



DIE BESTE WAHL



Zuchtwertschätzung beim Schwein

Patrick Stratz
Projektleiter Genetik, SUISAG

Vorlesung ETH-Zürich

Übersicht



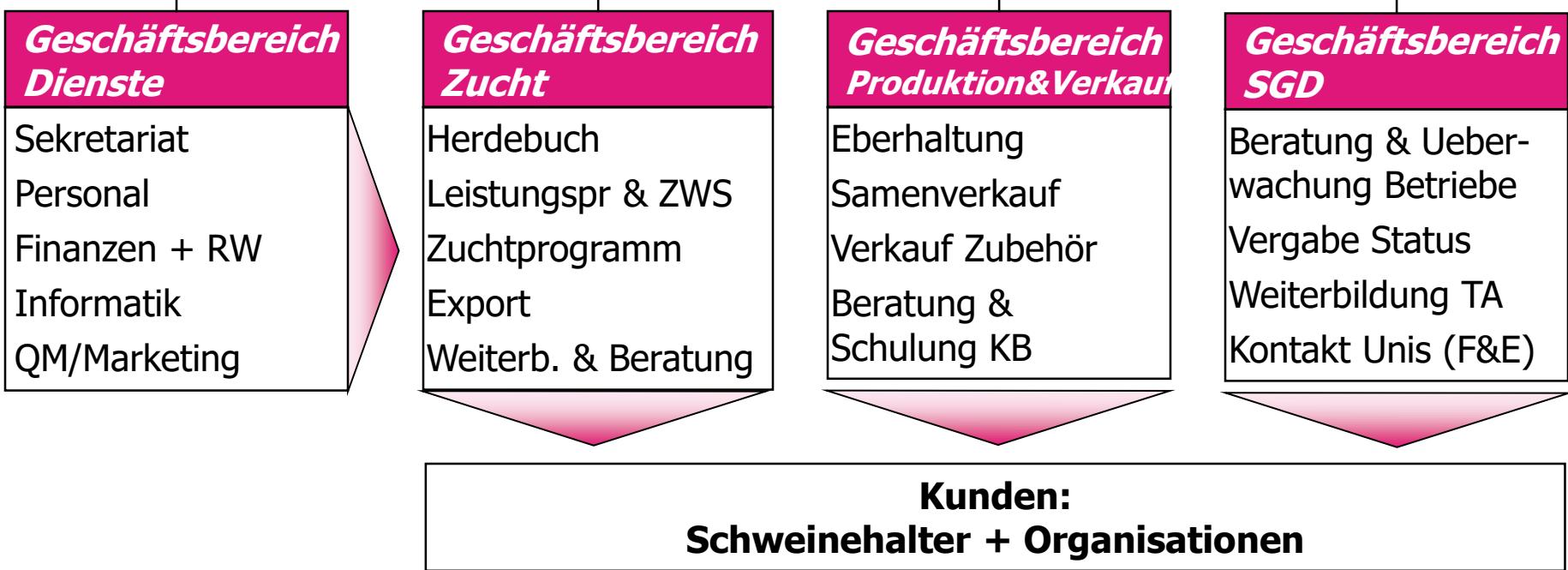
- ▶ **SUISAG**
- ▶ **Zuchtprogramm / Zuchtziele**
- ▶ **Zuchtwertschätzung**
 - Reproduktion
 - Produktion
 - Exterieur
- ▶ **Aktuelle und zukünftige Projekte**



