

Nutztiere

Aktuelle Beispiele der Tierzuchtforschung in der Schweiz

Heidi Hasler¹, Christine Flury¹, Sabine Reist¹, Martin Braunschweig², Gaudenz Dolf², Cord Drögemüller², Michaela Drögemüller², Bianca Haase², Jolanta Klukowska-Rötzler², Dominik Burger³, Pierre-André Poncet³, Stefan Rieder¹ und Tosso Leeb²

¹Gruppe Tiergenetik & Pferdewissenschaften, Schweizerische Hochschule für Landwirtschaft SHL, CH-3052 Zollikofen

²Institut für Genetik, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, CH-3000 Bern

³Schweizerisches Nationalgestüt, ALP-Haras, CH-1580 Avenches

Auskünfte: Stefan Rieder, E-Mail: stefan.rieder@bfh.ch, Tel. +41 31 910 22 65

Zusammenfassung

Die gesteigerte Nachfrage nach gesunden tierischen Produkten bei knapper werdenden Ressourcen und zunehmendem ökonomischem und ökologischem Druck, wird als eine der grossen Herausforderungen für die Tierproduktion der nächsten Jahrzehnte angesehen. Tierzucht- und Genetikforschung sind auch in der Schweiz gefordert, ihren Beitrag zu leisten. Das selektive Anpaaren von Elterntieren stellt einen entscheidenden Schritt ganz am Anfang der Produktionskette dar. Technischer Fortschritt im Bereich der Genomanalyse und der Datenverarbeitung erlaubt heute die direkte genetische Bewertung von Nutztieren auf Basis von Markergenen. Genetische Erkenntnisse vertiefen unser Wissen über die Biologie der Tiere und des Menschen, auch im Dienste der Ernährungswirtschaft. Technischer Fortschritt hat Konsequenzen: U.a. gilt es die genetische Vielfalt innerhalb und zwischen Nutztierassen aus Gründen der Nachhaltigkeit zu erhalten (Zuchtfortschritt, Inzucht, Krankheitstoleranz, Erbfehler, Leistungsbereitschaft, Fruchtbarkeit, Anpassungsfähigkeit). Der vorliegende Beitrag präsentiert aktuelle Beispiele aus dem Bereich der Tierzuchtforschung in der Schweiz.

Tierzucht im engeren Sinne beinhaltet die Auswahl von genetisch überlegenen Elterntieren zur Erzeugung der Nachkommengeneration. In Abhängigkeit der biologischen Voraussetzungen einer Spezies, der Erblichkeit der gesuchten Eigenschaften und der Schärfe der Auslese resultiert ein Zuchtfortschritt. Viele unter Selektion stehende Merkmale sind in unterschiedlichem Ausmass durch die Umwelt beeinflusst. Entsprechend kann es dauern, bis erwünschte Eigenschaften breit in einer Population zur Ausprägung kommen.

Hintergrund

In jüngerer Zeit haben Ergebnisse aus der molekularen Genetik Einzug in die praktische Nutz- und Heimtierzucht gehalten. Was Ende der 80er Jahre des letzten Jahrhunderts mit der Entdeckung

hoch polymorpher, genetischer Markersysteme, der Entwicklung von Genkarten und der Nutzung erster Gentests für kategoriale Merkmale (u.a. Erbfehler, Fellfarben) seinen Anfang nahm, ist heute im Zeitalter der Hochdurchsatzgenotypisierung auf Stufe Einzelnukleotidbasenaustausch (SNP) und der Zugänglichkeit ganzer Genomsequenzen (u.a. Rind, Pferd, Huhn, Hund, teilweise Schwein) endgültig den Kinderschuhen entwachsen.

