Effizient und präzis: Neue Möglichkeiten in der Ziegenzucht dank SNP-Genotypisierung

Christine Flury / Erika Bangerter / Cord Drögemüller

Bei der Abstammungskontrolle mit SNP-Daten werden Zusatztests für wichtige Merkmale durchgeführt. Damit diese Information von der Züchterschaft genutzt werden kann, werden die Angaben zu vier solchen Merkmalen ab sofort für alle Tiere mit SNP-Profil im CapraNet ausgewiesen. Dieser Artikel stellt die Zusatztests vor und zeigt auf, wie die neuen Angaben für Zuchtentscheidungen genutzt werden können.

Neu: Zusatztests für wichtige Merkmale

Im vergangenen Jahr wurde die Abstammungskontrolle vom Schweizerischen Ziegenzuchtverband (SZZV) auf SNP-Daten umgestellt. Die Basis dafür bildet die Genotypisierung der Tiere mit einem SNP-Chip für rund 60 000 Marker im Erbgut (sogenannte SNPs). Im Forum Kleinwiederkäuer 9|2020 (Seite 12) wurden die theoretischen Grundlagen dazu vorgestellt. Neben den 175 SNPs, die bei der Abstammungskontrolle berücksichtigt werden, fallen bei der Genotypisierung Ergebnisse für Tests zu züchterisch interessanten Merkmalen (Eiweiss- und Fettgehalt der Milch, Scrapie-Empfänglichkeit und genetische Hornlosigkeit) an. Das bedeutet, dass für Tiere, die im Rahmen der Abstammungskontrolle genotypisiert werden, direkt auch der Genotyp für z.B. das Alpha-S1-Kasein-Protein hergeleitet werden kann. Neu werden die Informationen aus vier Gentests für alle genotypisierten Tiere im CapraNet ausgewiesen. Die Tabelle 1 (Seite 17) gibt eine Übersicht zu diesen vier Tests, die Art wie die Genotypen dargestellt werden (Deklaration) und den zugehörigen Eigenschaften (Merkmal), die beeinflusst werden.

In der Spalte Deklaration (Tabelle 1) wird für jeden Gentest gezeigt, wie die individuellen Genotypen im CapraNet dargestellt werden. Dabei steht jeder Grossbuchstabe für ein Allel. Da jedes Tier jeweils ein Allel vom Vater und ein Allel von der Mutter geerbt hat, besteht ein Genotyp immer aus zwei Allelen sprich zwei Buchstaben (z.B. BE für Alpha-S1-Kasein). Neben den zwei Allelen die ein Tier trägt, wird in der Klammer mit Plus und Minus-Zeichen angegeben, ob diese eine positive (++), eine mittlere (+-) oder eine negative (--) Auswirkung auf das jeweilige Merkmal haben. In der Abbildung 1 (Seite 21) wird am Beispiel der Ziege Flöckli exemplarisch dargestellt, wie die Ergebnisse in Zukunft im CapraNet ausgewiesen werden.

Genetische Marker geben unabhängig von der Rasse oder der Haltungsform zu wichtigen Merkmalen Auskunft. Les marqueurs génétiques donnent des informations sur des caractéristiques importantes, indépendamment de la race ou du mode de garde. (Photo: R. Hess)

Die Zusatztests und ihr Nutzen für die Zucht

In den folgenden Abschnitten werden die einzelnen Gentests vorgestellt und es wird aufgezeigt, wie die Züchterschaft diese Angaben bei der Auswahl von Zuchttieren nutzen können.

Alpha S1-Kasein

Die Milchproteine werden aufgeteilt in Kaseine und Molkenproteine. In der Ziegenmilch machen die Kaseine rund 80% der Milchproteine aus. Bei den Ziegen sind vor allem im Alpha-S1-Kasein Gen genetische Unterschiede mit Einfluss auf den Milcheiweiss-Gehalt bekannt. Mit Hilfe der SNP-Genotypisierung können ab sofort neun Allele im Alpha-S1-Kasein Gen direkt bestimmt werden (Tabelle 2, Seite 20). Die verschiedenen Allele legen fest, wie viel Alpha-S1-Kasein in der Milch einer Ziege gebildet wird und werden aufgrund dieser Wirkung in die vier folgenden Gruppen eingeteilt: stark, mittel, schwach und null (Tabelle 2). Eine Doktorarbeit an der ETH im Jahr 2002 hat gezeigt, dass die Allele aus der ersten Gruppe zu vergleichsweise hohen Alpha-S1-Kasein-Gehalten (3.5 g/l) in der Ziegenmilch führen. Für die Allele der Gruppe «mittel» werden Alpha-S1-Gehalte in der Milch von 1.1 bis 1.7 g/l angegeben und für die Allele mit schwacher Expression liegen die Gehalte bei 0.45 g/l. Die Variante O hat zur Folge, dass gar kein Alpha-S1-Kasein gebildet wird.