SUISAG - Aktiengesellschaft für Dienstleistungen in der Schweineproduktion

SUISAG

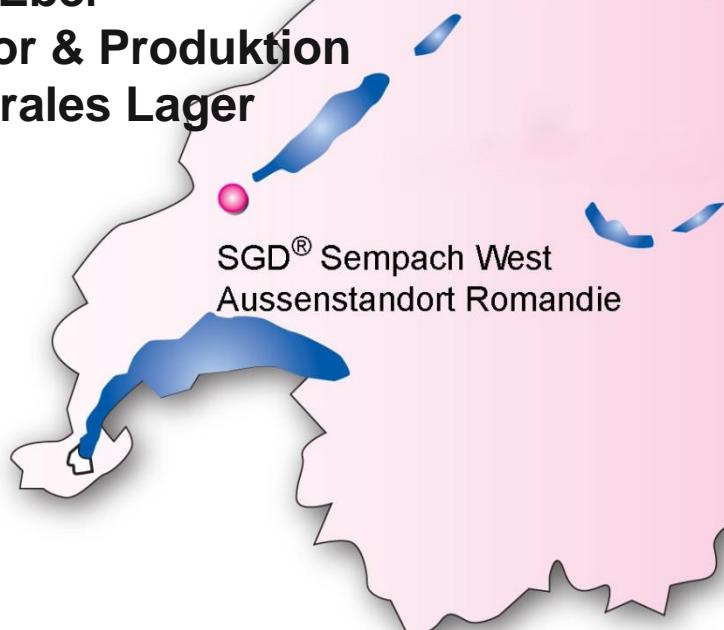
Zucht – Besamung – Gesundheit
aus einer Hand und unter einem Dach
www.suisag.ch



Standorte der SUISAG



**200 Eber
Labor & Produktion
zentrales Lager**



80 Eber nur Absamung



**SUISAG Hauptsitz Sempach
SGD® Sempach-West**



Hauptsitz und Prüfstation (1200 Prüfplätze)