«The Bovine HapMap Consortium» (2009) und «The Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium» (2009) berichteten kürzlich in der Fachzeitschrift *Science* über neueste Erkenntnisse aus dem Rindergenom. Diskutierte Themen waren u.a. die Geschichte und die genetischen Beziehungen diverser

Rinderrassen, Trends in der genetischen Diversität (effektive Populationsgrösse N_e) sowie das Auffinden von Chromosomenregionen mit Genen, die auf quantitative Eigenschaften des Rindes Einfluss nehmen (QTL; «selection sweeps» - Selektionssignaturen). Letztere geben Hinweise darüber, wo und für welche Eigenschaften Selektion in einer Spezies oder Rasse gewirkt hat. Wir wissen heute mehr über die Anzahl und den Typus der Gene des Rindes z.B. über Gene, die mit der Milchbildung und Immunantwort assoziiert sind. Neben neuen Möglichkeiten für die Grundlagenforschung bieten die Daten auch eine wichtige Ressource für Fortschritte in der Tierzucht und damit für die zukünftige Ernährungswirtschaft. Analoge Erkenntnisse beim Pferd, welche auch unter Schweizer Beteiligung erarbeitet wurden, liegen bereits vor und sollen demnächst publiziert werden (Wade *et al.* 2009).

Die Verfügbarkeit ganzer Genomsequenzen, und durch den innerartlichen Vergleich derselben von Millionen von Polymorphismen (SNPs), resultierte in einer neuen Generation von sehr dichten Markerkarten, die bis vor kurzem noch als utopisch erschienen. Diese Markerdichte verhalf der Idee der «Genomischen Zuchtwertschätzung und Selektion (GZWS)», die heute in den Tierzuchtwissenschaften intensiv diskutiert wird, zum Durchbruch (Thaller 2009). Es ist wichtig, auch unter Schweizer Bedingungen auszuloten, wie

und wo die genannten Techniken einzusetzen sind und welchen Beitrag sie zur Einkommenssicherung in der heimischen Tierproduktion leisten können. Erste Projekte laufen bereits (Rind) oder beginnen derzeit (Pferd).

Als Folge der Fortschritte in der Tierzucht durch den direkten Zugriff auf die genetische Information der Tiere, schärfere Selektion, kürzere Generationenintervalle, gepaart mit dem Einsatz neuester Reproduktionsmethoden (z.B. Spermasexing), kann eine verstärkte Fixierung von erwünschten Genen resultieren. Dies würde schneller als bisher zu einer Abnahme der genetischen Variation innerhalb der für die Ernährungssicherheit relevanten Nutztierpopulationen führen. Genetische Variation ist und bleibt jedoch eine Grundvoraussetzung für die Tierzucht zur Erzielung eines Zuchtfortschritts, zur Kontrolle von Erbkrankheiten und letztlich auch für die Anpassungsfähigkeit von Nutztierpopulationen an neue Kundenbedürfnisse und sich verändernde Umwelten. Die Frage nach der genetischen Diversität unserer Nutztierpopulationen und deren Erhalt gilt heute als eines der zentralen Themen der Tierzuchtforschung.

Die gezielte Auslese steht am Anfang jeglicher späteren Nutzung von Haustieren. Für in der Ernährungswirtschaft relevante Eigenschaften (u.a. Produktionsmerkmale, Toleranz beziehungsweise Resistenz gegenüber Krankheiten, Fruchtbarkeit) finden sich Erblichkeiten im Bereich von 10-40 %. Gewisse Merkmale erreichen gar noch höhere Werte. Für die Tierhalter und Züchter ist es somit wirtschaftlich bedeutend diese züchterisch beeinflussbaren Anteile möglichst optimal und effizient zu nutzen. Indem die Tierzuchtforschung die Ins-



Abb. 1. Freiberghengst «Lambswool» – Weisse Abzeichen haben in der FM-Population stark zugenommen. (Foto: Haras national suisse, Avenches CH)

trumente liefert, um erwünschte Zuchttiere als solche zu erkennen, und zum Erkenntnisgewinn über die genetischen Hintergründe phänotypischer Variation beiträgt, sichert und fördert sie auch Arbeitsplätze und Einkommen in der Praxis.

Im folgenden Beitrag möchten wir einige ausgewählte Studien aus unseren Arbeitsgruppen vorstellen und damit sichtbar machen, wie vielseitig und aktuell Tierzuchtforschung in der Schweiz derzeit ist.

Populationsdaten und Management der Freiburger Pferde

Der Freiburger (FM) gilt als einzige verbleibende ursprüngliche Schweizer Pferderasse. Damit fällt er als schweizerische tiergenetische Ressource unter das Abkommen über die Biodiversität von Rio 92 (BLW 2007). Seit dem Jahr 1998 ist das Herdebuch geschlossen. Nach Poncet *et al.* (2007) wird die Population aktuell auf ca. 21'000 Tiere mit rund 3'000 Geburten pro Jahr geschätzt.

