksichtigen und so diese Probleme reduzieren.

Da die Sequenzierungskosten weiter dramatisch sinken werden, eröffnet dies die Möglichkeit, ganze Populationen zu sequenzieren. Dies ermöglicht in Zukunft die weitere Aufklärung der nachteiligen mono- oder oligogenen Effekte wie z. B. Erbfehler. Phänotyp und Genotyp assoziierte OMICS Analysen werden unerwünschte Nebeneffekte der Selektion aufdecken und so früh der Verbreitung nachteiliger Allele in den Populationen Einhalt gebieten.

Mit der Verfügbarkeit robuster Daten und den Fortschritten der molekularen Genomik wird in Zukunft die Genomische Selektion auch bei Schwein, Schaf, Ziege, Pferd und Geflügel eine große Bedeutung bekommen und auch in diesen Spezies wesentlich zum Zuchtfortschritt beitragen. Auch hier werden die Analysen billiger und die Sequenzdaten sind verfügbar.

Die Genomische Selektion wird in Zukunft mit reproduktionstechnischen und biotechnologischen Methoden zu einem innovativen Fortpflanzungs- und Selektionsmodell weiterentwickelt werden. Hier können präimplantative Embryonen genotypisiert und aus den Genotypendaten der Zuchtwert errechnet werden. Weiterhin kann dann schon zu diesem Zeitpunkt das Geschlecht identifiziert und nach Erbfehlern gesucht werden. Biotechniken wie Multiple Ovulation, Ovum Pick-Up, in vitro Produktion von Embryonen, Genotypisierung und Embryotransfer erlauben die Generationsintervalle zu kürzen, die Sicherheit der genomischen Zuchtwerte zu erhöhen und damit noch effektivere Nutztierzuchtprogramme durchzuführen

Neben der Nutzung kausaler SNPs werden auch weitere Ebenen der funktionellen Genomik (Endophänotypen) zur genaueren Vorhersage die biologischen Effekte von Selektionsentscheidungen mit einbezogen, wie z. B.

- » epigenetische Signaturen (DNA Methylation, Histonmodifikationen),
- » Transkriptomvarianten (Genexpression),
- » nicht-kodierende kurze RNA (miRNAs),
- » post translationale Modifikationen,
- » Metabolitenvariation,
- » Gennetzwerke und
- » molekulare Signalwege, die mit verschiedenen funktionalen Merkmalen (Follikulogenese, Eizellreifung, präimplantative Embryonalentwicklung, Lebensdauer, Gesundheit) bei Nutztieren in Verbindung gebracht werden.

Die Information über die differentielle Genomregulation wird direkt oder indirekt in Beziehung gesetzt zur metabolischen Balance und zur Tiergesundheit wie Mastitis, Fundamentstabilität, Fruchtbarkeit, Energie- und Nährstoffversorgung, kumuliert im Adaptationsvermögen. So werden diese Informationen in zukünftige Tierzuchtprogramme einfließen, um statistische Modelle zu entwickeln, die auch als Entscheidungshilfen im Herdenmanagement im Betrieb eine zentrale Rolle spielen werden. Zukünftige Modelle zur Vorhersage komplexer Phänotypen und Genotypen werden mittels kombinierter, integrierter Analyse auf strukturellen und funktionellen Daten nicht nur auf Populationsebene, sondern auch auf Einzeltierebene zu präimplantativen und frühpostnatalen Zeitpunkten genutzt.

Eine zunehmend starke Bedeutung für Tiergesundheit, Stoffwechselleistung, Immun- und Ernährungsstatus wird der Erforschung der Zusammensetzung und der Funktion des gastrointestinalen Mikrobioms bei Nutztieren zukommen. Die Mikrobiome des Verdauungstrakts werden von externen und internen Faktoren beeinflusst. Unter anderem beeinflusst als interner Faktor der Genotyp des Nutztieres die Zusammensetzung des Mikrobioms. Durch die einzigartige, individuell unterschiedliche Zusammensetzung des Mikrobioms und Interaktion mit dem Nutztier kommt der Genetik der Tiere für die optimale Funktion des Mikrobioms eine wichtige Bedeutung zu. Diese Bedeutung liegt vor allem in der Interaktion mit dem Immunsystem und der effizienten Ausnutzung der Nährstoffe in Futter.

Damit wird das Einzeltier viel mehr im Mittelpunkt stehen, als es bisher in der Populationsgenetik und der quantitativen Genetik üblich war. Die Variabilität des Genoms wird gezielt durch strukturelle und funktionelle Genomsequenzierung bei jedem Zuchttier identifiziert werden und die allostatistischen Anpassungsmöglichkeiten an die Umwelt des individuellen Tieres ermittelt. Die Genotypen werden konkret analysiert und die funktionelle Biodiversität wird in entsprechenden Sammlungen gezielt genutzt. So können Allelreserven genetisch charakterisiert werden und bei Bedarf in Allel Reaktivierungsverfahren eingesetzt werden. Epigenetische Modifikationen spezifischer DNA-Segmente werden Auskunft geben über die Mechanismen der Genotyp-Umwelt Interaktion, wobei ethologische und physiologische Anforderungen zur Adaptation gezielt analysiert werden.

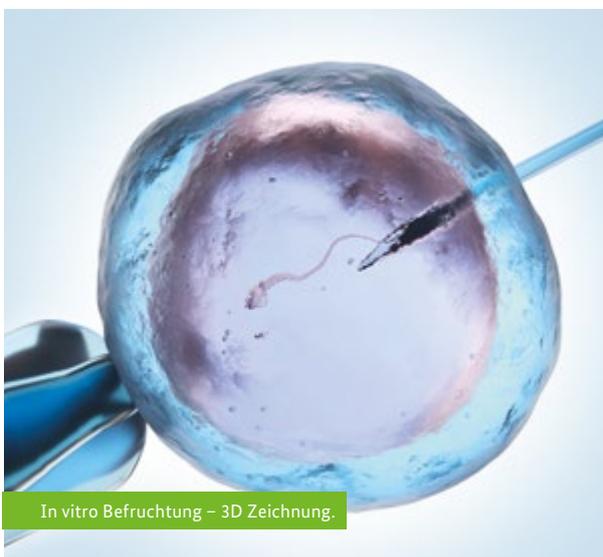
³ <http://www.1000bullgenomes.com/>

⁴ <https://interbull.org/index>

Auch in Zukunft wird sich der Zuchtfortschritt durch die neu entwickelten Züchtungsverfahren weiter verbessern, insbesondere in Richtung einer zielgenauen, nachhaltigen Tierhaltung. Eine Kombination der funktionellen und strukturellen Genomanalytik mit den Fortschritten auf zellbiologischer Ebene, z. B. Erzeugung und Erhaltung pluripotenter Stammzellen, Klonierung, in vitro Gametogenese und in vitro Embryoerzeugung, etc. hat großes Potential, den Zuchtfortschritt bei Nutztieren zu verbessern, wobei vor allem der Fortschritt bei Effizienz und Robustheit bezogen auf Fruchtbarkeit, Nährstoffeffizienz, Stoffwechselstabilität, Krankheitsresistenz und Verhalten im Mittelpunkt der zukünftigen Selektionsmerkmale stehen wird. Mit Hilfe des Gene Editings werden Allelkombinationen geschaffen werden, die optimierte Genotypen vor allem für funktionale Merkmale in den Genpool einbringen werden.