Die günstigen Allele (A und B) kommen in den Schweizer Rassen mit Allelfrequenzen kleiner 20% eher selten

sour 3607 | downloaded: 24.4.2024

Tabelle 1: Übersicht über die vier Gentests, das Merkmal das beeinflusst wird und deren Deklaration
Tableau 1: Aperçu des quatre tests génétiques, du caractère influencé et de leur déclaration

Merkmal / Caractère	Gentest / Test génétique	Deklaration (Genotypen) / Déclaration (génotypes)
Eiweissgehalt der Milch / Teneur en protéine du lait	Alpha-S1-Kasein / Caséine alpha S1	z.B. / p.ex. AB (++) / BE (+-) / EF (--)
Fettgehalt der Milch / Teneur en matière grasse du lait	DGAT1-R396W	RR (++) / RW (+-) / WW (--)
Empfänglichkeit Traberkrankheit / Réceptivité à la tremblante	Scrapie-Q222K Scrapie-N146S	KK (++) / KQ (+-) / QQ (--) SS (++) / SN (+-) / NN (--)
Genetische Hornlosigkeit / Absence de cornes héréditaire	Horn/Polled Corne/Polled	HH (gehörnt) / HP (mischerbig hornlos) / PP (reinerbig hornlos) HH (avec corne) / HP (hétérozygote motte) / PP (homozygote motte)

vor. Das C-Allel konnte auch in der aktuellen Untersuchung mit bislang 830 genotypisierten Tieren in keiner Schweizer Rasse beobachtet werden. Am häufigsten werden die Allele E und F, gefolgt von dem O-Allel beobachtet (Tabelle 2). Da vermutlich weitere bislang unbekannte Allele an diesem Genort auftreten, kann es sehr vereinzelt vorkommen, dass trotz der neuen SNP-Chips, kein Alpha-S1-Kasein Genotyp bestimmt werden kann.

Für Betriebe mit Käseproduktion lohnt es sich bei der Wahl von Zuchtböcken den Alpha-S1-Kasein-Genotyp zu berücksichtigen. Dabei sollten Böcke mit dem Null-Allel (O) oder Allelen E und F nur restriktiv eingesetzt werden. Die Ziege Flöckli aus der Abbildung 1 hat den Genotyp BE (+-) und trägt somit ein starkes Allel und ein mittleres Allel im Alpha-S1-Kasein Gen.

DGAT1

Das DGAT1-Gen bestimmt die Ausprägung eines Enzyms (Diacylglycerol O-Acyltransferase 1) das den Fettgehalt in der Milch wesentlich beeinflusst. In einer französischen Studie aus dem Jahr 2017 wurde eine Variante (R396W) in diesem Gen entdeckt, die den Milchfettgehalt bei der Ziege beeinflusst. Das W-Allel hat tiefere Milchfettgehalte zur Folge und kommt in den französischen Populationen mit einer Häufigkeit von 7 % (Gämsfarbige Gebirgsziege) bis 13 % (Saanenziege) vor. Die Auswertung der aktuell verfügbaren Schweizer Daten hat gezeigt, dass dieses Allel in den vier Rassen Gämsfarbige Gebirgsziege, Saanenziege, Walliser Schwarzhalsziege und Toggenburgerziege vorkommt, jedoch glücklicherweise selten (<10 %). Von insgesamt 830 bislang mit dem SNP-Chip genotypisierten Tieren hat lediglich eine Saanenziege zwei W-Allele (d.h. reinerbig WW (--)). Dieses Tier, das inzwischen abgegangen ist, hat interessanterweise in neun Laktationen einen mittleren Milchfettgehalt von nur 2.54 % und einen mittleren Milcheiweissgehalt von 2.47 % erreicht. Dieser Einzelfall weist darauf hin, dass der Einfluss des W-Allels auf den Milchfettgehalt höchstwahrscheinlich auch für die Schweizer Rassen gegeben ist und sich die Berücksichtigung der Angaben bei der Zuchtarbeit lohnt. Ein mischerbiges Tier wird ab sofort mit dem Genotyp RW (+-) ausgewiesen und reinerbige Tiere mit WW (--) bzw. RR (++). Bei der Auswahl von Zuchtböcken wird empfohlen, den Einsatz von Böcken mit einem oder zwei W-Allelen zu verhindern (d.h. Genotypen RW (+-) und WW (--)). Auch weibliche Tiere mit einem oder zwei W-Allelen sollten nur bedingt für die Weiterzucht genutzt werden. Die Ziege Flöckli aus der Abbildung 1 hat den Genotyp RR (++) und kann somit bevorzugt remontiert werden.