Schweizer Zuchtpogramm



eigenständig
Edelschwein



etwas Import
Landrasse



eigenständig
PREMO®



PRIMERA®



Mastferkel



70% Besamung
Natursprung

20%

10%

Duroc



Piétrain



Zuchtpogramm mit Arbeits- teilung zwischen Zuchtstufen

Kernzucht

→ Zuchtfortschritt



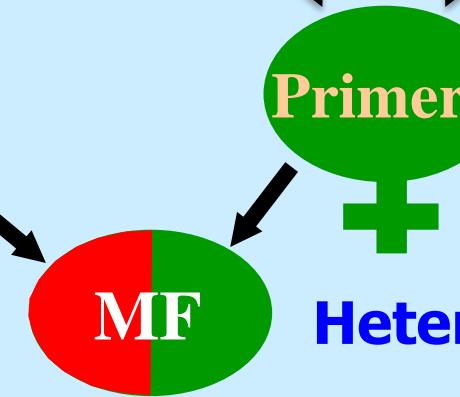
Vermehrung

→ Multiplikation,
F1-Sauenproduktion



Produktion

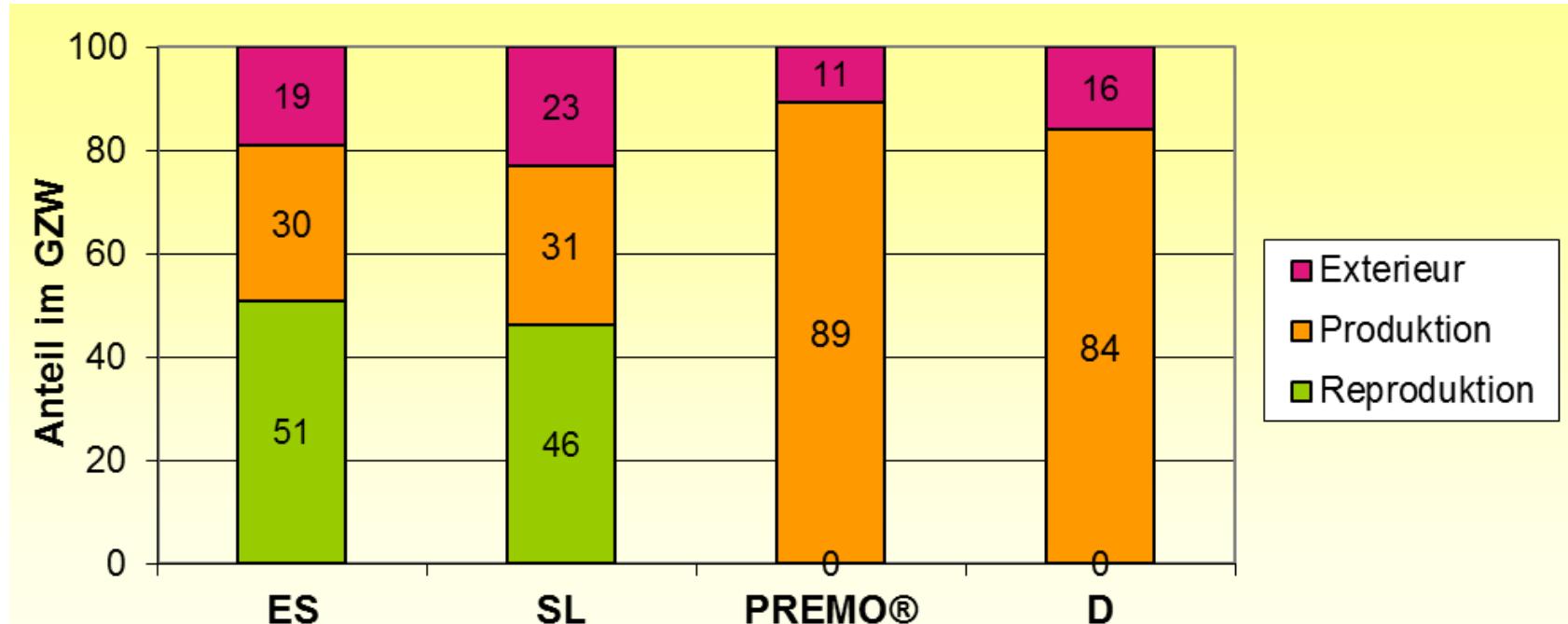
→ Einheitliche Mastferkel (MF)
gemäss CH-Marktbedürfnissen



Primera **Heterosis1**

Heterosis2

Zuchtziele Mutter- und Vaterlinien



Anz. Merkmale	ES	SL	PREMO®	D	Pi
Exterieur (Typ,Fund,Zitz)	11	11	9	10	-
Produktion	9	9	10	12	11
Reproduktion	4	4	-	-	-
Total	24	24	19	22	11

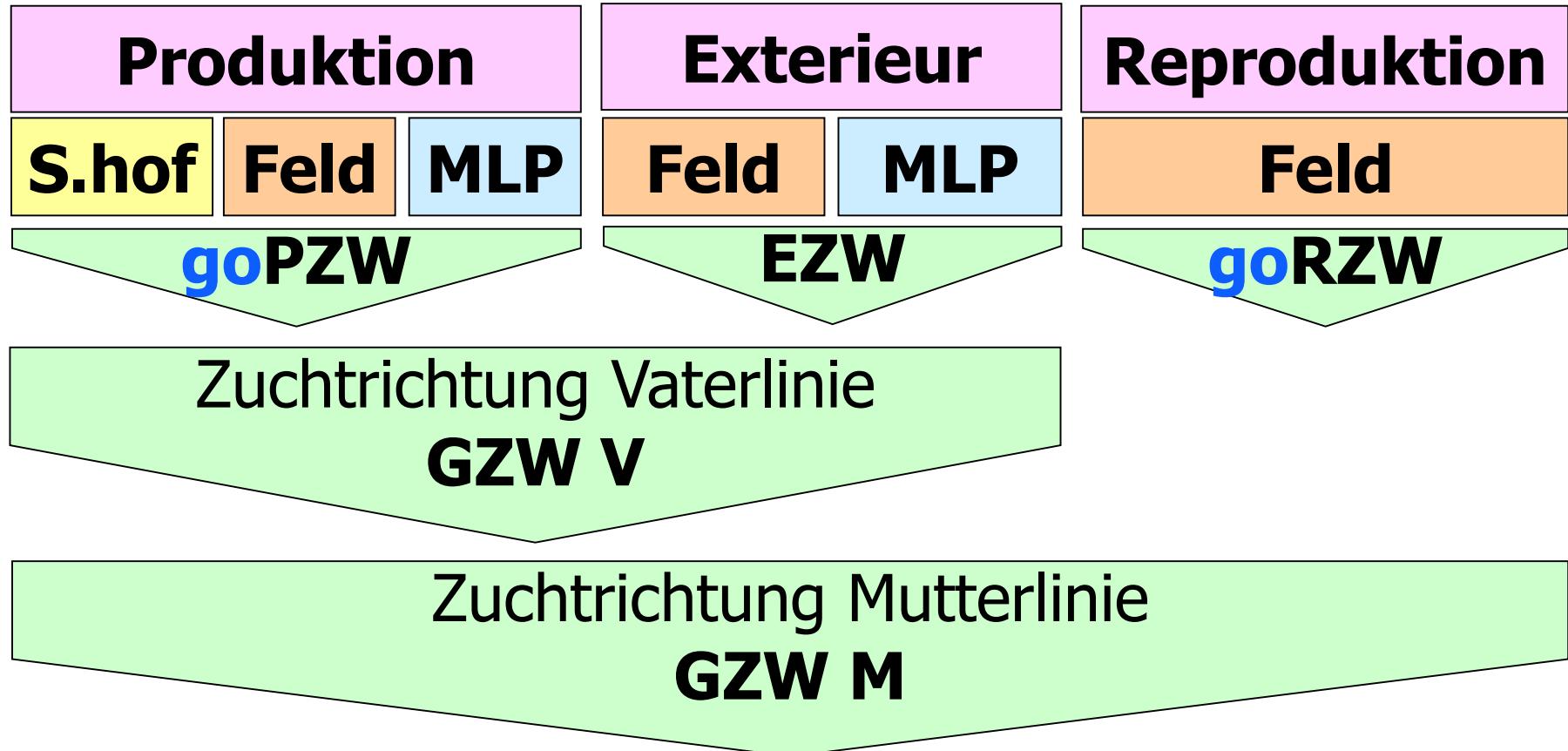
Herdbuch (Anzahl Herden und Sauen per 31.12.2018)