Seit dem Jahre 2006 werden für 43 Merkmale beim FM Zuchtwerte mit einem BLUP-Merkmalsmodell geschätzt.

Als Besonderheit sind die Zuchtwerte für weisse Abzeichen (Depigmentierungen) zu nennen (Rieder *et al.* 2008). Fellfarben sind in der Genetik Modelleigenschaften um Vererbungsmodi (z.B. Epistasie), Neumutationen (Haase *et al.* 2007, 2009a) wie auch physiologische Prozesse genau untersuchen zu können. Fellfarben können monogenen oder komplexen Erbgängen folgen. Die molekulargenetische Erforschung der Ausprägung weisser Abzeichen beim FM förderte das Zusammenspiel von drei Genorten zutage (Haase *et al.* 2009b). In Rieder (2009) findet sich eine Zusammenstellung des aktuellen Kenntnisstandes beim Pferd. Weisse Abzeichen sind typisch für domestizierte Tierarten und treten bei Wildtieren nicht auf (Abb. 1). Inwiefern weisse Abzeichen als Markergene für Domestikationsprozesse (Selektionssignaturen), insbesondere im Zusammenhang mit Verhaltensveränderungen nutzbar sind, ist Thema laufender Untersuchungen.

Die regelmässige Evaluierung von Populationsparametern (Tab. 1) wird empfohlen, um Rückschlüsse über die genetische Vielfalt einer Population zu ziehen.

Tab. 1. Populationsparameter für den Freiburger: effektive Populationsgrösse (N_e), Generationenintervall, durchschnittlicher Inzuchtgrad und durchschnittlicher Verwandtschaftsgrad

Populationsparameter							Quellen
Gesamt-Population		Referenz-Population			Ø Verwandtschaftsgrad (%)		
Effektive Populationsgrösse		Generationenintervall (Jahre)	Ø Inzuchtgrad (%)				
Pedigree-basiert	Marker-basiert			Zwischen Stuten und Hengsten	Innerhalb der Hengste	Innerhalb der Stuten	
147,1	126 ¹ 247 ²						Flury <i>et al.</i> (2009)
114,5		7,6 – 9,2	6,00				Poncet <i>et al.</i> (2006)
83,4 – 110,8		7,5 – 9,5	5,20	11,6	12,4	11,4	**

*Die Ergebnisse entstanden mit unterschiedlichen methodischen Ansätzen und Stichproben der FM-Population. Die Populationsparameter der vorliegenden Untersuchung basieren auf den Pedigrees der FM-Elterntiere 2003 bis 2008. Die N_e änderte sich in Abhängigkeit des gewählten Generationenintervalls. Eine Liste der für die Auswertungen verwendeten Programmpakete kann bei den Autoren bezogen werden.

** Aktuelle Studie in Zusammenarbeit mit Pro Specie Rara, dem Schweizer Nationalgestüt und dem Freiburgerzuchtverband.

¹ Basierend auf Mikrosatelliten

² Basierend auf SNPs, N_e vor 50 Generationen

Der relativ hohe Inzuchtgrad von 5,20 % innerhalb der aktiven FM-Elterntiere und eine N_e von «nur» rund 100 Tieren unterstreichen die Notwendigkeit eines konsequenten Managements in einer geschlossenen Population (Tabelle 1). Diese Situation findet sich auch in anderen Ras-

sen und Spezies. Flury *et al.* (eingereicht) untersuchten kürzlich mittels SNP-Chip-Genotypen Populationsparameter (N_e abgeleitet aus Marker-Kopplungsungleichgewicht) beim Schweizer Eringerrind. Eine Studie beim Original Braunvieh ist in Vorbereitung.

Ziel einer Studie in Zusammenarbeit mit Pro Specie Rara, dem Schweizer Nationalgestüt und dem Freiburgerzuchtverband war die Verbesserung der Überwachung der genetischen Vielfalt innerhalb der Freiburger Population¹. Gewünscht war ein Management-Instrument zur Optimierung der Anpaarungsentscheide, welches die Verwandtschaft und die Zuchtwerte der potenziellen Zuchttiere berücksichtigt und optimal kombiniert. Um einen Überblick über die aktuelle Zuchtpopulation 2008 zu gewinnen, wurden die Verwandtschaft und die Zuchtwerte der Elterntiere 2008 einander gegenüber gestellt. In Abbildung 2 ist dies für 168 Hengste am Beispiel des Merkmals Exterieurtyp dargestellt.