Scrapie

Die Traberkrankheit (engl. Scrapie) ist eine übertragbare, spongiforme Enzephalopathie (schwammartige Hirnerkrankung) des Schafes und der Ziege. Sie weist eine jahrelange Inkubationszeit auf und endet immer tödlich. Veränderte Prionproteine führen analog zur BSE (Rinderwahnsinn) beim Rind zu einer fortschreitenden Zerstörung der Nervenzellen.

Aus der Literatur sind die drei Allele K222, D146 und S146 im Prionprotein-Gen der Ziege bekannt, die eine reduzierte Empfänglichkeit gegenüber den krankmachenden Scrapie-Stämmen verleihen. Die Varianten D146 und S146 kommen auf Basis der bislang zur Verfügung stehenden Daten in Schweizer Tieren nicht vor und erscheinen somit für die hiesige Ziegenzucht nicht relevant. Der Genotyp von Flöckli entspricht mit NN (--) also dem erwarteten Ergebnis.

Aufgrund der bisherigen Forschung wird angenommen, dass das K222-Allel den höchsten Schutz gegenüber einer Erkrankung verspricht. Die Auswertung der aktuell verfügbaren Genotypen hat gezeigt, dass auch das positive K-Allel in den Schweizer Rassen selten ist. Abgesehen von den beiden Rassen Gämsfarbige Gebirgsziege (GG, 21 %) und Walliser Schwarzhalsziege (SH, 20 %) liegt die Frequenz in allen anderen Rassen deutlich unter 5 %. Flöckli hat den Genotyp KK (++) und ist mit zwei günstigen Allelen wohl eher eine Ausnahme. Dabei gilt es jedoch zu bedenken, dass die Scrapie-Genotypen im Moment für das tägliche Zuchtgeschehen in der Schweiz nicht prioritär sind. Der Nachweis dieser Genotypen ist jedoch notwendig für Betriebe, die Tiere in EU-Länder exportieren wollen. Diese können die bis anhin kostenpflichtigen Zusatznachweise umgehen, da für jedes genotypisierte Tier die relevanten Angaben direkt zur Verfügung stehen.

Begriffe aus der Genetik

Allel oder Genvariante
Ausprägung eines Gens an einem bestimmten Genort; unterschiedliche Varianten oder Allele tragen zur genetischen Variabilität einer Population bei.

Allele
Unterschiedliche Formen bzw. Varianten eines Gens; ein Schaf oder eine Ziege hat in der Regel für jeden Genort zwei Allele, ein durch die Mutter und ein durch den Vater vererbtes Allel.

Chromosomen
Träger der Erbinformationen; Chromosomen bestehen aus DNA und assoziierten Proteinen; auf ihnen sind die Gene lokalisiert. Das Schaf besitzt 27 Chromosomenpaare, die Ziege besitzt 30 Chromosomenpaare.

DNA
Englisch für: Desoxyribonukleinsäure (DNS); Biomolekül; Träger der Erbinformationen (vier Grundbausteine: Adenin, Cytosin, Guanin, Thymin).

Genom
Die «Erbsubstanz» eines Organismus, Gesamtheit seines genetischen Materials genomische DNA: die DNA im Zellkern; Gesamtheit der genetischen Informationen einer Zelle.

Genotyp
Bezeichnet je nach Perspektive die Gesamtheit der Erbanlagen (Erbgut) bei Betrachtung eines ganzen Organismus oder in Bezug auf einzelne Gene im Genom die Bezeichnung für die beiden Allele, die ein Tier an einer bestimmten Stelle im Genom aufweist.

Genort
Bezeichnet die genaue Lage eines Gens im Genom (lat. locus).

Gentest
Untersuchung, bei der der genetische Status einzelner Tiere analysiert wird, um z.B. zu ermitteln, ob das Tier Träger einer rezessiven Erbkrankheit ist.

Mutation
Eine bestimmte Veränderung des Erbgutes. Genvarianten entstehen durch zufällige spontane Mutationsereignisse.

SNP
Einzelnukleotid-Polymorphismus (SNP) sind punktuelle Veränderungen im Erbgut. SNPs sind geerbte bzw. vererbbare genetische Varianten.