Stufe	Herden	ES	SL	ESV	Pi	Du	Total
Kernzucht inkl. Verm. im Betrieb	32	2474	365	209	11	61	3120
Vermehrung Zukauf aus Kernzucht	21	1079	472	0	0	0	1551
Eigenremont	83	4572	346	8	10	2	4958
Total	136	8125	1183	217	21	63	9629

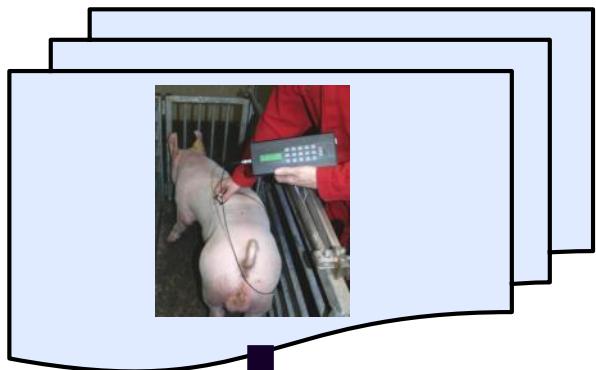
- ▶ **ES:** aktive Kernzucht gross, guter Zuchtfortschritt
- ▶ **SL:** Kooperation mit Nucléus (F) seit 2008
- ▶ **ESV:** Bestand knapp, gezielte Förderung in Kernzucht
- ▶ **Du & Pi:** wenig Sauen, regelmässige Importe nötig

Tägliche Zuchtwertschätzung

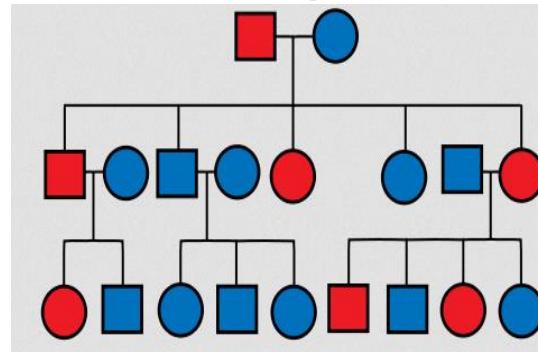


Wie funktioniert genomisch optimierte ZWS (goZWS)?