Die genomische Information basierend auf OMICS-Endophänotypen wird zusammen mit modernen Reproduktionstechniken und Biotechnologien zu Stammzellen, Gametogenese,

Eine **nachhaltige Tierhaltung** gilt gemeinhin als wirtschaftlich tragfähig, sozial verträglich und von der Gesellschaft akzeptiert sowie umweltgerecht mit Blick auf natürliche Ressourcen und Umweltwirkung. In der Tierzucht zielt **Nachhaltigkeit** darauf ab, das genetische Potential eines Tieres besser auszuschöpfen mit dem Ziel, mehr Produkte mit weniger Tieren zu produzieren. So werden weniger Ressourcen verbraucht und z. B. der Ausstoß schädlicher Klimagase verringert. Die EU Tierzucht VO spricht als Ziele einer nachhaltigen Tierzucht ebenfalls eine verbesserte Ressourceneffizienz, aber auch eine bessere Widerstandsfähigkeit und Robustheit der Tiere an. Gemäß nationalem Tierzuchtgesetz gilt es in diesem Zusammenhang, die Leistungsfähigkeit, die Tiergesundheit sowie die Robustheit der Tiere zu erhalten und zu verbessern.



In vitro Befruchtung – 3D Zeichnung.

Klonierung, Embryotechnologien oder Gene Editing Selektionsentscheidungen mit hoher Genauigkeit und kurzen Generationsintervallen ermöglichen.

Wichtige Forschungsfelder werden die Verbesserung der Phänotypisierung, der genomischen Vorhersage, des Gene Editing und die biologische funktionelle Beschreibung der additiven und nicht additiven Allelwirkung bei Merkmalen mit Nachhaltigkeitscharakter sein.

Die Fortschritte der Diagnostik mit Mitteln der Molekulargenetik auf den verschiedenen genannten Ebenen werden durch Fortschritte bei der Definition und Erfassung von Merkmalen komplementiert werden. Die Tierzucht war immer schon eine datenbasierte Wissenschaft. Grundlage aller tierzüchterischen Anstrengungen war und ist die Leistungsprüfung. Zukünftig werden aber im Zeitalter der Digitalisierung, Automatisierung und Robotik weitere Daten in sehr großem Umfang anfallen, die sowohl für Zwecke der Verbesserung des Managements von Nutztieren – auch und gerade im Sinne einer Verbesserung des Tierwohls – als auch für züchterische Zwecke genutzt werden können.

Beispiele hierfür sind beim Milchrind:

- » die fortschreitende Digitalisierung und Auswertung von Videodaten aus dem Stall zur Erfassung der Körperkondition, Messung der Futteraufnahme, des Tierverhaltens und der Früherkennung von Krankheiten,
- » Sensortechnologien im Melkstand, welche eine Vielzahl von Parametern beim Melken zu jeder Melkzeit erfassen,
- » Daten aus automatischen Melksystemen, welche für die Erkennung auffälliger Tiere genutzt werden können,
- » Boli, welche im Pansen sowohl permanent die Körpertemperatur als auch den pH-Wert überwachen

und eine Fülle weiterer Daten, wobei ständig technologische Weiterentwicklungen stattfinden. Ähnliche Beispiele könnten auch für andere Nutztierarten genannt werden. Das sich jetzt stellende Problem ist die sinnvolle Verarbeitung dieser sehr großen Datenmengen. Die Tierwissenschaften als Treiber von Innovationen werden sich in immer größerem Maßstab auch mit der Bioinformatik und überhaupt der Informatik vernetzen müssen, um diesen Anforderungen zu begegnen.

Die Tierzuchtforschung sollte im Sinne eines interdisziplinären Systemansatzes enger mit den anderen Tierwissenschaften, insbesondere den Verhaltenswissenschaften, aber auch über den agrarwissenschaftlichen Rahmen hinaus, etwa mit den Bereichen Neurobiologie und Maschinelles Lernen, zusammenarbeiten.



Zusammenfassung und Schlussfolgerungen

von Karl Schellander & Heiner Niemann

Die Tierzucht hat es geschafft, mit Hilfe moderner Zuchtwertschätzverfahren und innovativer Zuchtmethoden Tiere zu züchten, die heute ein Vielfaches von dem leisten, was noch vor wenigen Jahren möglich war. Gemeinsam mit anderen Produktionsfaktoren wie Fütterung, Haltung und Management hat die Tierzucht dazu beigetragen, dass wir heute nicht nur mit weniger Tieren mehr Menschen ernähren, sondern auch, dass die Erzeugung tierischer Produkte wie Milch, Eier oder Fleisch deutlich kostengünstiger und nachhaltiger geworden ist.

Der vielfach vorgebrachte Vorwurf einer einseitigen Leistungszucht auf Milchmenge, Fleischleistung oder Legeleistung lässt die damit durchaus einhergehenden positiven Erfolge außer Acht. Vielmehr sollte bedacht werden, dass Leistungssteigerungen immer auch dazu beitragen, dass weniger Tiere gehalten werden müssen, der CO₂-Ausstoß dadurch verringert und somit Ressourcen wirksam geschont werden können.

So hat sich

- » in Deutschland die Lebendmasse der landwirtschaftlich genutzten Tiere in den letzten 100 Jahren von 11,8 Millionen Tonnen auf nahezu die Hälfte, nämlich auf 6,85 Millionen Tonnen, reduziert,
- » die Zuchtwertschätzung seit vielen Jahren hin zu einem Mehrmerkmalsmodell entwickelt, dass nicht mehr nur auf Leistungsparameter fokussiert, sondern z. B. in der Mastgeflügelzucht inzwischen mehr als 30 Parameter berücksichtigt,
- » die Forschung der Fragestellungen zur Gesundheit, zum Wohlbefinden und zur Ressourceneffizienz längst angenommen,
- » der Energieaufwand je Kilogramm Milch, Fleisch oder Eimasse deutlich reduziert – in den USA zwischen 1944 und 2007 z. B. bei der Milch um insgesamt 37%,
- » der Anteil an Tierverlusten deutlich reduziert,
- » die Gesundheit und Robustheit der Nutztiere erheblich verbessert und nicht zuletzt auch
- » der Aufwand an Ressourcen zur Erzeugung einer Produkteinheit erheblich reduziert.