Horn/Polled

Die Zucht auf Hornlosigkeit (engl. Polled) wird durch die Zusammenhänge zwischen der Hornlosigkeit und der Fruchtbarkeit erschwert. Das Auftreten von züchterisch wertlosen hornlosen Zwittern kann nur vermieden werden, wenn genetisch hornlose Tiere mit behornten Tieren gepaart werden. In einem Forschungsprojekt hat das Institut für Genetik der Universität Bern einen Gentest entwickelt, mit dem es möglich ist zu unterscheiden, ob Zuchtböcke reinerbig (PP) oder mischerbig (HP) hornlos sind, bevor sie in den Zuchteinsatz gehen. Die Grundlagen dieses Gentests wurden im Artikel «Genetisch hornlose Ziegen ohne Zwitterproblematik züchten?» (Forum 1/2|2019, Seite 15) genau erläutert. Bei der Entwicklung des SNP-Chips für Ziegen wurde dieser Gentest ebenfalls berücksichtigt. Deshalb wird heute für jedes Tier mit einem Ergebnis aus der Abstammungskontrolle auch Angaben zum genetischen Hornstatus gemacht. Für die Deklaration des Genotyps für den Hornstatus werden die Buchstaben H (für Horn) und P (englisch: polled= genetisch hornlos, Tabelle 1) verwendet. Ein reinerbig hornloses Tier hat den Genotyp PP, ein mischerbig hornloses Tier hat den Genotyp HP und ein behorntes Tier hat den Genotyp HH. Das hornlose Tier Flöckli ist somit tatsächlich ohne Hornanlagen geboren und wurde nicht versehentlich als enthorntes Tier mit dem Status hornlos registriert. Dieser Gentest erlaubt also eine exakte Bestimmung des individuellen Genotyps bei allen Ziegen und reinerbig hornlose Tiere (PP) können frühzeitig erkannt werden.

Ausblick

Mit der Einführung des neuen SNP-Chip zur Abstammungskontrolle bei Ziegen werden Gentests durchgeführt, die ohne Zusatzaufwand nützliche Informationen liefern. Die Angaben aus diesen Tests vereinfachen die Zuchtarbeit, da relevante Zusatzinformationen früh im Leben eines Tieres und direkt auf genetischer Ebene (d.h. ohne Verzerrung durch die Umwelt) zur Verfügung stehen. Die schweizerische Ziegenzucht kann so von den neusten technologischen Entwicklungen profitieren und einen Schritt nach vorne machen. Der Nutzen ist unabhängig von der Rasse für unterschiedliche Betriebsprofile gegeben: Betriebe mit Käsereimilchproduktion können von den Angaben zu den Alpha-S1-Kasein- und DGAT1-Genotypen profitieren. Für Betriebe, die Tiere exportieren, ist der Nachweis der Scrapie-Genotypen ab sofort einfacher und Betriebe, die mit hornlosen Böcken arbeiten, können mit den Angaben aus dem Gentest das Auftreten von Zwittern frühzeitig erkennen und durch eine gezielte Auswahl der Böcke verhindern. Im Laufe des Jahres 2021 werden die neuen SNP-Daten von der HAFL in Zusammenarbeit mit der Universität Bern und dem SZZV umfassend analysiert. Das Bundesamt für Landwirtschaft (BLW) wird für die finanzielle Unterstützung dieses Projektes verdankt.

Efficace et précis: le génotypage SNP ouvre de nouvelles perspectives en sélection caprine

Christine Flury / Erika Bangerter / Cord Drögemüller

Des tests spécifiques concernant certaines caractéristiques sont réalisés au moyen de données SNP, parallèlement au contrôle de l'ascendance. Afin de permettre aux éleveurs d'utiliser cette information, CapraNet propose désormais des indications relatives à quatre de ces caractéristiques pour tous les animaux ayant un profil SNP. Cet article présente les tests supplémentaires et montre comment tenir compte des nouvelles indications dans les décisions de sélection.

Mit genetischen Markern können Unterschiede zwischen äusserlich ähnlichen Tieren zuverlässig aufgedeckt werden. Les marqueurs génétiques permettent de déceler de manière fiable des différences entre des animaux extérieurement semblables.
(Photo: SZZV/FSEC)

