

# Wie steht es um die genetische Vielfalt bei Rätisch Grauvieh?

Im Jahr 2023 wurden an der BFH-HAFL zwei studentische Arbeiten zu Rätisch Grauvieh durchgeführt. Einerseits wurden die im Rahmen der Umstellung der Abstammungskontrolle auf SNP-Daten routinemässig anfallenden Zusatztests für verschiedene Merkmale (Erbfehler, Milcheiweisse, ...) untersucht. Im Weiteren wurde die genetische Vielfalt bei Rätisch Grauvieh untersucht. Zusätzlich wurde eine sogenannte genomweite Assoziationsstudie für das Merkmal Kreuzbeinhöhe gemacht. Dabei untersucht man, ob es einen Zusammenhang gibt zwischen dem Zustand an einer bestimmten Stelle im Erbgut und der Ausprägung der Kreuzbeinhöhe. Die wichtigsten Erkenntnisse aus diesen beiden Arbeiten sind nachfolgend zusammengefasst.

**Genetische Vielfalt Rätisch Grauvieh** (Seite 2-3)

*Bachelorarbeit an der BFH-HAFL von Mirjam Fingerle (2023)*

**Genomweite Assoziationsstudie für das Merkmal Kreuzbeinhöhe bei Rätisch Grauvieh** (Seite 4-5)

*Bachelorarbeit an der BFH-HAFL von Mirjam Fingerle (2023)*

**Zusatztests Rätisch Grauvieh** (Seite 6-8)

*Semesterarbeit an der BFH-HAFL von Martina Zürcher (2023)*

# Genetische Vielfalt Rätisch Grauvieh

(Auszug interessanter Ergebnisse)

**Bachelorarbeit an der BFH-HAFL von Mirjam Fingerle (2023)**

Ziel dieser Arbeit:

Inzucht innerhalb der Rasse Rätisch Grauvieh untersuchen, um eine Aussage zur genetischen Vielfalt der Rasse zu machen.

Grundlage:

Abstammungsdaten (Pedigree-Daten) bildeten mitunter die Grundlage für diese Untersuchung. Die im Oktober 2022 aktuelle Zuchtliste umfasste 1524 lebende RGS-Tiere, welche für eine pedigree-basierte Untersuchung mitberücksichtigt werden konnten. Diese Tiere waren geboren zwischen den Jahren 2000 und 2022. Die durchschnittliche Ahnen-Vollständigkeit der 1524 RGS-Tiere über fünf Generationen betrug >98%. Dies ist als hoch anzuschauen. Von diesen 1524 RGS-Tieren hatten 624 RGS-Tiere SNP-Daten, welche für genomische Auswertungen berücksichtigt werden können.

Ergebnisse:

Die 1524 RGS-Tiere hatten einen durchschnittlichen pedigree-basierten Inzuchtkoeffizienten von 2.1%. Der minimale Inzuchtkoeffizient lag bei 0.1%, der maximale Inzuchtkoeffizient lag bei 27.6%. Abbildung 1 zeigt die durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten für die 1524 RGS-Tiere basierend auf ihrem Geburtsjahrgang für die Geburtsjahre 2008 bis 2021. Die durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten lagen im Bereich von ~1.5% bis ~2.5%. Bezüglich Inzuchtentwicklung war kein klarer Trend auszumachen. Die Jahre vor 2008 sind nicht dargestellt, weil jeweils weniger als 20 Tiere für die Berechnung der durchschnittlichen Inzucht je Geburtsjahrgang zur Verfügung standen. Die durchschnittliche Inzucht für die Tiere geboren vor 2008 war <2%. Für die Tiere geboren im Jahr 2022 ist die Inzucht ebenfalls nicht dargestellt, weil der Geburtsjahrgang infolge Stichdatum im Laufe des Jahres nicht vollständig berücksichtigt werden konnte. Für die berücksichtigten RGS-Tiere mit Geburtsjahrgang 2022 betrug die Inzucht 2.2%.