Selbstverständlich ist es unbestritten, dass mit der ehemals einseitig ausgerichteten Zucht auf Leistung auch Entwicklungen eingeläutet wurden, die dem Tierwohl entgegenstanden. Allerdings konnten die Fehler dank weltweiter Bemühungen inzwischen weitestgehend korrigiert werden. Leistungssteigerungen bei Tieren bleiben für eine globale Ernährungssicherung unabdingbar.

Die aktuelle Struktur der praktischen Tierzucht in Deutschland ist geprägt von bäuerlichen, mittelständischen Organisationen, die sich einem globalen Wettbewerb stellen müssen. Dabei müssen zwei Dinge erfolgreich miteinander verbunden werden: Zum einen haben die Organisationen die Aufgabe, die Interessen ihrer Mitglieder zu vertreten, zum anderen sind sie auf eine enge Zusammenarbeit mit der Wissenschaft und deren Erkenntnisse angewiesen. Ersteres kann nur gelingen, wenn das angestrebte Zuchtziel auch einzelbetriebliche Erfordernisse nach gesunden und leistungsstarken Tieren berücksichtigt, die möglichst wenig Kosten verursachen und damit die Wirtschaftlichkeit der Tierhaltung sichern. Daneben werden aber auch Anforderungen an z. B. den Klimaschutz, den Tierschutz und das Tierwohl sowie die Biodiversität zunehmend bedeutsam und müssen bei der Zuchtarbeit berücksichtigt werden. Leistungsanforderungen können sowohl ökonomisch als auch genetisch negativ miteinander korreliert sein, was sich am Beispiel des oft versuchten, aber nie erreichten Zweinutzungshuhns gut zeigen lässt.

Die Anwendung und Weiterentwicklung der Erkenntnisse der Tierwissenschaften ist daher unerlässlich. Mit Einführung der Populationsgenetik in die praktische Tierzucht vor rund 60 Jahren und deren Weiterentwicklung über neue statistische Methoden und mit Hilfe der weiter entwickelten Computertechnik wurden wichtige Voraussetzungen bis hin zur Formulierung von Selektionsindices und Zuchtprogrammen geschaffen. Sehr bedeutsam waren auch Fortschritte in der Reproduktionstechnik, wie die künstliche Besamung und Embryotransfer und assoziierte Biotechnologien. Die Entschlüsselung der tierartspezifischen Genome und die daraus entwickelte Genomische Selektion erlauben es heute, wesentlich früher und genauer den Genotyp zu bearbeiten und insbesondere bei den Fitnessmerkmalen positive Verbesserungen zu erzielen.

Die größte Herausforderung von Tierzuchtforschung und Praxis wird es sein, angesichts eines neuen Mensch-Tier-Verhältnisses nicht nachzulassen, die bereits vorhandene leistungsstarke, nachhaltige und effiziente Tierhaltung weiter zu verbessern. So kann wissenschaftsbasiert und ethisch verantwortlich auch zukünftig die Versorgung mit hochwertigen tierischen Produkten sichergestellt werden.

Anhang

Glossar

von Heiner Niemann

Allel – (aus dem Griechischen „*ἀλλήλων* allélon = einander, gegenseitig“) bezeichnet eine mögliche Ausprägung eines Gens, das sich an einem bestimmten Ort auf einem Chromosom befindet. Durch geringfügige Variationen in der Basensequenz der DNA entstehen verschiedene Ausprägungsformen = Allele von Genen.

Anthropozän – (von Altgriechisch *ἄνθρωπος* *ánthropos* = Mensch“ und „*καινός* = neu“) ist ein Vorschlag zur Benennung einer neuen geochronologischen Epoche, nämlich des Zeitalters, in dem der Mensch zu einem der wichtigsten Einflussfaktoren auf die biologischen, geologischen und atmosphärischen Prozesse geworden ist.

Biodiversität – auch Biologische Vielfalt.

Biosphäre – bezeichnet die Gesamtheit der von Lebewesen besiedelten Schichten der Erde.

BLUP – als Abkürzung von „Best Linear Unbiased Prediction“ (zu Deutsch etwa „beste lineare unverzerrte Vorhersage“) ist eine statistische Methode zur Zuchtwertschätzung.

Chip/Array – Die DNA-Chip-Technologie, auch DNA-Microarray ist eine biochemische und bioinformatische Methode zur Bestimmung von Mengen unterschiedlicher DNA. Sie ist eine Variante des Microarrays (Synonym Chip)

mit DNA. Microarrays dienen vor allem der Bestimmung relativer Änderungen der Genexpression. Eigentlich werden die Unterschiede in der Menge der mRNA aus zwei verschiedenen, behandelten Zellen gemessen. Da DNA aber viel robuster als RNA ist, nutzt man Reverse Transkriptase, um aus der zellulären RNA cDNA zu gewinnen. Diese bindet dann an die immobilisierten DNA-Sonden auf DNA-Chips.

Chromosom – ist ein langer, kontinuierlicher Strang aus DNA, der als Doppelhelix um eine Vielzahl von Histonen (Kernproteinen) herumgewickelt und mehrfach zu einer kompakten Form spiralisiert zusammen mit anderen Chromosomen während der Kernteilung einer eukaryontischen Zelle sichtbar wird. Alle Lebewesen haben eine spezifische Anzahl an Chromosomen.

Deletion – bezeichnet den Verlust eines Chromosomenstückes.

DNA – Abkürzung für Desoxyribonukleinsäure (aus dem Englischen „deoxyribonucleic acid“): eine Nukleinsäure, die sich als Polynukleotid aus einer Kette von vielen Nukleotiden zusammensetzt.

DNA-Sequenzierung – Bestimmung der Nukleotid-Abfolge in einem DNA-Molekül.

Domestikation – auch Domestizierung (aus dem Lateinischen „domesticus = häuslich“) ist ein innerartlicher Veränderungsprozess von Wildtieren oder Wildpflanzen, bei dem diese durch den Menschen über Generationen hinweg von der Wildform genetisch isoliert werden. Wildtiere werden durch Domestikation zu Haustieren, Wildpflanzen werden zu Kulturpflanzen. Dadurch und durch die weitere Züchtung wird eine Nutzung durch den Menschen oft erst möglich oder die Nutzbarkeit kann enorm verbessert werden.

Endophänotyp – ist ein Begriff aus der genetischen Epidemiologie und wird verwendet, um Verhaltenssymptome in stabilere Phänotypen mit einer deutlichen genetischen Verbindung zu unterteilen.

Epigenetik – Der Begriff „epi“ stammt aus dem Griechischen und bedeutet so viel wie „darüber“ oder „obendrauf“. Grundlage der Epigenetik sind Veränderungen an den Chromosomen, die sich auf die Aktivität von einzelnen oder mehreren Genen auswirken. Es handelt sich insbesondere um Methylierungen am Cytosin des DNA- Moleküls und biochemische Modifikationen der Histonproteine, die die DNA „verpacken“.