Des nouveaux tests pour des caractéristiques importantes

Durant l'année écoulée, le contrôle de l'ascendance de la Fédération suisse d'élevage caprin (FSEC) est passé aux données SNP. On se base pour cela sur le génotypage des animaux au moyen d'une puce à ADN pour environ 60 000 marqueurs dans le matériel génétique (appelés SNP). Les bases correspondantes ont été présentées dans Forum Petits Ruminants 9|2020 (page 15). Outre les 175 SNP pris en compte dans le contrôle de l'ascendance, le génotypage fournit des informations sur un certain nombre de caractéristiques intéressantes pour la sélection (teneurs en protéine et en matière grasse du lait, réceptivité à la tremblante ou absence de cornes héréditaire). En d'autres termes, on peut également, pour les animaux génotypés dans le cadre du contrôle d'ascendance, déterminer directement le génotype p.ex. pour la protéine caséine alpha S1. CapraNet indique désormais les informations des quatre tests génétiques pour tous les animaux génotypés. Le tableau 1 (page 17) offre une vue d'ensemble de ces tests, de la manière dont les génotypes sont représentés (déclaration) et des caractéristiques (caractères) sur lesquels ils influent.

La colonne Déclaration (tableau 1) indique pour chaque test génétique comment le génotype individuel est représenté dans CapraNet. Chaque lettre majuscule représente un allèle. Chaque animal héritant un allèle de son père et un allèle de sa mère, le génotype est toujours constitué de deux allèles, représentés par deux lettres (p.ex. BE pour la caséine alpha S1). Outre les deux allèles que possède un animal, les parenthèses indiquent s'ils ont une incidence positive (++), moyenne (+-) ou négative (--) sur le caractère concerné. L'illustration 1 (page 21) montre, à l'exemple de la chèvre Flöckli, comment les résultats sont indiqués dans CapraNet.

Les nouveaux tests et leur utilité en sélection

Nous présentons ci-après les différents tests génétiques ainsi que l'utilité que les éleveurs peuvent tirer de ces indications pour la sélection des animaux.

Caséine alpha S1

Les protéines du lait se répartissent en caséines et protéines du petit-lait. Dans le lait de chèvre, les premières font environ 80% du tout. Chez la chèvre, on connaît surtout des différences génétiques ayant une incidence sur la teneur en protéine du lait au niveau du gène de la caséine alpha S1. A l'aide du génotypage SNP on peut dès aujourd'hui déterminer directement neuf allèles dans ce gène (tableau 2, page 20). Les différents allèles définissent combien de caséine alpha S1 contient le lait d'une chèvre donnée et sont donc répartis en fonction de cet effet dans les quatre groupes suivants: fort, moyen, faible et zéro (tableau 2). Une dissertation menée à l'EPFZ en 2002 a montré que les allèles du premier groupe entraînaient des teneurs relativement élevées en caséine alpha S1 (3.5 g/l) dans le lait de chèvre. Pour les allèles du groupe «moyen», les teneurs en alpha S1 du lait vont de 1.1 à 1.7 g/l, alors que les allèles de faible expression donnent des teneurs de 0.45 g/l. La variante O a pour incidence qu'aucune caséine alpha S1 n'est produite.

Tabelle 2: Übersicht neun Alpha-S1-Kaseinallele und deren Auswirkung auf den Alpha-S1-Kaseingehalt in der Milch
Tableau 2: Vue d'ensemble de neuf allèles de la caséine alpha S1 et de leur incidence sur la teneur en caséine alpha S1 dans le lait

Allele / Allèles	Wirkung Alpha-S1- Kasein-Gehalt / Effet sur la teneur en caséine alpha S1	Gewichtung / Pondération	Allelfrequenz Fréquence d'allèle (%)
A	Stark / Fort	+	15.7
B (B1, B2, B3 + B4)	Stark / Fort	+	10.4
C	Stark / Fort	+	0.0
E	Mittel / Moyen	-	33.4
F	Schwach / Faible	-	27.5
O	Null / Zéro	-	8.8

Die Gewichtung bei der Deklaration der Genotypen und die Allefrequenz in % hergeleitet aus den Genotypen von 830 Tieren aus der Schweiz.
La pondération dans la déclaration des génotypes et la fréquence d'allèles en % ont été déterminées à partir des génotypes de 830 animaux examinés en Suisse.

Les allèles favorables sont plutôt rares dans les races suisses, avec des fréquences inférieures à 20%. L'allèle C n'a non plus été observé dans aucune race suisse dans l'étude actuelle, qui se base sur 830 animaux génotypés à ce jour. Les allèles les plus fréquents sont E et F, suivis de O (tableau 2). Compte tenu du fait qu'il existe probablement d'autres allèles encore inconnus à ce jour sur ce locus de gène, il se peut que la nouvelle puce à ADN ne permette pas de déterminer de génotype pour la caséine alpha SI.

