



Genomische Charakterisierung bedrohter Schweinerassen als Grundlage nachhaltiger Zuchtprogramme in der ökologischen Tierzucht

Akronym: **ÖkoSus**

Bedrohte Schweinerassen besitzen eine wertvolle genetische Diversität, die es ihnen ermöglicht, auf Veränderungen reagieren zu können. Vor Allem der Klimawandel stellt Freilandhaltungssysteme vor neue Herausforderungen, weshalb besonders die ökologische Tierzucht von dem Erhalt gefährdeter Rassen profitiert. Zudem steigen die Ansprüche an das Tierwohl, die Tiergesundheit und Fütterung. Für die Untersuchung tierwohlrelevanter Merkmale fehlen bisher genomische Informationen von nahezu allen gefährdeten Schweinerassen. Dies erschwert nicht nur den Zuchtfortschritt innerhalb eines Zuchtprogrammes, sondern bringt einen primären Nachteil gegenüber konventionellen Zuchtprogrammen.

In diesem Projekt soll eine umfassende genomische Sequenzierung des Materials aus der Genbank und aller Herdbuchschweinen in Feldpopulationen von gefährdeten Schweinerassen der Roten Liste durchgeführt werden. Es erfolgt eine Analyse der Diversität, Inzucht und Populationsstruktur. Die Entwicklung genomischer Erhaltungszuchtprogramme implizieren tierwohlrelevante Merkmale und die Möglichkeiten der Genbank. Dadurch soll eine Brücke zwischen den Erhaltungsmaßnahmen in Feldbeständen und dem Material aus der Deutschen Genbank geschlagen werden

Projektziele

- Analyse der Diversität und Populationsstruktur von gefährdeten Schweinerassen
- Genomische Charakterisierung tierwohlrelevanter Merkmale
- Verbesserung der Kandidatenauswahl für die Einlagerung in der Deutschen Genbank
- Entwicklung von Konzepten und Werkzeugen zur Verbesserung zukünftiger Erhaltungszuchtprogramme

Für die Sequenzierung werden Blutproben von allen Herdbuchschweinen benötigt. Tierhalter der Rassen Bunte Bentheimer, Husumer, Deutsches Sattelschwein, Angler Sattelschwein, Leicoma, Schwäbisch Hällische Schweine, Deutsche Landrasse und Deutsches Edelschwein können ihren Betrieb im Friedrich-Löffler-Institut bei Katja Jensen anmelden: Katja.jensen@fli.de

Projekthintergrund

Warum sind gefährdete Nutzierrassen für die Zukunft wichtig?

Genetische Diversität oder genetische Vielfalt von Nutzierrassen ist eine wichtige Grundlage, um auf präsen- und zukünftige Veränderungen wie dem Klimawandel, wechselnde Haltungsbedingungen, neue Marktnachfragen oder gesundheitliche Herausforderungen reagieren zu können. Genau diese genetische Diversität wird durch den Rassenrückgang und den Verlust der genetischen Vielfalt innerhalb einzelner Rassen zunehmend bedroht.

Welchen Bedrohungen sind kleine Populationen ausgesetzt?

Je kleiner eine Population, desto stärker ist sie verschiedenen Bedrohungen ausgesetzt, wie dem Verlust an genetischer Variation durch Inzucht, genetische Zufallseffekte (genetischer Drift) und gerichteter Selektion. Die Einkreuzung von Tieren aus fremden Rassen kann zu einer Erhöhung genetischer Vielfalt führen, führt in der Regel zu einem Verlust des ursprünglichen genetischen Hintergrunds der Rasse. Schädliche Mutationen, die oft rezessiv sind, können sich durch Inzucht und einseitiger Selektion ansammeln und zu gesundheitlichen Problemen (Funktionsstörungen) führen. Ein wichtiger Parameter für die Empfindlichkeit einer Population gegenüber diesen Einflüssen ist die effektive Populationsgröße (N_e), die den Inzuchtwuchs pro Generation beschreibt. Dieser Wert wird durch Faktoren wie der Populationsstruktur, Selektion und assortative Paarung beeinflusst. Früher wurden Maßzahlen aus Abstammungsdaten verwendet, doch heutzutage ermöglichen hochwertige Referenzgenome und kostengünstige Genotypisierungstechniken eine präzise Einschätzung des tatsächlichen genetischen Aufbaues einer Population.

Projekttablauf

AP1: In dem ersten Arbeitspaket (AP) werden Proben der Schwäbisch Hällischen Schweine mittels Arraytypisierung und Sequenzierung untersucht und die Ergebnisse miteinander verglichen. Anschließend wird die Coverage während der Sequenzierung reduziert um die Methode der Low-Coverage-Sequenzierung für die Analyse gefährdeter Schweinerassen zu bewerten.

AP2: Es werden Blutproben von allen Herdbuchtieren gefährdeter Schweinerassen gesammelt und mittels Low-Coverage-Sequenzierung analysiert. Die Rohgenotypen werden in verschiedenen Arbeitsabläufen aufbereitet und einer Qualitätsüberprüfung unterzogen.

AP3: Die Diversität innerhalb einer Rasse und zwischen den Rassen wird evaluiert, sowie die Inzucht anhand von "Runs of Homozygoty" und die genomische Verwandtschaft geschätzt. Aus den Daten sollen außerdem Einkreuzungen aus der Vergangenheit und die effektive Populationsgröße abgeleitet werden.

AP4: Es werden Ansätze zur Verbesserung der Zuchtstrategien unter Einbeziehung der Deutschen Genbank entwickelt werden. Das impliziert neue Einlagerungen und Nutzungen des Materials der Genbank. Verschiedene Erhaltungszuchtstrategien werden stochastisch modelliert und deren Auswirkungen auf den ökologischen Zuchtwert errechnet.

AP5: Daten für tierwohlrelevante Merkmale werden aus dem Routinezuchtprogramm entnommen und in einer genomischen Assoziationsanalyse analysiert.

Projektlaufzeit: 2024-2028

Gefördert durch



Bundesministerium
für Ernährung
und Landwirtschaft



BUNDESPROGRAMM
ÖKOLOGISCHER LANDBAU



Deutsche Genbank
Landwirtschaftliche
Nutztiere
Vielfalt bewahren

aufgrund eines Beschlusses
des Deutschen Bundestages