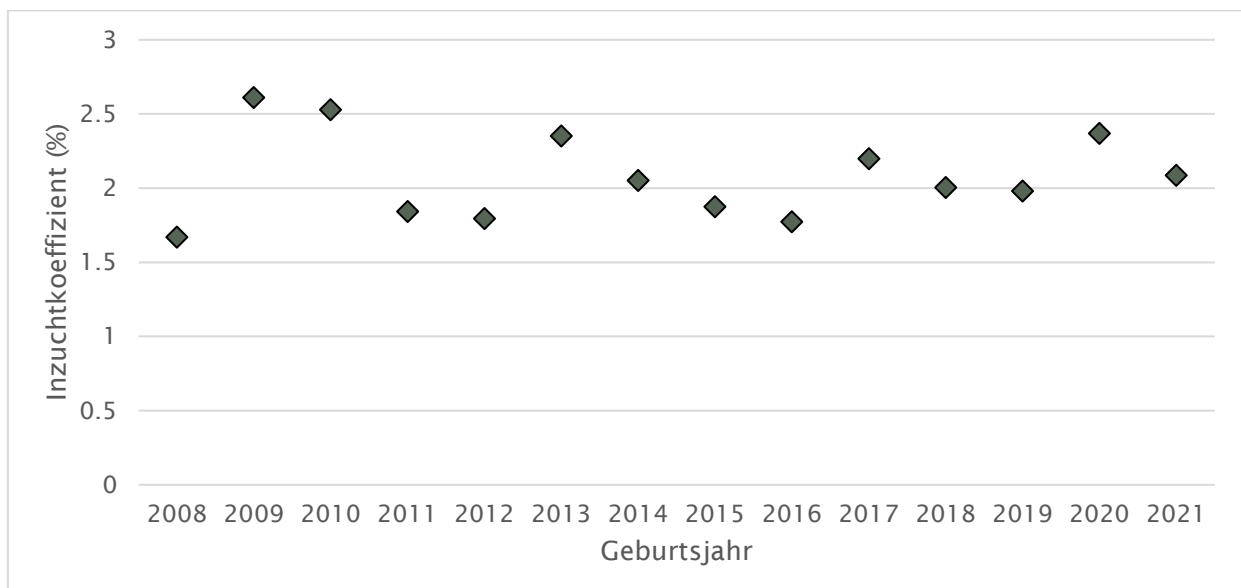


Abbildung 1 : Entwicklung des durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten je Geburtsjahr auf Basis der 1524 RGS-Tiere.



#### Schlussfolgerung:

Die Inzuchtsituation in Rätisch Grauvieh ist vergleichbar mit anderen lokalen Rinderrassen in der Schweiz und generell tiefer als bei den Hauptrassen Braunvieh, Holstein und Red Holstein (Vergleiche: [Population structure and genomic inbreeding in nine Swiss dairy cattle populations | Genetics Selection Evolution | Full Text \(biomedcentral.com\)](#)). Im Rahmen einer anderen Untersuchung wurde bereits festgestellt, dass kleine lokale Schweizer Rinderrassen wie z.B. Original Braunvieh, Simmental und Eringer trotz ihrer kleinen Populationsgrösse hinsichtlich ihrer genetischen Vielfalt durchaus gut dastehen. Es wurde vermutet, dass dies mit dem grösseren Anteil Natursprung in diesen Populationen in Zusammenhang steht. Infolge der hohen Pedigree-Vollständigkeit der untersuchten RGS-Tiere ist die Abschätzung der genetischen Vielfalt basierend auf der pedigreebasierten Inzucht für Rätisch Grauvieh als zuverlässig anzuschauen.

#### Ausblick:

Für die Abschätzung der genetischen Vielfalt können weitere Parameter und zusätzlich auch genomische Daten (SNP-Daten) mitberücksichtigt werden.