Genchip – Siehe Chip/Array

Genduplikation – bezeichnet in der Genetik eine Verdopplung eines bestimmten Abschnitts eines Chromosoms, also die dauerhafte Verdoppelung einzelner Gene oder Gengruppen (mit anschließender getrennter Entwicklung).

Genealogie – ist eine historische Hilfswissenschaft der Familiengeschichtsforschung, allgemeinsprachlich auch Familienforschung oder Ahnenforschung.

Gene Editing – auch: Genome Editing oder Genomchirurgie, zu Deutsch auch Genom-Editierung, ist ein Sammelbegriff für molekularbiologische Techniken zur zielgerichteten Veränderung von DNA meist mit Hilfe von DNA-Nukleasen, einschließlich des Erbguts von Pflanzen, Tieren und Menschen.

Gene Targeting – zu Deutsch gezielte Genmodifikation, ist eine Technik, die die homologe Rekombination (Neuanordnung) von genetischem Material (DNA, RNA) in den Zellen ausnutzt, um ein endogenes Gen zu verändern; im engeren Sinne Austausch von Allelen. Durch Rekombination kommt es zu neuen Gen- und Merkmalskombinationen. Die Methode kann verwendet werden, um Gene, Anteile im Gen (Exons) zu entfernen oder andere Genmutationen einzuführen. Gene Targeting kann permanent sein, aber auch konditionell reguliert, von gewissen Bedingungen abhängig, induziert werden. Gene Targeting kann für jedes Gen angewendet werden, unabhängig von der Transkriptionsaktivität oder der Gengröße. Mit Hilfe des Gene Editings kann Targeting relativ einfach auch in komplexen Organismen induziert werden.

Genetische Variation – auch: genetische Variabilität, ist die Grundlage der Entstehung und Fortentwicklung von Arten im Zuge der Evolution. Im Laufe der Evolution ändert sich

die Häufigkeit, mit der bestimmte Allele in einer Population auftreten. Die genetische Variation führt innerhalb der Population zum Polymorphismus.

Genfrequenz – auch Genhäufigkeit: die Häufigkeitsberechnung bezieht sich nicht auf die Gesamtpopulation, sondern auf das Genom eines Individuums.

Genkarte – zeigt die lineare Anordnung der Gene im Genom eines Organismus. Man unterscheidet dabei genetische und physikalische Genkarten. Auf einer genetischen Karte ist die Reihenfolge von Genorten, auf einer physikalischen Genkarte die genauen Abstände zwischen Genen gemessen in Basenpaaren eingetragen.

Genmarker, DNA-Marker – Als Marker (auch Markergen, DNA-Marker oder molekularer Marker genannt) bezeichnet man in der Molekularbiologie z. B. eindeutig identifizierbare, kurze DNA-Abschnitte, deren Ort im Genom bekannt ist, z. B. SNP (Single Nucleotide Polymorphisms).

Genom, Gennetzwerke – umfasst die gesamte genetische Information einer Zelle. Der Begriff umfasst also das Erbgut innerhalb des Zellkerns, der Mitochondrien und Plastiden (diese nur in pflanzlichen Zellen), im engeren Sinne die gesamte Information des Erbguts innerhalb des Zellkerns einer Zelle.

Genomischer Zuchtwert – Bei der genomischen Selektion wird das erbliche Potential eines Tieres (d.h. der Zuchtwert) unter Einbezug von Tausenden von Markern, die über das ganze Erbgut verteilt sind, geschätzt. Ein Marker ist in diesem Fall ein SNP. SNPs können sich im Labor relativ kostengünstig und bereits beim Jungtier – mittlerweile sogar bei einem Embryo – bestimmt werden.

Genotyp – ist die Gesamtheit der Erbfaktoren eines Lebewesens.

Herdbuch – auch: Zuchtbuch oder Zuchtstammbuch, ist eine von einem Zuchtverband geführte geordnete Zusammenstellung beglaubigter Abstammungsnachweise von Zuchttieren, Haustierrassen, Tierfamilien oder Tierstämmen.

Heritabilität – auch: Vererbbarkeit, Symbol h^2 , ist ein Maß für die Erbllichkeit von Eigenschaften, bei deren phänotypischer Ausbildung sowohl die Gene als auch Umwelteinflüsse eine Rolle spielen.

Heterosis – Der Heterosis-Effekt bezeichnet in der Genetik, der Tierzucht und auch der Pflanzenzucht, die besonders ausgeprägte Leistungsfähigkeit von Hybriden (Mischlingen), beispielsweise von Nachkommen zweier verschiedener Tier- rassen oder Pflanzensorten. Von einem Heterosis-Effekt wird gesprochen, wenn die beobachtete Leistung der ersten Filial- generation (F1) höher ist als die durchschnittliche Leistung bei den Ausgangsrassen oder -sorten (Parentalgeneration, Elterngeneration).

Insertion – bezeichnet in der Genetik bei einer Genmutation den Einbau von zusätzlichen Nukleotiden oder DNA-Sequenzen in eine DNA-Sequenz.

In vitro Gametogenese – ist die Ausbildung funktionaler Keimzellen (Spermien, Eizellen) unter in vitro Kulturbedingungen.

Knockout – auch: Gen-Knockout, ist das vollständige Abschalten (aus dem Englischen „knock-out = außer Gefecht setzen“) eines Gens im Genom eines Organismus. Das Abschalten des Gens wird durch Gene Targeting erreicht oder über Gene Editing durch Mutation beider Allele eines Gens.

Kombinationskreuzung – ist ein Zuchtverfahren, bei dem zwei oder mehr Populationen zur Schaffung völlig neuer Rassen mit bestimmten Eigenschaften gekreuzt werden (im Gegensatz zur Veredlungs- oder Verdrängungszucht).

Landrasse – auch: Naturrasse, ist üblicherweise eine Rasse, die sich in einem Gebiet mit traditioneller Landwirtschaft ohne systematische Züchtung gebildet hat.

Markergestützte Selektion – nutzt Genmarker zur Auswahl von Tieren oder Pflanzen mit gewünschten Eigenschaften. Bei dieser Züchtungsmethode wird demnach der Genotyp zur Selektion herangezogen.

Merkmalsantagonismus – Gegensätzliche genetische Effekte, die die Zucht in eine Richtung begrenzen können, z. B. Milchleistung : Fruchtbarkeit oder Legeleistung : Fleischleistung.

Mikrosatelliten – auch: „Simple Sequence Repeats (SSR) oder „short tandem repeats“ (STR) sind kurze, meist nicht-codierende DNA-Sequenzen von zwei bis sechs Basenpaaren Länge, die im Genom eines Organismus oft wiederholt werden. Oftmals konzentrieren sich viele Wiederholungen an derselben Position einer Sequenz (Locus).