Leistungsdaten

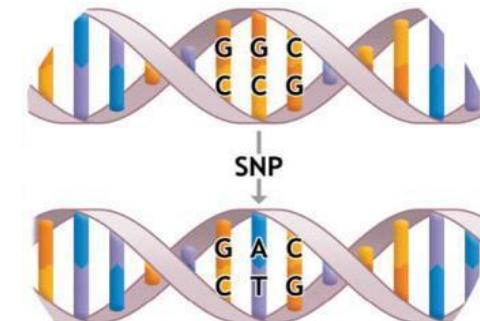


Pedigree



Pedigree-
Verwandtschaft

Genet. Marker



Genomische
Verwandtschaft

Zuchtwertschätzung

Zuchtwerte



► Gleichungssystem

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{H}^{-1} \otimes \mathbf{G}_0^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\mathbf{b}} \\ \hat{\mathbf{u}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{bmatrix} \quad \text{mit } \mathbf{H}^{-1} = \mathbf{A}^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{G}^{-1} - \mathbf{A}_{22}^{-1} \end{bmatrix}$$

► Berechnung von $\mathbf{G}^{-1} - \mathbf{A}_{22}^{-1}$ (mit **HGinv**)

- Augehend von (mit Fimpute imputierten) SNP-Daten
- Skalierung, damit „G und \mathbf{A}_{22} auf gleicher Basis“
Verschiedene Parameter → optimale Werte durch Validierung

► Lösung Gleichungssystem: **Mix99**

► Approximation Genauigkeiten: **ApaX99**

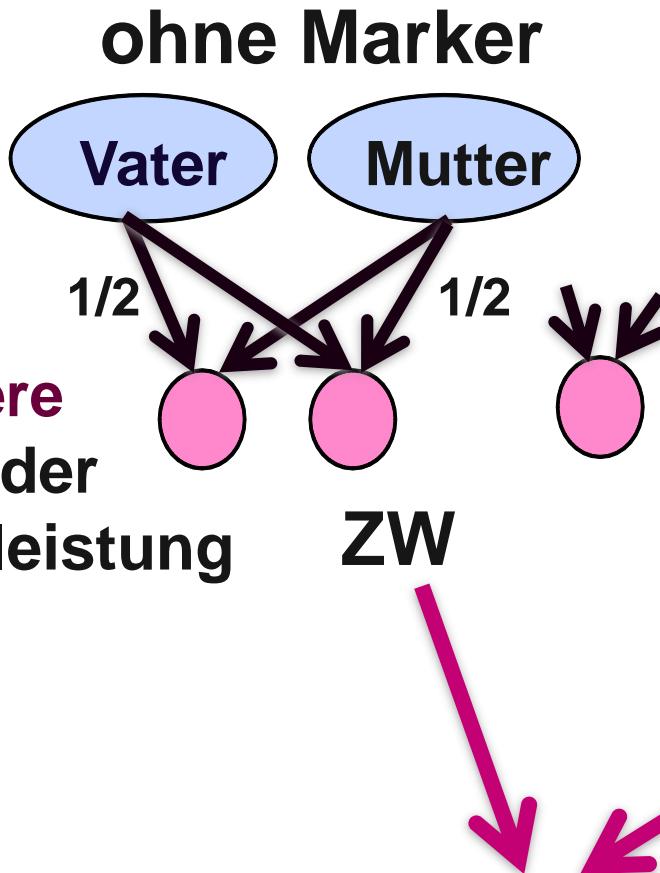
Was bringt goZWS?

Wie gut ist Vorhersage mit (go)ZW?