# Genomweite Assoziationsstudie für das Merkmal Kreuzbeinhöhe bei Rätisch Grauvieh

(Zusammenfassung der relevanten Ergebnisse)

*Bachelorarbeit an der BFH-HAFL von Mirjam Fingerle (2023)*

Ziel der Arbeit:

In einer genomweiten Assoziationsstudie versucht man herauszufinden, ob es Stellen im Erbgut gibt, die mit der Ausprägung eines bestimmten Merkmals, in diesem Fall mit der Kreuzbeinhöhe in Zusammenhang stehen.

Grundlage:

SNP-Daten und gemessene Kreuzbeinhöhe für 408 Rätisch Grauvieh Kühe.

Ergebnisse:

Es ergab sich ein signifikanter Zusammenhang zwischen Regionen auf den Chromosomen 6 und 12 mit der Variation in der Kreuzbeinhöhe (Abbildung 2).

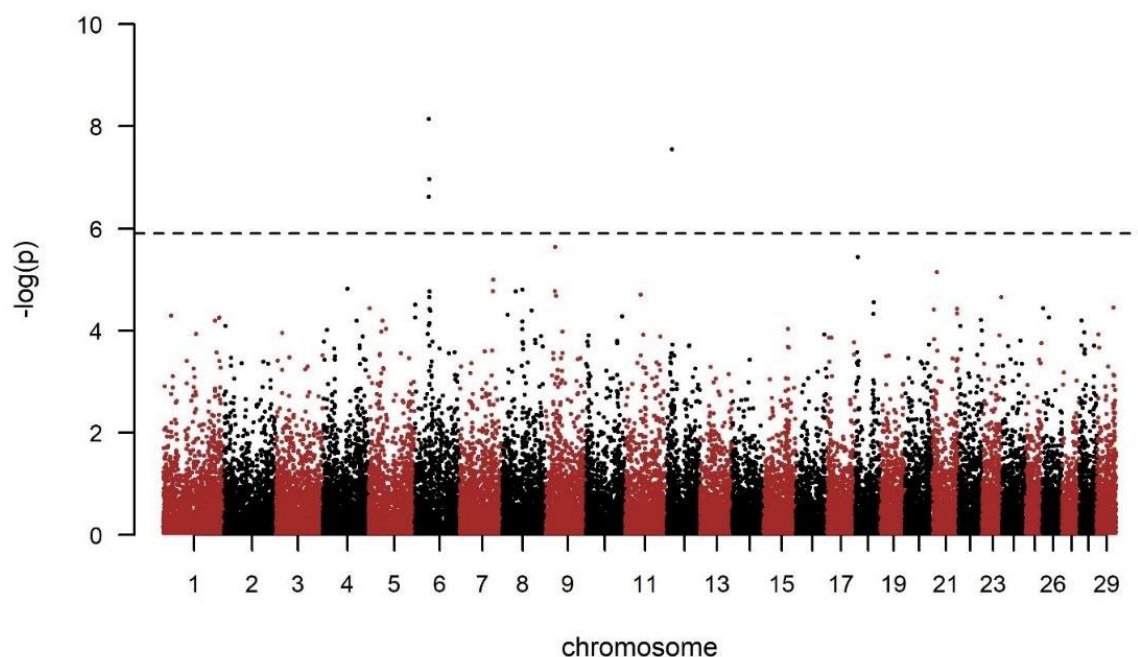


Abbildung 2 : Manhattan-Plot für das Merkmal Kreuzbeinhöhe auf Basis von 408 Rätisch Grauvieh Kühen. Die gestrichelte Linie zeigt das Signifikanzniveau.

Die drei signifikanten SNP auf Chromosom 6 liegen im Bereich von Genen *LCORL/NCAPG*, von welchen man weiss, dass sie einen Einfluss auf die Körpergrösse haben. Die durchschnittliche Kreuzbeinhöhe für den am stärksten signifikanten SNP betrug 123.1 cm für den Genotyp AA, 121.4 cm für den Genotyp BA und 119.6 cm für den Genotyp BB (Abbildung 3). Nur gerade 22 Tiere (~5%) trugen den Genotyp BB.