Pour les exploitations actives dans la production de fromage, il est utile de tenir compte du génotype de caséine alpha S1 lors du choix des boucs d'élevage. Les animaux affichant l'allèle zéro (O) ou les allèles E et F ne devraient être utilisés que de manière restrictive. La chèvre Flöckli de l'illustration 1 affiche le génotype BE (+-), soit un allèle fort et un allèle moyen pour le gène de la caséine alpha S1.

DGAT1

Le gène DGAT1 détermine l'expression d'une enzyme (diacylglycérol O-acyltransférase 1) qui influe considérablement sur la teneur en matière grasse du lait. Dans une étude française datant de 2017, une variante (R396W) a été découverte dans ce gène qui influe sur la teneur en matière grasse du lait de la chèvre. L'allèle W entraîne des teneurs en matière grasse plus faibles dans le lait. Son incidence est de 7% et respectivement 13% dans les populations françaises d'Alpine Chamoisée et de Saanen. L'évaluation des données actuellement disponibles en Suisse a montré que cet allèle était présent, bien qu'heureusement rarement (<10%), dans les quatre races Chamoisée, Gessenay, Col Noir du Valais et Toggenbourg. Sur 830 animaux génotypés au moyen de la puce à ADN à ce jour, seule une chèvre de Gessenay possède deux allèles W (soit homozygote WW (--)). Il est intéressant de constater que cet animal, péri entretemps, affichait en 9 lactations une teneur en matière grasse moyenne de seulement 2.54% et une teneur en protéine moyenne dans le lait de 2.47%. Ce cas certes unique semble indiquer que l'influence de l'allèle W sur la teneur en matière grasse du lait vaut aussi pour les races suisses et qu'il est utile de tenir compte de ces indications lors du travail de sélection. Un animal hétérozygote est dès aujourd'hui désigné par le génotype RW (+-) et un animal homozygote par WW (--) ou RR (++). Dans le choix des boucs d'élevage, on recommande d'éviter les animaux possédant un ou deux allèles W (soit

Die Autoren des Artikels / Les auteurs de cet article

Christine Flury Dr. sc. Agr. ist Dozentin an der Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften (HAFL) Zollikofen. Im Rahmen von Projekten bearbeitet sie zusammen mit der Gruppe Tiergenetik Fragestellungen aus der praktischen Tierzucht.
Christine Flury, Dr sc. Agr. est chargée de cours à la Haute école des sciences agronomiques, forestières et alimentaires (HAFL) de Zollikofen. Dans le cadre de projets menés en collaboration avec le groupe de génétique animale, elle travaille sur des questions pratiques de sélection animale.

Erika Bangerter, Agronomin FH, ist Bereichsleiterin Zucht beim Schweizerischen Ziegenzuchtverband.
Erika Bangerter, agronome HES, est responsable de secteur Elevage à la Fédération suisse d'élevage ovin.

Cord Drögemüller, Dr. med.vet. und Professor für Nutztiergenetik am Institut für Genetik der Vetsuisse-Fakultät der Universität Bern erforscht seit über 20 Jahren genetische Besonderheiten bei Haustieren und hat mit seinem Team zahlreiche Gentests für die Zuchtpraxis entwickelt.
Cord Drögemüller, Dr med. vet. est professeur de génétique des animaux de rente à l'Institut de génétique de la faculté Vetsuisse de l'Université de Berne. Il étudie depuis plus de 20 ans les particularités génétiques des animaux domestiques et a, avec son équipe, développé un grand nombre de tests génétiques pour la pratique de sélection.

Abbildung 1: Darstellung der Ergebnisse aus den Gentests auf dem Leistungsblatt der Ziege Flöckli

Illustration 1: Représentation des résultats du test génétique sur la feuille de performances de la chèvre Flöckli

Merkmal/Caractère ↓ Genotyp/Génotype ↓

Nummer Zeichen	123.4567 XY	DNA-Eigenprofil	Ja SNP	Kontr.Abst	SNP Eltern ok	Horn/Polled	Hornlos HP
Scrapie Q222K	KK (++)	Scrapie N146S	NN (--)	DGAT1 R396W	RR (++)		
Alpha-S1-Kasein	BE (+-)						

Numéro/Signe	123.4567 XY	Profil ADN	Oui SNP	Contrôle d'ascendance	SNP parents ok	Corne/Polled	Motte HP
Scrapie Q222K	KK (++)	Scrapie N146S	NN (--)	DGAT1 R396W	RR (++)		
Caséine alpha-S1	BE (+-)						

Die blaue Schriftfarbe zeigt die neuen Informationen an. In den grauen Feldern sind die vier Merkmale aufgeführt, gefolgt von den zugehörigen Genotypen in den weissen Feldern. / Les caractères de couleur bleue indiquent la nouvelle information. Les champs gris redonnent les quatre caractères observés des génotypes correspondants dans les champs blancs.

les génotypes RW (+-) et WW (--)). Il en va de même pour les femelles qui, lorsqu'elles possèdent un ou deux allèles W, ne devraient être utilisées en élevage que sous condition. La chèvre Flöckli de l'illustration 1 possède le génotype RR (++) et peut donc être utilisée de manière préférentielle pour la remonte.