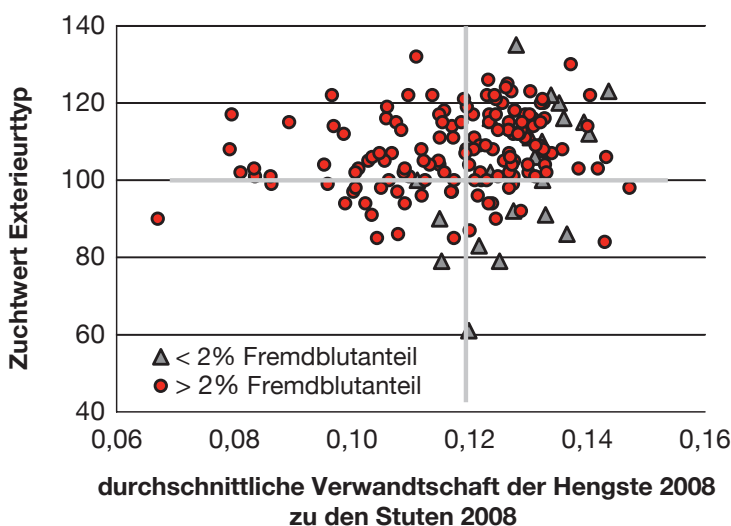


Abb. 2. Durchschnittliche Verwandtschaft der Hengste 2008 zu den Stuten 2008 und deren Zuchtwerte Exterieurtyp. (Horizontale graue Linie: Zuchtwert 100 = Populationsmittel, Vertikale graue Linie: durchschnittliche Verwandtschaft 11,8 % zwischen den Hengsten und Stuten).

¹ Die Studie wurde vom Bundesamt für Landwirtschaft finanziert.

Tab. 2. Inzuchtgrad, Verwandtschaftsgrad und Zuchtwert für das Merkmal Exterieurtyp für drei Simulationen sowie die Realdaten aus den Fohlelgeburten des Jahres 2008.

	Situation 1	Situation 2	Situation 3	Effektiv 2008
	1000 Nachkommen aus stark zu den Hengsten verwandten Stuten	1000 Nachkommen aus wenig zu den Hengsten verwandten Stuten	1000 (optimale) Nachkommen aus allen verfügbaren 2667 Stuten	Im 2008 geborene Nachkommen (2671)
Durchschnittlicher Inzuchtgrad (%)	4,69	3,93	4,41	5,65
Durchschnittliche Verwandtschaft (%)	11,70	11,52	11,64	12,18
Durchschnittlicher Zuchtwert Exterieurtyp	112,6	107,8	116,5	99,4

Die meisten Hengste mit einem erhöhten Zuchtwert Exterieurtyp sind überdurchschnittlich stark mit den Stuten verwandt und liegen mehrheitlich rechts von der grauen Linie. Für die FM-Subpopulation mit weniger als 2 % Fremdblutanteil ist die Situation noch ausgeprägter. Wird eine Verbesserung des Merkmals Exterieurtyp bei gleichzeitig möglichst tiefem durchschnittlichem Inzuchtanstieg angestrebt, sollten Hengste im linken oberen Quadranten bevorzugt eingesetzt werden, diejenigen im rechten oberen Quadranten sehr zurückhaltend. Zudem sollte man sie nicht an Töchter ihrer Voll- und Halbbrüder oder an Stuten mit gleichen Grosseltern anpaaren.