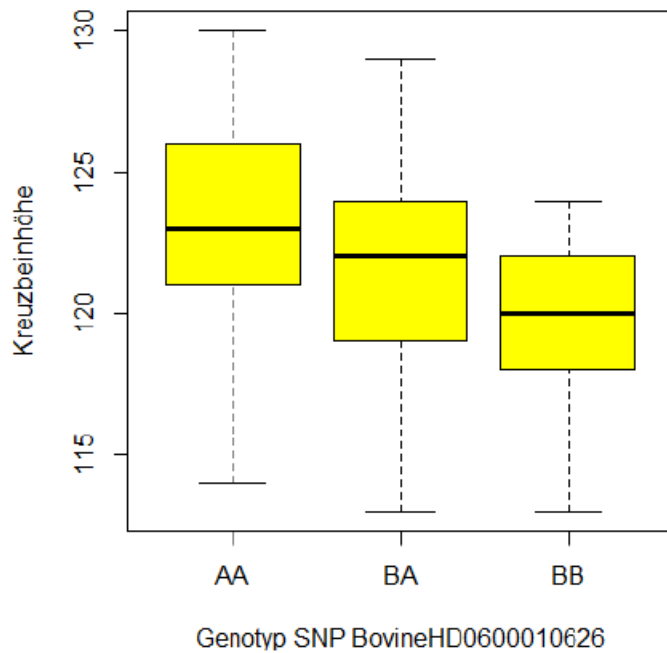


Abbildung 3 : Boxplot für die Kreuzbeinhöhe je Genotyp für den am höchsten assoziierten SNP.

**Ausblick:**

Der gefundene Zusammenhang zwischen der Kreuzbeinhöhe und der Region auf Chromosom 6 rund um die Gene *LCORL/NCAPG* für Rätisch Grauvieh ist sehr interessant und soll noch genauer untersucht werden.

# Zusatztests Rätisch Grauvieh

(Zusammenfassung der relevanten Ergebnisse)

**Semesterarbeit an der BFH-HAFL von Martina Zürcher (2023)**

Ziel dieser Arbeit:

Die routinemässig anfallenden Ergebnisse zu Zusatztests mit Bedeutung für die Rasse Rätisch Grauvieh untersuchen und aufzeigen, wie hoch die Allel- und Genotypfrequenzen für die verschiedenen Zusatztests basierend auf der untersuchten Stichprobe sind.

Grundlage:

Für insgesamt 676 RGS-Tiere mit Information waren die Ergebnisse zu Zusatztests teilweise oder vollständig verfügbar.

Ergebnisse:

Die beiden Erbfehler Neuropathie (Zusatzinfos: [02\\_9\\_Neuropathie.pdf \(mutterkuh.ch\)](#)) und Renale Dysplasie (Zusatzinfos: [02\\_10\\_Renale Dysplasie.pdf \(mutterkuh.ch\)](#)) werden bei Rätisch Grauvieh schon länger untersucht. Von den 676 untersuchten RGS-Tieren waren 12 (mischerbige) Träger-Tiere für Neuropathie (Tabelle 1). Das entspricht einem Anteil von rund 2%.

Mischerbige Träger-Tiere sind gesund, können die krankmachende Variante für Neuropathie allerdings an ihre Nachkommen weitervererben. Die Frequenz für die krankmachende Variante betrug in der untersuchten Stichprobe rund 1% (Tabelle 2).

Tabelle 1 : Anzahl Tiere je Genotyp und Genotypfrequenz für Neuropathie (NPF: reinerbige gesunde Nicht-Träger-Tiere, NPC: mischerbige gesunde Träger-Tiere, NPS: reinerbige kranke Träger-Tiere).