Modellierung – Erstellung eines Modells, einer vereinfachten Nachbildung wesentlicher Strukturen und Funktionen komplizierter und komplexer Gebilde der Wirklichkeit, um eine bestimmte Aufgabe zu lösen, deren Bewältigung am Original unmöglich oder unzuweckmäßig ist.

Monitoring – auch: Überwachung von Vorgängen, z. B. die regelmäßige Ermittlung von Kennzahlen der genetischen Vielfalt von Nutztierpopulationen zur Beschreibung der genetischen Variabilität innerhalb von Populationen sowie der Vielfalt von Rassen

Mono-/oligogene Effekte – sind Effekte, die entweder von einem Gen (mono-) oder mehreren Genen (oligo-) beeinflusst werden.

Mutation – vom Lateinischen „mutatio = Veränderung“, ist eine spontane, d.h. natürlich verursachte, oder durch Mutagene induzierte Veränderung des Erbguts (Veränderung der Basensequenz), die sich möglicherweise phänotypisch manifestiert. Von einer kausalen Mutation spricht man, wenn die Mutation eines Gens verantwortlich ist für einen bestimmten Phänotyp. Im Gegensatz dazu gibt es Mutationen, bei denen kein Phänotyp nachgewiesen werden kann.

Nicht-kodierende kurze RNA (miRNAs) – microRNAs (vom Griechischen „micros = klein“), abgekürzt miRNA oder miR, sind kurze, hoch konservierte, nichtcodierende RNAs, die eine wichtige Rolle in dem komplexen Netzwerk der Genregulation spielen. MicroRNAs regulieren die Genexpression hochspezifisch auf der post-transkriptionalen Ebene.

Non-homologous endjoining (NHEJ) – ist ein Mechanismus zur DNA-Reparatur von DNA-Doppelstrangbrüchen. Im Gegensatz zur Homologie-gerichteten Reparatur werden bei der NHEJ die getrennten Stränge unabhängig von ihrer Sequenz wieder zusammengefügt. Da es bei diesen Prozessen üblicherweise zu Substanzverlusten kommt, ist dieser Mechanismus fehleranfällig.

Off-target Mutation – ist ein Begriff aus dem Gene Editing: ungewollte Veränderung der DNA an Stellen im Genom, die nicht der Zielposition entsprechen. Oft liegt dies daran, dass der ungewollt veränderte Abschnitt nur wenige Basenpaare lang ist und eine große Ähnlichkeit mit der Zielregion aufweist.

OMIK/OMICS – (aus dem Griechischen = weiblich; im Englischen -omics) macht als Suffix Teilgebiete der modernen Biologie kenntlich, die sich mit der Analyse von Gesamtheiten ähnlicher Einzelelemente beschäftigen, also dem gesamten Genom (Genomics), Transkription (Transcriptomics) oder Proteom (Proteomics).

Phänotyp – umfasst alle sichtbaren Eigenschaften eines Organismus; Erscheinungsbild eines Merkmals.

Phänotypisierung – bezeichnet die Ermittlung des Phänotyps.

Pluripotente Zellen – (aus dem Lateinischen „plus = mehr“ und „potentia = Vermögen, Kraft“) bezeichnet (Stamm-) Zellen, welche die Fähigkeit besitzen, sich zu Zellen der drei Keimblätter (Ektoderm, Entoderm, Mesoderm) und der Keimbahn eines Organismus zu entwickeln. Sie können zu jedem Zelltyp eines Organismus differenzieren, da sie noch auf keinen bestimmten Gewebetyp festgelegt sind. Jedoch sind sie, im Gegensatz zu totipotenten Stammzellen, nicht mehr in der Lage, einen gesamten Organismus zu bilden, da pluripotente Zellen keine extraembryonalen Gewebe bilden können.

Post-translationale (Protein-)Modifikationen – sind Veränderungen von Proteinen, die nach der Translation stattfinden. Die meisten werden durch den Organismus oder durch die Zellen selbst ausgelöst.

Präimplantative Embryonen – bezeichnet das frühe Embryonalstadium, vor der Anheftung an die Gebärmutterwand. Dieser Zeitraum ist speziesabhängig. In diesem Zeitraum können die Embryonen relativ leicht aus der Gebärmutter ausgespült werden.

Precision Animal Breeding – Im Deutschen „Präzisionstierzucht“ oder zielgenaue Zucht beinhaltet eine Reihe innovativer genetischer (Gene Editing) und digitaler Methoden (Sensoren, spezifische Kameras, Mikrofone, oder Robotertechnologie) für eine möglichst zielgenaue Züchtung.

Polymorphismus – bezeichnet in der Biologie bzw. Genetik das Auftreten von Sequenzvariationen in den Genen einer Population.

Populationsgenetik – ist ein Zweig der Genetik, der Vererbungsvorgänge innerhalb biologischer Populationen untersucht.

quantitative trait locus (QTL) – ist ein Abschnitt eines Chromosoms, für den in entsprechenden Studien ein Einfluss auf die Ausprägung eines quantitativen (stetigen) phänotypischen Merkmals des betreffenden Organismus nachgewiesen wurde. Quantitative Merkmale wie zum Beispiel die Körpergröße und das Körpergewicht sind ohne Abstufung auf einer kontinuierlichen Skala messbar.

Reprogrammierung – ist die Umkehrung der Differenzierung von adulten Zellen in Zellen mit pluripotenten Eigenschaften, z. B. beim somatischen Klonen oder durch Einschleusung von Pluripotenzfaktoren, ist im Wesentlichen ein epigenetischer Prozess.

Signalübertragung – auch: Signaltransduktion, Signalüberführung oder Signalübermittlung sind Prozesse, mittels deren Zellen zum Beispiel auf äußere Reize reagieren, diese umwandeln, als Signal in das Zellinnere weiterleiten und über eine Signalkette zum zellulären Effekt führen. An diesen Prozessen ist oft eine Vielzahl von Enzymen und sekundären Botenstoffen beteiligt, in einer Ebene oder auf mehreren nacheinander geschalteten Ebenen (Signalkaskade).

single nucleotide polymorphism (SNP) – (ausgesprochen: „snip“, zu Deutsch (unüblich) etwa Einzelnukleotid-Polymorphismus) ist die Variation eines einzelnen Basenpaares in einem komplementären DNA-Doppelstrang. SNPs sind geerbte und vererbte genetische Varianten. Begrifflich davon abzugrenzen ist der Begriff der Mutation, der in der Regel eine neu aufgetretene Veränderung bezeichnet.

Transfektion – ist das Einbringen von Fremd-DNA oder RNA in tierische und teilweise auch andere eukaryotische Zellen.