Verschiedene Programmpakete erlauben Modellierungen unter Berücksichtigung eines optimalen genetischen Beitrags der Eltern an die Nachkommen. Simulationen helfen bei der Validierung einzelner Szenarien. In Tabelle 2 finden sich Resultate zu drei theoretischen Situationen sowie die Ergebnisse der effektiven Geburten aus dem Jahre 2008. Für die einzelnen Szenarien wurde der maximal zulässige Beitrag einzelner Hengste zur nächsten Generation variiert. Die durchschnittliche Verwandtschaft und der durchschnittliche Inzuchtgrad kamen bei den Simulationen jeweils tiefer zu liegen als bei

den real erzeugten Nachkommen mit Geburtsjahr 2008. Zusammengefasst reduziert die gezielte Steuerung der Verpaarungen einerseits die durchschnittliche Zunahme des Verwandtschafts- und Inzuchtgrades bei gleichzeitiger Steigerung des durchschnittlichen Zuchtwertes. Die Arbeiten mit der Freiburgerpopulation sollen in nächster Zukunft mittels SNP-Chip-Genotypen weiter vertieft werden. Ziele sind u.a. die Schätzung von genomischen Zuchtwerten für einige ausgewählte Merkmale sowie das Aufspüren von Selektionssignaturen und genomweiter Epistasie.

Erbfehler und Krankheiten

Gerade in der Schweiz wurden in den letzten Jahren einige wichtige Fortschritte bei der Bekämpfung von Erbfehlern und Krankheiten gemacht. So gelang die Identifizierung einer Erbkrankheit beim FM, die bei betroffenen Fohlen zu einem tödlichen Leberversagen im Alter von 2-4 Monaten führt (Straub *et al.* 2003). Hier laufen aktuell Anstrengungen, einen Gentest zur sicheren Diagnose von Anlageträgern zu entwickeln. Im Bereich der Holstein- und Fleckviehzucht wurde die Mutation für die bovine dilatative Kardiomyopathie (BDCMP) kar-



Abb. 3. Totgeborenes Kalb mit Arachnoidie. Charakteristisch sind die verlängerten, schlitzenkufenartig deformierten Gliedmassen. Mit dem in der Schweiz entwickelten Gentest lassen sich Anlageträger sicher identifizieren und die Geburt betroffener Kälber vermeiden. (Foto: Prof. Arcangelo Gentile & Institut für Genetik, Universität Bern)

tiert und seit kurzem wird ein Gentest für diese Erkrankung an der Universität Bern angeboten (Owczarek-Lipska *et al.* 2009). Auch für die Arachnomelie beim Braunvieh und die Pseudomyotonie beim Chianina Rind gelang die Kartierung und Identifikation der Mutationen und es werden entsprechende Gentests durch die Universität Bern angeboten (Drögemüller *et al.* 2008, 2009a; Abb. 3). Bis zur Einführung dieser Tests mussten Nachkommen von bekannten Anlageträgern für die Zucht gesperrt werden. Die Gentests ermöglichen die Unterscheidung von tatsächlichen Anlageträgern und Tieren, die frei von den unerwünschten Genvarianten sind. Dadurch können viele genetisch wertvolle Nachkommen von berühmten Trägerstieren wieder für die Zucht genutzt werden. Dies ermöglicht einerseits einen grösseren Zuchtfortschritt und trägt gleichzeitig zum Erhalt der genetischen Diversität bei. Eine Besonderheit in der Schweizer Rindviehzucht sind spezielle Farbvarianten innerhalb der bekannten Rassenpopulationen. Hier wurden in den letzten Jahren die Mutationen für die Farbschläge Blüem/Ryf und Gurt beim Braunvieh kartiert (Drögemüller *et al.* 2009b).

Es ist zu erwähnen, dass ohne die finanzielle und logistische Unterstützung durch die Zucht- und KB-Organisationen diese Forschung nicht möglich wäre.

Ausblick

Die gesteigerte Nachfrage nach gesunden tierischen Produkten bei knapper werdenden Ressourcen und zunehmendem ökonomischem und ökologischem Druck, wird als eine der grossen Herausforderungen für die Tierproduktion der nächsten Jahrzehnte angesehen. Wissenschaftliche und technologische Fortschritte werden die Tierproduktion und die Tierzucht wei-

