

PRESSEMITTEILUNG:

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (vit)

vit Vertreterversammlung am 17. Juni 2021 mit Bekanntgabe des 1.000.000 genotypisierten Tieres

Zur diesjährigen Vertreterversammlung des vit w.V. konnte der Vorsitzende Hans-Peter Meyn digital fast 100 Vertreter incl. Gäste begrüßen.

Geschäftsführer Dr. Reinhard Reents und sein Stellvertreter Dr. Sven Schierenbeck berichteten über die umfangreichen Entwicklungsarbeiten aus den verschiedenen Fachbereichen. Immer breiteren Raum nimmt die Dokumentation und Auswertung von zentral gespeicherten Daten für Themenkomplexe wie Gesundheit und Robustheit (GeRo) im Rahmen der GAK-Förderung sowie neuerdings die betriebliche Eigenkontrolle von Tierwohlindikatoren incl. nationalem Monitoring über Q-Check ein.

Vor etwas mehr als 10 Jahren wurde die genomische Zuchtwertschätzung für das Milchrind beim vit eingeführt und hat sich seither über die nachgelagerte genomische Selektion in allen Zuchtprogrammen etabliert.

10+1 Jahre genomische Selektion waren deshalb Anlass für eine Bewertung des enormen Erfolges. Die seinerzeit versprochene Verdopplung des Zuchtfortschrittes ist wahr geworden. Sehr eindrucksvoll ist der Vergleich der Ergebnisse auf Basis von Töchterleistungen des letzten reinen Testbullenjahrgangs, geboren 2008, und des genomischen Bullenjahrgangs 2014, der inzwischen ebenfalls töchterbasierte Zuchtwerte hat. Von 745 schwarzbunten Testbullen aus 2008 stellten sich 5 Jahre nach dem Testeinsatz 16% als sogar unterdurchschnittlich zur Kuhpopulation heraus. Nur 10% (78) waren deutlich überlegene Vererber ($RZG \geq 124$) sowie ganze 6 echte Spitzenbullen ($RZG \geq 136$) auf damaligem Niveau. Von den 261 genomisch streng vorselektierten Bullen des Geburtsjahrgangs 2014 erwiesen sich 5 Jahre nach dem Ersteinsatz aber 86% auf Basis von Töchterdaten als tatsächlich deutlich überlegene Vererber ($RZG \geq 124$), davon sogar 55 Bullen (22%) als hervorragend ($RZG \geq 136$). Darunter sind 11 absolute Ausnahmestiere ($RZG \geq 142$), wie sie vor der genomischen ZWS trotz der großen Zahl an Testbullen/Jahr praktisch nie gefunden wurden.

Inzwischen ist die genomische Selektion für weibliche Kälber auf Basis von Herdentypisierung aber auch Routine für fast 2000 Betriebe oder fast 20% der Holstein-Herdbuchbetriebe mit weiter stetigen Zuwächsen.

Durch diese breite Anwendung der genomischen Selektion für das betriebliche Selektions-Management wurde die Grenze von 1.000.000 typisierten Tieren der Milchrassen in der vit-Genomdatenbank in dieser Woche überschritten. Das 1.000.000ste Tier ist ein junges schwarzbuntes weibliches Kalb aus einem Thü-

ringer KuhVisions-Betrieb. Mit gRZG 137 kann sich die Esquire-Tochter berechnigte Hoffnung machen, zum Zuchtfortschritt in diesem Betrieb aber auch der ganzen Population beizutragen.

vit, Verden, im Juni 2021

354 Wörter, 2.723 Zeichen

Pressekontakt:

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (vit)

Dr. Reinhard Reents

Heinrich-Schröder-Weg 1

27283 Verden

Tel. 04231 955-141

E-Mail: info@vit.de