Tremblante

La tremblante (scrapie en anglais) est une encéphalopathie spongiforme (affection spongieuse du cerveau) transmissible du mouton et de la chèvre. Elle affiche un temps d'incubation de plusieurs années et s'avère mortelle dans tous les cas. Des protéines de prion altérées induisent une destruction progressive des cellules nerveuses, de manière analogue à l'ESB (vache folle).

Selon la littérature, on connaît les trois allèles K222, D146 et S146 dans le gène du prion de la chèvre, qui induisent une réceptivité réduite aux souches de scrapie. Les variantes D146 et S146 n'ont pas été décrites chez les animaux suisses, si l'on en croit les données existant à ce jour, et ne semblent donc pas pertinentes pour nos chèvres. Le génotype NN (--) de Flöckli correspond donc au résultat escompté.

Compte tenu des recherches menées à ce jour, il faut s'attendre à ce que l'allèle K222 offre la meilleure protection contre la maladie. L'évaluation des génotypes disponibles à ce jour a montré que l'allèle positif K était aussi rare dans les races suisses. A l'exception de la race Chamoisée (GG, 21 %) et de la Nez Noir du Valais (SH, 20 %), la fréquence dans toutes les autres races est nettement inférieure à 5 %. Flöckli possède le génotype KK (++), ce qui en fait probablement une exception, avec ses deux allèles favorables. Il convient toutefois de prendre en compte le fait que les génotypes pour la tremblante ne sont actuellement pas prioritaires pour la sélection au quotidien en Suisse. La mise en évidence de ces génotypes est toutefois nécessaire pour les exploitations qui souhaitent exporter des animaux vers les pays de l'UE. Elles peuvent de la sorte éviter de devoir fournir des attestations supplémentaires, payantes à ce jour, étant donné que les indications pertinentes sont directement disponibles pour les animaux génotypés.

Genotipizzazione SNP nell'allevamento caprino: nuove possibilità per operare con maggior efficienza e precisione

L'anno scorso la Federazione svizzera d'allevamento caprino (FSAC) ha introdotto i dati di SNP ai fini dei controlli dell'ascendenza. L'analisi si basa sulla genotipizzazione degli animali mediante l'utilizzo di un chip a SNP per circa 60 000 marcatori genetici (noti come SNPs). La genotipizzazione è utilizzata per derivare i 175 SNPs associati al controllo dell'ascendenza, ma serve anche per eseguire test aggiuntivi per ottenere indicazioni su altre caratteristiche importanti. Affinché tali informazioni siano utili agli allevatori, i genotipi per le quattro caratteristiche quali il contenuto di proteine e di grasso del latte, la suscettibilità nei confronti della malattia del trotto (scrapie) e l'assenza genetica di corna sono ora riportati in CapraNet per tutti gli animali con un profilo SNP. La tabella 1 (pagina 17) illustra il modo in cui le informazioni supplementari sono presentate per ognuna di queste quattro caratteristiche. Ogni lettera maiuscola sta per un allele. Siccome ogni animale ha ereditato un allele dal padre e uno dalla madre, un genotipo è sempre composto da due alleli rappresentati con due lettere (ad esempio BE per l'alfa-S1-caseina). Inoltre, i segni più e meno tra parentesi indicano se i due alleli di cui è dotato un animale hanno un effetto positivo (++), medio (+-) o negativo (--) sul carattere in questione.

Indipendentemente dalla razza, l'utilità varia a seconda del tipo di azienda: le aziende con caseifici possono trarre beneficio dai dati sul genotipo per il gene caseina alpha-s1 che influenza il contenuto proteico del latte e la resa del formaggio, e su quello per il gene DGAT1, responsabile del contenuto di grasso del latte. Inoltre, le aziende che esportano animali possono ora rilevare più facilmente la suscettibilità genetica alla malattia del trotto (scrapie). E infine, le aziende che impiegano becchi senza corna possono utilizzare le informazioni del test genetico per individuare per tempo la presenza di ermafroditi («Züic», né maschio né femmina) evitandone il loro impiego nella riproduzione attraverso una selezione mirata dei becchi.