ter vorantreiben. Es ist abzusehen, dass in wenigen Jahren die vollständigen Genomsequenzen von wichtigen Zuchttieren zu bezahlbaren Preisen ermittelt werden können. Der verbesserte Zugang zur genetischen Information und neue Reproduktionstechnologien dürften die traditionellen Zuchtprogramme nachhaltig verändern. Dabei spielen zunehmend auch rechtliche Aspekte und grössere Finanzkraft eine Rolle (Patentwesen – z.B. Spermasexing, Erbfehlerdiagnostik; Rechte auf genetisch wertvolle Tiere; Kapitalkraft um Technologien überhaupt einzusetzen). Für die langfristige Sicherung des Zuchtfortschritts und für die Erhaltung gesunder, leistungsfähiger Tiere, die tolerant gegenüber Krankheitserregern und Umweltveränderungen sind, muss die genetische Vielfalt innerhalb und zwischen Rassenpopulationen im Auge behalten werden. Technische Innovationen und deren Umsetzung in der Praxis sind immer auch von der Akzeptanz in der betroffenen Züchterschaft, aber auch von den Endverbrauchern, den Konsumenten abhängig (König *et al.* 2009). Die Forschung, und daraus resultierend der entsprechende Wissenstransfer, sind diesbezüglich in besonderem Masse gefordert, auch oder gerade in der Schweiz.

Literatur

■ BLW, 2007. Tiergenetische Ressourcen der Schweizerischen Landwirtschaft. Zugang: <http://www.blw.admin.ch/themen/00013/00082/00087/index.html> [22.5.2009].

■ Drögemüller C., Drögemüller M., Leeb T., Mascarello F., Testoni S., Rossi M., Gentile A., Damiani E. & Sacchetto R., 2008. Identification of a missense mutation in the bovine *ATP2A1* gene in congenital pseudomyotonia of Chianina cattle: an animal model of human Brody disease. *Genomics* **92**, 474-477.

■ Drögemüller C., Rossi M., Gentile A., Testoni S., Jörg H., Stranzinger G., Drögemüller M., Glowatzki-Mullis M.L. & Leeb T., 2009a. Arachnomelia in Brown Swiss cattle maps to chromosome 5. *Mammalian Genome* **20** (1), 53-59.

■ Drögemüller C., Engensteiner M., Moser S., Rieder S. & Leeb T., 2009b. Genetic mapping of the belt pattern in Brown Swiss cattle to BTA 3. *Animal Genetics* **40** (2), 225-229.

■ Flury C., Hasler H., Haase B., Drögemüller C., Poncet P.-A., Leeb T. & Rieder S., 2009. Markergestützte Schätzung der effektiven Populationsgrösse für die Freiburger Population. 4. Jahrestagung Netzwerk Pferdeforschung Schweiz. 30. April 2009, Avenches.

■ Flury C., Tapio M., Sonstegard T., Simianer H., Hanotte O. & Rieder S., (eingereicht). Effective population size of an indigenous Swiss cattle breed estimated from linkage disequilibrium. Eingereicht.

■ Haase B., Brooks S.A., Schlumbaum A., Azor P.J., Bailey E., Alaeddine F., Mevissen M., Burger D., Poncet P.A., Rieder S. & Leeb T., 2007. Allelic heterogeneity at the equine KIT locus in dominant white (W) horses. *PLoS Genetics* **3** (11), e195.

■ Haase B., Brooks S.A., Tozaki T., Burger D., Poncet P.-A., Rieder S., Hasegawa T., Penedo C. & Leeb T., 2009a. Seven novel KIT mutations in horses with white coat colour phenotypes. *Animal Genetics*. May 6. Epub.

■ Haase B., Rieder S., Obexer-Ruff G., Burger D., Poncet P.-A., Wade C. & Leeb T., 2009b. Weisse Abzeichen in der Freiburger Pferdepopulation: Positionelle Klonierung mit Hilfe einer genomweiten Assoziationsstudie. Poster auf der 4. Jahrestagung Netzwerk Pferdeforschung Schweiz. 30. April 2009, Avenches.

■ König S., Simianer H. & Willam A., 2009. Economic evaluation of genomic breeding programs. *Journal of Dairy Science* **92**, 381-391.

■ Owczarek-Lipska M., Denis C., Eggen A., Leeb T., Posthaus H., Dolf

G. & Braunschweig M.H., 2009. The bovine dilated cardiomyopathy locus maps to a 1.0-Mb interval on chromosome 18. *Mammalian Genome* **20**, 187-192.