Transkription – (aus dem Lateinischen „transcribere = Umschreiben“) ist der erste Schritt in der Proteinbiosynthese und für die Umschreibung der DNA zu mRNA verantwortlich. Die DNA befindet sich im Zellkern (Nukleus) der Zelle. An diesem Ort können keine Proteine hergestellt werden. Im Rahmen der Proteinbiosynthese muss der genetische Code deshalb aus dem Zellkern zu den Ribosomen (Ort der Proteinbiosynthese) gebracht werden. Dies geschieht über die sogenannte mRNA (messenger-RNA), die eine komplementäre Kopie eines Teilstücks der DNA repräsentiert.

Transkriptomvarianten – sind unterschiedliche Ausprägungen der Transkriptionsaktivität (mRNA Expression), damit können Varianten in der Genexpression entstehen.

Translation – ist ein Teilprozess der Proteinbiosynthese. Sie bezeichnet die Übersetzung von Informationen, die in der Basensequenz der mRNA enthalten sind, in die Aminosäuresequenz der Proteine. Die mRNA vereinigt sich im Zytoplasma mit den Ribosomen, an denen das Polypeptid gebildet wird. Während die Ribosomen an der mRNA entlanggleiten, wird deren genetische Information in die Aminosäuresequenz des zu bildenden Proteinmoleküls übersetzt.

Verwandtschaftsmatrix – Die genomische Verwandtschaft wird aufgrund von DNA-Informationen geschätzt. Die genomische Verwandtschaftsmatrix definiert die Kovarianz zwischen Individuen aufgrund von Ähnlichkeiten auf dem Niveau der genomischen Information.

Wartebulle – ist ein Zuchtbulle, der so lange gehalten wird, bis die Leistungsprüfungsergebnisse seiner Töchter vorliegen.

Zuchtwertschätzung – Verschiedene normierte Verfahren, um in der Tierzucht den Genotyp eines Individuums anhand des Phänotyps dieses Individuums und seiner Familie abzuschätzen und ihn von durch Umweltfaktoren bedingten Modifikationen abgrenzen zu können. Definition laut Tierzuchtgesetz: ein statistisches Verfahren zur Schätzung des Zuchtwertes von Tieren im Sinne des Artikels 2 Nummer 16 der Verordnung (EU) 2016/1012 im Rahmen eines genehmigten Zuchtprogramms.

Zygote – Stadium in der frühen Embryonalentwicklung, bei dem bei der Befruchtung aus der Verschmelzung der Kerne der männlichen (Spermium) und weiblichen Keimzelle (Oozyte oder Eizelle) eine diploide Zelle entsteht, aus der sich ein Lebewesen entwickeln kann. Die erste Teilung der Zygote führt zum 2-Zellembryo, der sich dann fortlaufend weiterteilt im Verlauf der Embryonal- und Fetalentwicklung.

Literaturverzeichnis

Ausgewählte Arbeiten

- Bastiaansen JWM, Bovenhuis H, Groenen MAM, Megens HJ, Mulder HA et al. (2018) The impact of genome editing on the introduction of monogenic traits in livestock. *Genetics Selection Evolution* Vol. 50, Article number: 18 (2018).
- Beja-Pereira A, Caramelli D, Lalueza-Fox C et al. (2006) The origin of European cattle: evidence from modern and ancient DNA. *Proc Natl Acad Sci USA* 103:8113-8118.
- Bennett et al. (2018) The broiler chicken as a signal of a human reconfigured biosphere. *R. Soc. Open sci* 5: 180325, <http://dx.doi.org/10.1098/rsos.180325>.
- Blasco A, Toro MA (2014) A short critical history of the application of genomics to animal breeding. *Livestock Science* 166:4-9.
- Bradford MW, Bradley DG, Luikart G (2003) DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. *Nat Rev Genet* 4:900-910.
- BMEL (2008) Tiergenetische Ressourcen in Deutschland: Nationales Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung tiergenetischer Ressourcen in Deutschland.
- Connolly J, Colledge S, Dobney K et al. (2011) Meta-analysis of zooarchaeological data from SW Asia and SE Europe provides insight into the origins and spread of animal husbandry. *J Archeol Sci* 38:538-545.
- Diamond J (2002) Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. *Nature* 418:700-707.
- Gerbault P, Allaby RG, Boivin N et al. (2014) Storytelling and story testing in domestication. *Proc Natl Acad Sci USA* 111:6159-6164.
- Gianola D, Rosa GJM (2015) One hundred years of statistical developments in animal breeding. *Annu Rev Anim Biosci* 3:19-56.
- Goddard ME (2009) Genomic selection: Prediction of accuracy and maximisation of long term response. *Genetica* 136: 245 -257. doi:10.1007/s10709-008-9308-0
- Goddard ME and Hayes BJ (2009) Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes. *Nature Rev Genet* . 10 381-91. 2009. doi: 10.1038/nrg2575.
- Gonen S, Jenko, J Gorjanc G et al. (2017) Potential of gene drives with genome editing to increase genetic gain in livestock breeding programs. *Genet Sel Evol* 49:3 DOI 10.1186/s12711-016-0280-3.
- Hauschild, J, Petersen B, Santiago Y, Queisser AL, Carnwath JW, Lucas-Hahn A, Zhang L, Meng X, Gregory PD, Schwinger R, Cost GJ, Niemann H (2011): Efficient generation of a biallelic knockout in pig using zinc-finger nucleases. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 108, 29, 12013 – 12017, doi: 10.1073 / pnas.1106422108.
- Hayes BJ, Lewin HA, Goddard ME (2013) The future of livestock breeding: genomic selection for efficiency, reduced emissions intensity, and adaptation. *Trends in Genetics* 29:206-214.
- Henderson CR (1973) Sire evaluation and genetic trends. *Proc. Anim. Breed. Genet. Symp. in Honor of J.L. Lush. ASAS and ADSA, Champaign, Ill.* p 10-41 <https://doi.org/10.1093/ansci/1973.Symposium.10>
- Hickey JM, Chiurugwi T, Mackay I, Powell W & Implementing Genomic Selection in CGIAR Breeding Programs Workshop Participants (2017) Genomic prediction unifies animal and plant breeding programs to form platforms for biological discovery. *NATURE GENETICS* 49 (9): 1297-1303 <http://dx.doi.org/10.1038/ng.3920>
- Jenko J, Gorjanc G, Cleveland MA, Varshney RK, Whitelaw CBA, Wooliams JA, Hickey JM (2015) Potential of promotion of alleles by genome editing to improve quantitative traits in livestock breeding programs. *Genetics Sel. Evolution* 47, 55.
- Larson G, Albarella U, Dobney K et al. (2007) Ancient DNA, pig domestication, and the spread of the Neolithic into Europe. *Proc Nat Acad Sci USA* 104:15276-15281.
- McHugh DE, Bradley DG (2001) Livestock genetic origins: goats buck the trend. *Proc Natl Acad Sci USA* 98:5382-5384.
- Meuwissen THE, Hayes BJ, Goddard ME (2001) Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* 157:1819-1829.
- Petersen B, Niemann H (2015) Molecular scissors and their application in genetically modified farm animals. *Transgenic Res* 24:381-396.
- Rendel JM, Robertson A (1950) Estimation of genetic gain in milk yield by selection in a closed herd of dairy cattle. *Genetics* 50: 1-8.
- Robertson A, Rendel JM (1950) The use of progeny testing with artificial insemination in dairy cattle. *Genetics* 50: 21-31.