Corne/Polled

La sélection en fonction de l'absence de cornes (polled en anglais) est compliquée en raison des liens existant entre l'absence de cormes et la fertilité. L'apparition d'intersexués, sans valeur zootechnique, ne peut être évitée que lorsque l'on accouple des animaux homozygotes sans cornes avec des animaux cornus. Dans un projet de recherche, l'Institut de génétique de l'Université de Berne a développé un test génétique qui permet de déterminer si les boucs d'élevage sont mottes homozygotes (PP) ou hétérozygotes (HP), avant de les utiliser en élevage. Les bases de ce test génétique ont été expliquées en détail dans l'article «Se prévenir de la problématique de l'intersexualité dans l'élevage des chèvres génétiquement mottes?» (Forum 1/2 | 2019, page 18). Ce test génétique a également été pris en compte lors du développement de puces à ADN pour les chèvres. C'est pourquoi aujourd'hui chaque animal possédant un résultat du contrôle d'ascendance possède aussi des indications sur son statut en termes de cornes. Pour la déclaration du génotype correspondant, on utilise les lettres H (pour «horn» = corne en anglais) et P (pour «polled» = génétiquement motte, tableau 1). Un animal homozygote motte possède le génotype PP, un animal hétérozygote motte le génotype HP et un animal cornu le génotype HH. L'animal Flöckli est ainsi vraiment né sans ébauches de cornes et n'est donc pas un animal écorné, enregistré par erreur comme animal de statut motte. Ce test génétique autorise donc une détermination précise du génotype individuel chez les chèvres et une reconnaissance précoce des animaux mottes homozygotes (PP).

Perspectives

Avec l'introduction de la nouvelle puce à ADN pour le contrôle de l'ascendance chez les chèvres, certains tests génétiques fournissent des informations utiles sans engendrer de travail supplémentaire. Les indications fournies par ces tests simplifient le travail de sélection, car on dispose tôt dans la vie de l'animal d'informations supplémentaires pertinentes directement à l'échelon génétique (soit sans déformation due à l'environnement). L'élevage caprin suisse peut de la sorte bénéficier des derniers développements technologiques et dès lors faire un pas en avant. L'utilité est donnée pour les différents profils d'exploitations indépendamment de la race: les exploitations faisant de la production laitière peuvent par exemple profiter des indications sur les génotypes caséine alpha S1 et DGAT1. Pour les exploitations qui exportent des animaux, la preuve des génotypes de la tremblante est plus simple, alors que les exploitations travaillant avec des boucs mottes peuvent reconnaître à temps et prévenir l'apparition d'intersexués par une sélection ciblée des boucs, grâce aux indications du test génétique. Les dernières données de SNP seront analysées en détail par la HAFL dans le cours de l'année 2021, en collaboration avec l'Université de Berne et la FSEC. Nous remercions ici l'Office fédéral de l'agriculture (OFAG) pour le soutien financier apporté au projet.

Notions de génétique

Allèle ou variante génétique
Expression d'un gène sur un locus génétique défini. Les différents allèles contribuent à la variabilité génétique d'une population.

Allèles
Différentes formes d'un gène: un mouton ou une chèvre possèdent en général deux allèles pour chaque locus de gène, l'un provenant de la mère et l'autre du père.

Chromosomes
Porteurs de l'information génétique. Les chromosomes sont constitués d'ADN et de protéines associées. C'est sur ceux-ci que sont localisés les gènes. Le mouton possède 27 paires de chromosomes, la chèvre en possède 30.

ADN
Acide désoxyribonucléique; biomolécule porteuse de l'information génétique. Formé de quatre éléments de base (adénine, cytosine, guanine, thymine).

Génome
La «substance héréditaire» d'un organisme. Totalité de son matériel génétique ADN: l'ADN dans le noyau cellulaire; totalité de l'information génétique d'une cellule.

Génotype
Désigne, selon la perspective, la totalité du matériel génétique, compte tenu d'un organisme entier ou alors, lorsqu'il est question de certains gènes dans le génome, désigne les deux allèles d'un locus défini dans le génome d'un animal.

Locus génétique
Désigne la position précise d'un gène dans le génome.

Test génétique
Examen permettant de relever le statut génétique de certains animaux, afin de déterminer p.ex. s'ils sont porteurs d'une maladie récessive.

Mutation
Une modification définie du matériel génétique. Des variantes génétiques apparaissent suite à des mutations spontanées aléatoires.

SNP
Le polymorphisme d'un seul nucléotide est une modification ponctuelle dans le matériel génétique. Les SNP sont des variantes génétiques héréditaires.