■ Poncet P.-A., Pfister W., Muntwyler J., Glowatzki-Mullis M.L. & Gaillard C., 2006. Analysis of pedigree and conformation data to explain genetic variability of the horse breed Franches-Montagnes. *Journal of Animal Breeding and Genetics* **123** (2), 114-121.

■ Poncet P.-A., Guillet A., Jallon L., Lüth A., Martin R., Montavon S., Saunier E., Trolliet C.F. & Wohlfender K., 2007. Wirtschafts-, Gesellschafts- und Umweltpolitische Bedeutung des Pferdes in der Schweiz: Bericht der Arbeitsgruppe Pferdebranche. Avenches.

■ Rieder S., Hagger C., Obexer-Ruf G., Leeb T. & Poncet P.-A., 2008. Genetic Analysis of White Facial and Leg Markings in the Swiss Franches-

Montagnes Horse Breed. *Journal of Heredity* **99**, 130-136.

■ Rieder S., 2009. Molecular Tests for Coat Color in Horses. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, im Druck.

■ Straub R., Herholz C., Tschudi P., Gerber V., von Tschärner C. & Welle M., 2003. Intrahepatische Gallengangszysten (Caroli-Erkrankung) und Leberfibrose beim Freiburger Fohlen - Synopsis der klinischen Symptomatik, Diagnostik und Pathologie von sieben Fällen. *Tierärztliche Praxis* **31** (G), 162-165.

■ Thaller G., 2009. Genomische Selektion – Stand der Wissenschaft. *Züchtungskunde* **81**, 14-22.

■ The Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium, Elsik C.G., Tellam R.L. & Worley K.C., 2009. The genome sequence of taurine cattle: a window to ruminant

biology and evolution. *Science* **324**, 522-528.

■ The Bovine HapMap Consortium, 2009. Genome-Wide Survey of SNP Variation Uncovers the Genetic Structure of Cattle Breeds. *Science* **324**, 528-532.

■ Wade *et al.*, 2009. Genome sequence, comparative analysis and population genetics of the domestic horse (*Equus caballus*). *Science*, eingereicht.

RÉSUMÉ

Exemples actuels de la recherche zootechnique en Suisse

Avec la raréfaction des ressources et l'augmentation de la pression économique et écologique, la demande croissante en denrées alimentaires saines d'origine animale sera considérée comme l'un des principaux défis de la production animale durant les prochaines décennies. En Suisse également, la recherche dans les domaines de la zootechnie et de la génétique devra apporter sa contribution. L'accouplement sélectif des géniteurs représente une étape décisive tout au début de la chaîne de production. Les progrès techniques en matière d'analyse du génome et de traitement des données nous permettent aujourd'hui de procéder à l'évaluation génétique directe des animaux de rente sur la base de gènes marqueurs. Les connaissances dans le domaine de la génétique accroissent notre savoir en matière de biologie animale et humaine, ceci également dans le but d'assurer l'approvisionnement en denrées alimentaires. Le progrès technique a des conséquences: parmi celles-ci, citons la nécessité de conserver la diversité génétique au sein des races d'animaux de rente, et également entre elles, ceci afin d'assurer leur durabilité (progrès zootechnique, consanguinité, résistance aux maladies, dégénérescence congénitale, aptitude à la performance, fécondité, capacité d'adaptation). Ce compte-rendu présente des exemples actuels tirés du domaine de la recherche zootechnique en Suisse.

SUMMARY

Current examples from animal breeding research in Switzerland

The increasing demand of safe and healthy animal products coupled with a decreasing availability of resources and ecological and economic pressures is considered a major challenge for animal production in the future. Research in animal breeding and genetics is therefore warranted in Switzerland. The selective mating of sires and dams represents a crucial step at the beginning of the production chain. Technical advances in genome analysis and data processing facilitate the direct evaluation of livestock animals based on marker genes. Genetic insights promote our knowledge on the biology of animals and humans, which is e.g. important for the food industry. The technical advances have important consequences: Among other considerations it is important to preserve the genetic diversity of livestock breeds for sustainable animal production (breeding gain, inbreeding, disease resistance, hereditary diseases, performance, fertility, adaptability). In this report, current examples from animal breeding research in Switzerland are presented.

Key words: advances in animal breeding research, breed diversity, hereditary diseases, genomic selection, Switzerland