Genotypen	NPF	NPC	NPS	Total
Anzahl Tiere	664	12	0	676
Genotypfrequenz (%)	98.2	1.8	0.0	100.0

Tabelle 2 : Allelfrequenzen für Neuropathie (C: krankmachende Variante).

Allele	F	C
Allelfrequenz (%)	99.1	0.9

Für die Renale Dysplasie waren drei der 676 untersuchten RGS-Tiere mischerbige Träger für die Renale Dysplasie (Tabelle 3). Das entspricht einer Genotypfrequenz von weniger als 1% (0.4%). Mischerbige Träger-Tiere sind gesund, können die krankmachende Variante für Renale Dysplasie allerdings an ihre Nachkommen weitervererben. Die Frequenz für die krankmachende Variante betrug in der untersuchten Stichprobe weniger als 1% (0.2%, Tabelle 4).

Tabelle 3 : Anzahl Tiere je Genotyp- und Genotypfrequenz für Renale Dysplasie (RYF: reinerbige gesunde Nicht-Träger-Tiere, RYC: mischerbige gesunde Träger-Tiere, RYS: reinerbige kranke Träger-Tiere, nicht überlebensfähig).

Genotypen	RYF	RYC	RYS	Total
Anzahl Tiere	673	3	0	676
Genotypfrequenz (%)	99.6	0.4	0.0	100.0

Tabelle 4 : Allelfrequenzen für Renale Dysplasie (C: krankmachende Variante).

Allele	F	C
Allelfrequenz (%)	99.8	0.2

Ebenfalls kann heute der Genotyp für verschiedene Milcheiweissvarianten routinemässig hergeleitet werden. Nachfolgend werden die Genotyp- und Allelfrequenzen für die verschiedenen Milcheiweissvarianten dargestellt.

Für Alphakasein AA konnte der reinerbige Genotyp BB am häufigsten beobachtet werden (~93%, Tabelle 5). Nur gerade zwei Tiere trugen den reinerbigen Genotyp AA. Dies entspricht einer Genotypfrequenz von weniger als 1%. Die Allelfrequenzen lagen für das Alphakasein A-Allel bei 4% und für das Alphakasein B-Allel bei 96% (Tabelle 6).

Tabelle 5 : Anzahl Tiere je Genotyp und Genotypfrequenzen für Alphakasein AA.

Genotypen	AA	AB	BB	Total
Anzahl Tiere	2	44	630	676
Genotypfrequenz (%)	0.3	6.5	93.2	100

Tabelle 6 : Allelfrequenzen für Alphakasein AA.

Allele	A	B
Allelfrequenz (%)	4.0	96.0

Für das Betakasein AB trug der Grossteil der Tiere den reinerbigen Genotyp AA (348, Tabelle 7). 269 Tiere waren mischerbig AB und nur 57 Tiere trugen den reinerbigen Genotyp BB. Das ergab eine Allelfrequenz von ~72% für das Allel A und von ~28% für das Allel B (Tabelle 8).

Tabelle 7 : Anzahl Tiere je Genotyp und Genotypfrequenzen für Betakasein AB.

Genotypen	AA	AB	BB	Total
Anzahl Tiere	348	269	57	674
Genotypfrequenz	51.6	39.9	8.5	100

Tabelle 8 : Allelfrequenzen für Betakasein AB.

Allele	A	B
Allelfrequenz	71.6	28.4

Betakasein A2-Milch soll für den Menschen verträglicher sein als A1 - Milch. Die Bezeichnung A2 beziehungsweise A1 bezieht sich auf die jeweilige Betakasein-Variante im Eiweissanteil der Milch. Die Milch von mischerbigen Tieren (A1A2) enthält sowohl Betakasein A1 als auch Betakasein A2. Nur reinerbige Kühe A2A2 geben ausschliesslich Betakasein A2-Milch. Von den untersuchten Tieren trugen 192 Tiere den reinerbigen Genotyp A2A2 (~28%), 319 Tiere den mischerbigen Genotyp A1A2 (~47%) und 164 Tiere den reinerbigen Genotyp A1A1 (~24%, Tabelle 9). Die Allelfrequenz für A2 war in den untersuchten Tieren leicht höher (~52%) als für A1 (~48%).