Rothschild MF, Plastow G (2014) Applications of genomics to improve livestock in the developing world. *Livestock Science* 166:76-83.

Schafberg R, Swalve HH (2015) The history of breeding for polled cattle. *Livestock Science* 179:54-70.

Shendure J, Balasubramanian S, Church GM et al. (2017) DNA sequencing at 40: past, present and future. *Nature* 550:345-353.

Simianer H, Pook T, Schlather M (2018) Turning the PAGE - the potential of genome editing in breeding for complex traits revisited. *Proceedings World Congress Genetics Applied to Livestock Production*, 11.190
<http://www.wcgalp.org/system/files/proceedings/2018/turning-page-potential-genome-editing-breeding-complex-traits-revisited.pdf>

Swalve HH, König S (2007) Testherden in Zuchtprogrammen für Milchrinder. 1. Mitteilung: Allgemeine Überlegungen. *Züchtungskunde* 79 (4): 429 - 262

Singer, P (1975) *Animal Liberation. Die Befreiung der Tiere.* Übersetzt von Claudia Schorcht. Harald Fischer, Erlangen 2015, ISBN 978-3-89131-532-3

Tautz D, Reeves G, Pallares, LF (2020) New experimental support for long standing concepts of polygenic genetics implies that the Mendelian genetic paradigm needs to be revised; *The New (Old) Genetics, Version 1.0* ; DOI: https://doi.org/10.34714/leopoldina_nal-live_0001_01000.

Telugu BP, Donovan DM, Mark B et al. (2016) Genome editing to the rescue: sustainably feeding 10 billion global human population. *NIB Journal* dx.doi.org/10.2218/natlinstbiosci.1.2016.1743.

Autoren

Dr. Bernhard Polten

Vorwort - Initiator und Moderator

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
 Referat 715 - Tier und Technik, Digitalisierung
 der Abteilung 7
 Rochusstr. 1
 53123 Bonn

Prof. Dr. Heiner Niemann

Einleitung, 1, 2, 3.3, 8, Glossar

Leiter des Instituts für Nutztiergenetik (FLI) bis 8/2018
 In Mariensee, Neustadt a. Rbge.
 aktuell:
 Medizinische Hochschule Hannover (MHH)
 Klinik für Gastroenterologie, Hepatologie und
 Endokrinologie
 Carl Neuberg Str 1
 30625 Hannover

Prof. Dr. Hermann H. Swalve

Kapitel 2, 3

Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften
 Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
 Theodor-Lieser-Str. 11
 06120 Halle (Saale)

Dr. Johanne Waßmuth

Kapitel 4, 5

Niedersächsisches Ministerium für Ernährung,
 Landwirtschaft und Verbraucherschutz
 Referatsteilung - 102.2 - Tierhaltung, Fleischwirtschaft
 Calenbergerstr. 2
 30169 Hannover

Dr. Otto Werner Marquardt

Kapitel 4

Deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde e.V. (DGfZ)
 Präsidium
 Adenauerallee 174
 53113 Bonn

Prof. Dr. Ruedi Fries

Kapitel 6

Lehrstuhl für Tierzucht
 Technische Universität München
 Liesel-Beckmann-Str. 1
 85354 Freising

Prof. Dr. Karl Schellander

Kapitel 7, 8

Institut für Tierwissenschaften
 Tierzucht und Tierhaltung
 Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn
 Endenicher Allee 15
 53115 Bonn

Weiterführende Medien



Nutztierstrategie – Zukunftsfähige Tierhaltung in Deutschland

Ziel der Nutztierstrategie ist es, der Nutztierhaltung in Deutschland eine Zukunft zu geben und sie als hochentwickelten Sektor weiterhin zu verbessern. Tier- und Umweltschutz sind dabei genauso beachtete Kriterien wie Qualität bei der Produktion und Marktorientierung.

Broschüre, DIN A4, 44 Seiten, Erstauflage, 2019, zu beziehen über www.bmel.de/publikationen



Rote Liste einheimischer Nutztierassen in Deutschland

Brillenschaf, Thüringer Barthuhn, Rotbuntes Husumer Schwein und das Pinzgauer Rind, sie alle sind einheimische Nutztierassen. Die Broschüre gibt eine Übersicht über die 162 einheimischen Nutztierassen in Deutschland. Jede Rasse wird auf je einer Seite vorgestellt: Mit Foto, mit ihren typischen Merkmalen, ihren Einsatzmöglichkeiten und ihrer Geschichte. Auch die Anzahl der Tiere/Rasse und damit deren Gefährdungsgrad werden angegeben. Denn die meisten der vorgestellten Rassen sind (leider) gefährdet. Es wird viel getan, um diese Rassen zu erhalten und wieder mehr zu nutzen. Es gibt z. B. Förderprämien für die Zucht von gefährdeten Rassen und Marketing für regionale Rassen. Auch in der Landschaftspflege sind alte Rassen unschlagbar.

Broschüre, DIN A5, 216 Seiten, Erstauflage, 2019, Bestell-Nr.: 0136

BZL-Medien



Gesamtbetriebliches Haltungskonzept Schwein - Mastschweine

Zukünftige Haltungssysteme für Mastschweine müssen der gesellschaftlichen Forderung nach „mehr Tierwohl“ gerecht werden. Gleichzeitig müssen sie umweltgerecht, klimaschonend und wettbewerbsfähig sein. Eine bundesweit zusammengesetzte Expertengruppe hat Lösungsansätze zur zukünftigen Mastschweinehaltung erarbeitet. Für die Praxis, Beratung und Bildung bietet die Broschüre konkrete Vorschläge zu folgenden Themen:

- » Zukunftsfähige Stallmodelle unter Berücksichtigung von Buchtenstruktur, Platzangebot und Liegeflächengestaltung
- » Fütterungs-, Entmistungs- und Stallklimatechnik,
- » Einbringen von organischem Material in die Buchten im Rahmen der Fütterung, als Beschäftigungsmöglichkeit und Einstreu
- » Beurteilung der Eignung von Futtermitteln und organischen Beschäftigungsmaterialien als Rohfaserträger zur Förderung der Tiergesundheit.

Die neu entwickelten Stallmodelle wurden unter einem gesamtbetrieblichen Ansatz auch hinsichtlich veterinärmedizinischer und immissionsschutzrechtlicher Anforderungen bewertet und ökonomisch beurteilt.

20 Planungsbeispiele, jeweils mit Grundriss und Schnitt, sind enthalten.
Broschüre, DIN A4, 116 Seiten, Erstauflage, 2019, Bestell-Nr.: 1007



Rinderrassen

Poster

Das Poster zeigt Kühe von 30 Rinderrassen auf einen Blick, eingeteilt in die Kategorien Milchrind, Fleischrind und Zweinutzungsrasen. Seit über 8 000 Jahren züchten Menschen Rinder. In jeder Region entstanden eigene Rassen, die an die örtlichen Gegebenheiten besonders gut angepasst waren. Rinder wurden als Arbeitstiere, Milch- und Fleischlieferanten gezüchtet. Im Laufe der Zeit entwickelte sich das Rind vom Alleskönner zum reinen Milch- oder Fleischrind. Das Poster ist gut für den Einsatz in der Aus- und Weiterbildung geeignet.

Poster, DIN A4, 2 Seiten, 4. Auflage, 2020, Bestell-Nr.: 3983



Düngeverordnung 2020

Was die Düngeverordnung für die landwirtschaftliche und gärtnerische Praxis bedeutet, ist Inhalt der neuen Broschüre „Düngeverordnung 2020“. Die überarbeitete Düngeverordnung ist am 1. Mai 2020 in Kraft getreten. Zum 1. Januar 2021 werden auch die neuen Regelungen für die „roten“ Gebiete (mit Nitrat belastete und eutrophierte Gebiete) wirksam. „Düngeverordnung 2020“ informiert über die aktuelle Rechtslage und stellt vor, was sich für die Düngung und bezüglich der Aufbringungstechnik geändert hat. Die Broschüre beschreibt und erklärt Aufbringungsbeschränkungen, Sperrzeiten und Obergrenzen für organische Düngemittel. Ein Schwerpunkt sind auch die Informationen zu den Regelungen in mit Nitrat belasteten und eutrophierten Gebieten. Außerdem informiert sie über aktuelle Aufzeichnungspflichten und Ordnungswidrigkeiten. Die Broschüre wurde mit maßgeblicher Unterstützung von Expertinnen und Experten der Bundesbehörden, der Bundesforschungseinrichtungen, der Landwirtschaftsministerien und der Beratungsorganisationen der Länder erstellt. Sie bietet damit eine komprimierte Zusammenfassung der wesentlichen Informationen zur aktuellen Düngeverordnung.

Broschüre, DIN A4, 76 Seiten, 3. Auflage, 2020, Bestell-Nr.: 1756

Was bietet das BZL?

Internet

www.landwirtschaft.de

Vom Stall und Acker auf den Esstisch – Informationen für Verbraucherinnen und Verbraucher

www.praxis-agrar.de

Von der Forschung in die Praxis – Informationen für Fachleute aus dem Agrarbereich

www.bzl-datenzentrum.de

Daten und Fakten zur Marktinformation und Marktanalyse

www.bildungsserveragrar.de

Gebündelte Informationen zur Aus-, Fort- und Weiterbildung in den Grünen Berufen

Social-Media

Folgen Sie uns auf Twitter und YouTube



@bzl_aktuell



YouTube

Medienservice

Alle Medien erhalten Sie unter www.ble-medienservice.de



Unsere Newsletter

www.landwirtschaft.de/newsletter
www.praxis-agrar.de/Newsletter

Impressum

0132/2021

Herausgeberin

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE)
 Präsident: Dr. Hanns-Christoph Eiden
 Deichmanns Aue 29
 53179 Bonn
 Telefon: +49 (0)228 6845-0
 Internet: www.ble.de

Redaktion

Babette Breuer, Dr. Volker Bräutigam
 beide BZL in der BLE

Text

Siehe Autorenliste auf Seite 63

Grafik

Arnout van Son, Alfter

Bilder und Abbildungen:

agrarfoto: Titelfoto (Huhn, Rind), Seite 14, 15, 17, 21, 22, 39,
 41, 48, 51

agrarpres: Titelfoto (Schwein), Seite 23, 45, 46

BLE: Seite 33 (Thomas Stephan), 38 (BZL)

DBV: Seite 5 „Situationsbericht 2020/21 des Deutschen
 Bauernverbandes“

getty: Titelfoto (Hintergrund), Seite 2, 4, 6, 12, 28, 29, 30, 31,
 34, 36, 42, 52, 53, 55, 56, Rückseite

Heiner Niemann: Seite 18

Hermann Swalve: Seite 16, 18, 20, 24, 26, 35, 50

landpixel: Seite 7, 11, 13, 32, 41

Masterrind: Seite 19, 25

pixabay: Seite 10 (Alexas_Fotos), 39 (Rita_E), 49 (Roy Buri)

Wikipedia: Seite 10

Druck:

Kunst- und Werbedruck GmbH & Co. KG
 Hintern Schloss 11, 32549 Bad Oeyenhausen

Dieses Produkt wurde in einem klimaneutralen
 Druckprozess mit Farben aus nachwachsenden Rohstoffen
 hergestellt.

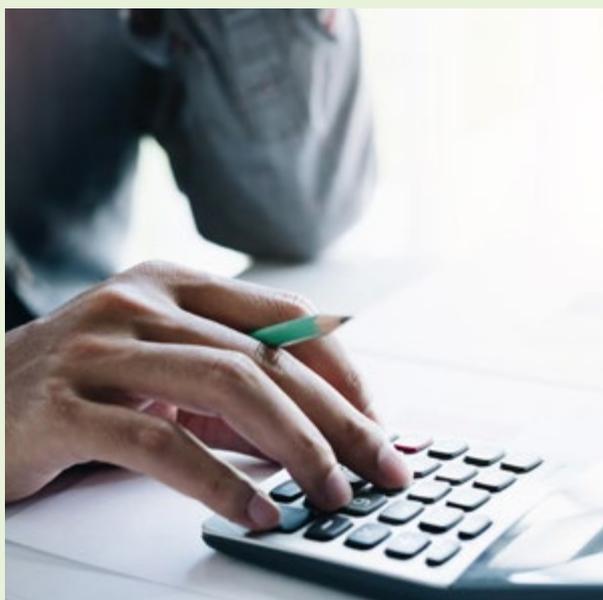
Das Papier besteht zu 100 % aus Recyclingpapier.

Nachdruck oder Vervielfältigung – auch auszugsweise –
 sowie Weitergabe mit Zusätzen, Aufdrucken oder Aufklebern
 nur mit Zustimmung der BLE gestattet.

Erstauflage

Stand: November 2020

© BLE 2021



Das Bundesinformationszentrum Landwirtschaft (BZL) ist der neutrale und wissenschaftsbasierte Informationsdienstleister rund um die Themen Land- und Forstwirtschaft, Fischerei, Imkerei, Garten- und Weinbau – von der Erzeugung bis zur Verarbeitung.

Wir erheben und analysieren Daten und Informationen, bereiten sie für unsere Zielgruppen verständlich auf und kommunizieren sie über eine Vielzahl von Medien.

www.praxis-agrar.de