Tabelle 9 : Anzahl Tiere je Genotyp und Genotypfrequenzen für Betakasein A1A2.

Genotypen	A1A1	A1A2	A2A2	Total
Anzahl Tiere	164	319	192	675
Genotypfrequenz	24.3	47.3	28.4	100

Tabelle 10 : Allelfrequenzen für Betakasein A1A2.

Allele	A1	A2
Allelfrequenz	47.9	52.1

Bei Beta-Lakto-Globuline war der mischerbige Genotyp AB am häufigsten zu beobachten. 349 Tiere (~52%) trugen diesen Genotyp. Bei 212 Tieren (~31%) wurde der reinerbige Genotyp BB beobachtet und bei 115 Tieren (~17%) der reinerbige Genotyp AA (Tabelle 11). Das ergab eine Allelfrequenz von ~57% für B und von ~43% für A (Tabelle 12).

Tabelle 11 : Anzahl Tiere je Genotyp und Genotypfrequenzen für Beta-Lakto-Globuline.

Genotypen	AA	AB	BB	Total
Anzahl Tiere	115	349	212	676
Genotypfrequenz	17.0	51.6	31.4	100.0

Tabelle 12 : Allelfrequenzen für Beta-Lakto-Globuline

Allele	A	B
Allelfrequenz	42.8	57.2

Für Kappakasein war die Frequenz des Genotyps BB (~45%) am höchsten, gefolgt vom Genotyp AA (~41%) und AB (~14%, Tabelle 13). Das Kappa-Kasein-B-Allel gilt als vorteilhafter für die Käseherstellung und hat eine Allelfrequenz von ~52% (Tabelle 14).

Tabelle 13 : Anzahl Tiere je Genotyp und Genotypfrequenzen für Kappakasein.

Genotypen	AA	AB	BB	BC	AC	Total
Anzahl Tiere	274	93	306	2	1	676
Genotypfrequenz (%)	40.5	13.8	45.3	0.3	0.1	100

Tabelle 14 : Allelfrequenzen für Kappakasein.

Allele	A	B	C
Allelfrequenz (%)	47.5	52.3	0.2

Für einen weiteren Erbfehler, den sogenannten Zwergwuchs, welcher ursprünglich bei Tiroler Grauvieh entdeckt wurde, konnten keine Trägertiere gefunden werden. Sämtliche untersuchten RGS-Tiere trugen diese Variante nicht.

#### Schlussfolgerung:

Bezüglich der bei Rätisch Grauvieh bekannten Erbfehler Neuropathie und Renale Dysplasie wurden nur wenige Träger-Tiere beobachtet. Entsprechend ist die geschätzte Frequenz für diese Träger-Allele sehr klein (<1%). Für das Management dieser Erbfehler ist es wertvoll, dass deren Genotyp im Rahmen der SNP-Genotypisierung festgestellt werden kann und somit dieses Wissen für züchterische Entscheide herangezogen werden kann. Für Milch produzierende Halter von Rätisch Grauvieh können die Ergebnisse zu den Milcheiweissen von Interesse sein.





Diese Zusammenfassung wurde verfasst und veröffentlicht von:

**Berner Fachhochschule / Haute école spécialisée bernoise/ Bern University of Applied Sciences**  
Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften HAFL Agronomie

Dr. Signer-Hasler Heidi (PhD)  
Wissenschaftliche Mitarbeiterin Tiergenetik

Länggasse 85, CH-3052 Zollikofen  
Telefon direkt +41 31 910 22 72  
heidi.signer@bfh.ch  
www.hafl.bfh.ch

Zollikofen 21.11.2023