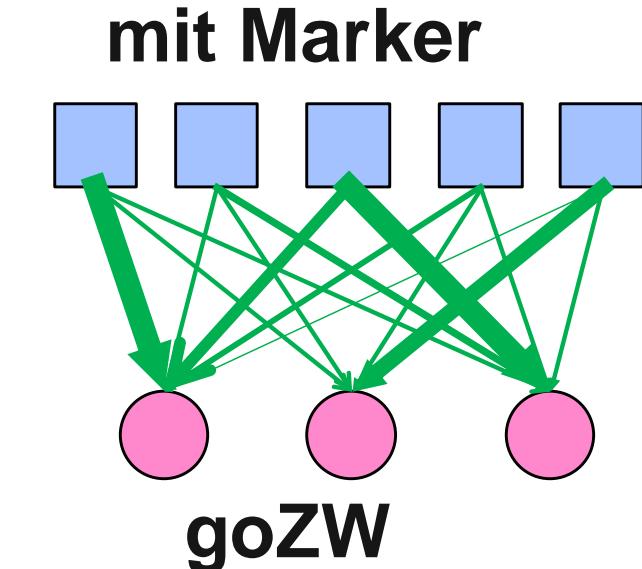
Verfügbare
Daten vor
2.5 Jahren

Validierungstiere
ohne eigene oder
Nachkommenleistung

Heute mit viel
Information für
Validierungstiere



ZW oder Leistung von
Validierungstieren



Genauer?

Typische Genauigkeit (B%) von ES-Jungebern mit/ohne SNP-Daten

ZW	Prüfung	Ohne SNP	Mit SNP	Differenz
RZW	Ohne Lstg	18%	30%	+12 Punkte
PZW	Ohne Lstg	27%	39%	+12 Punkte
PZW	ELP US	38%	47%	+9 Punkte
PZW	ELP+MTZ+FV (Wartestall)	45%	52%	+7 Punkte

Analyse vom Nov. 2016 mit weniger typisierten Tieren

Proben, Genotypisierung, SNP-Datenverwaltung



► **Probenziehung und Verwaltung**

- Zuchtbetrieb: Haarwurzlen aller Kernzuchtsauen und NS-Eber
Haarwurzeln/Typifix Probensammler von Zuchtkandidaten
- SUISAG: Haarwurzeln Jungeber in Aufzucht, KB-Eber
- Alle Proben gehen zu SUISAG und werden dort gelagert

► **Genotypisierung**

- FBF 60K-Chip bei VanHaeringen/Certagen
- Referenztiere (Eber und Kernzucht-Sauen mit B% RZW >50% od PZW > 60%)
- Zuchtkandidaten: v.a. Jungeber in Aufzucht

► **SNP-Datenverwaltung**

- Filesystem mit SUISAG-eigenen Programmen

Von welchen Tieren werden DNA-Proben genommen?

► Premo:

- Ca. 2500 Proben aller Zuchtkandidaten als Ferkel
- bei VHL in Holland 60K SNP Chip-Typisierung von:
 - Ca. 1300 männliche Tiere pro Jahr mit anschliessender goZWS (nach Plausibilisierung des Geschlechts und der Abstammung)
- Von ca. 1200 weiblichen Tieren pro Jahr werden Proben eingelagert
 - sobald diese belegt wurden, müssen diese SD Chip typisiert werden

Von welchen Tieren werden DNA-Proben genommen?

► ES:

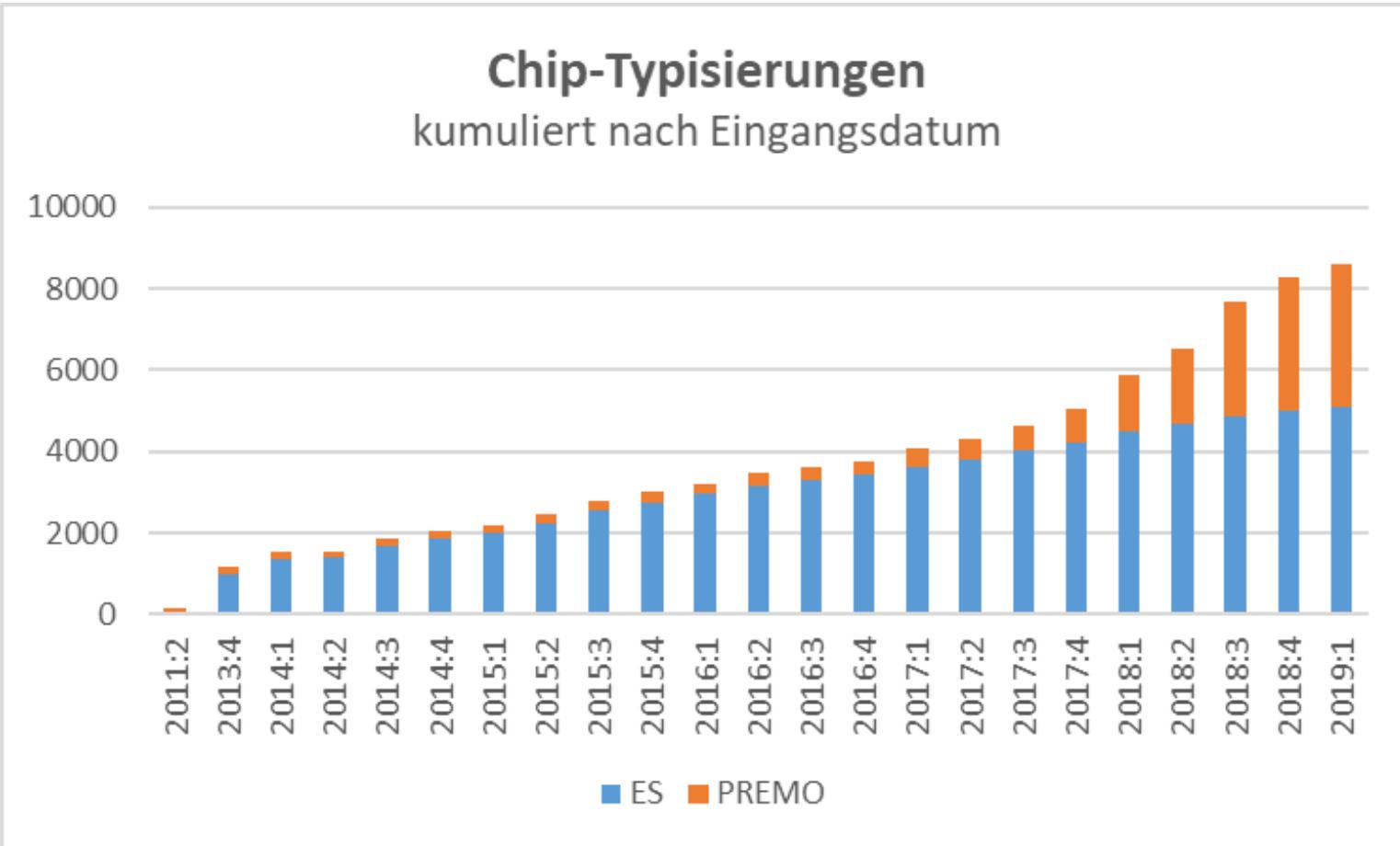
- 470 Eberferkel pro Jahr bei Einstellung beprobt

- Alle ES-Sauen, die in Kernzuchtbetrieben das erste Mal abferkeln (ca. 1000 Sauen pro Jahr)
 - Wenn Genauigkeit (B%) Repro > 50% (nach ca. 2 Würfen) sind diese züchterisch interessant und werden als Referenztiere betrachtete → SD-Versand der Referenzproben

Von welchen Tieren werden DNA-Proben genommen?

- ▶ 400 typisierte Tiere pro Jahr für **Elitepaarungen**
- **LR**: Eberferkelbeprobung → CF18-Typisierung, Selektionskriterium für Einstallung
- **D** und **P**: nach Feldprüfung → Entscheid Ankauf KB

Entwicklung der Typisierungen



Reproduktionsleistung



► Erhoben in Herdebuchbetrieben

- durch Züchter
- Periodische Kontrolle SUISAG

► Wurfleistungs-Merkmale

- **LGF** Lebend geborene Ferkel/Wurf (n)
- **UF** Ferkel unter 1kg Geburtsgewicht (% AUF)
- **FAR** Ferkelaufzuchtrate (% abgesetzte von gesäugten F.)
- **IAB** Intervall Absetzen bis Belegung (Tage bis 1. Brunst)

► goZWS ab 01.01.2016

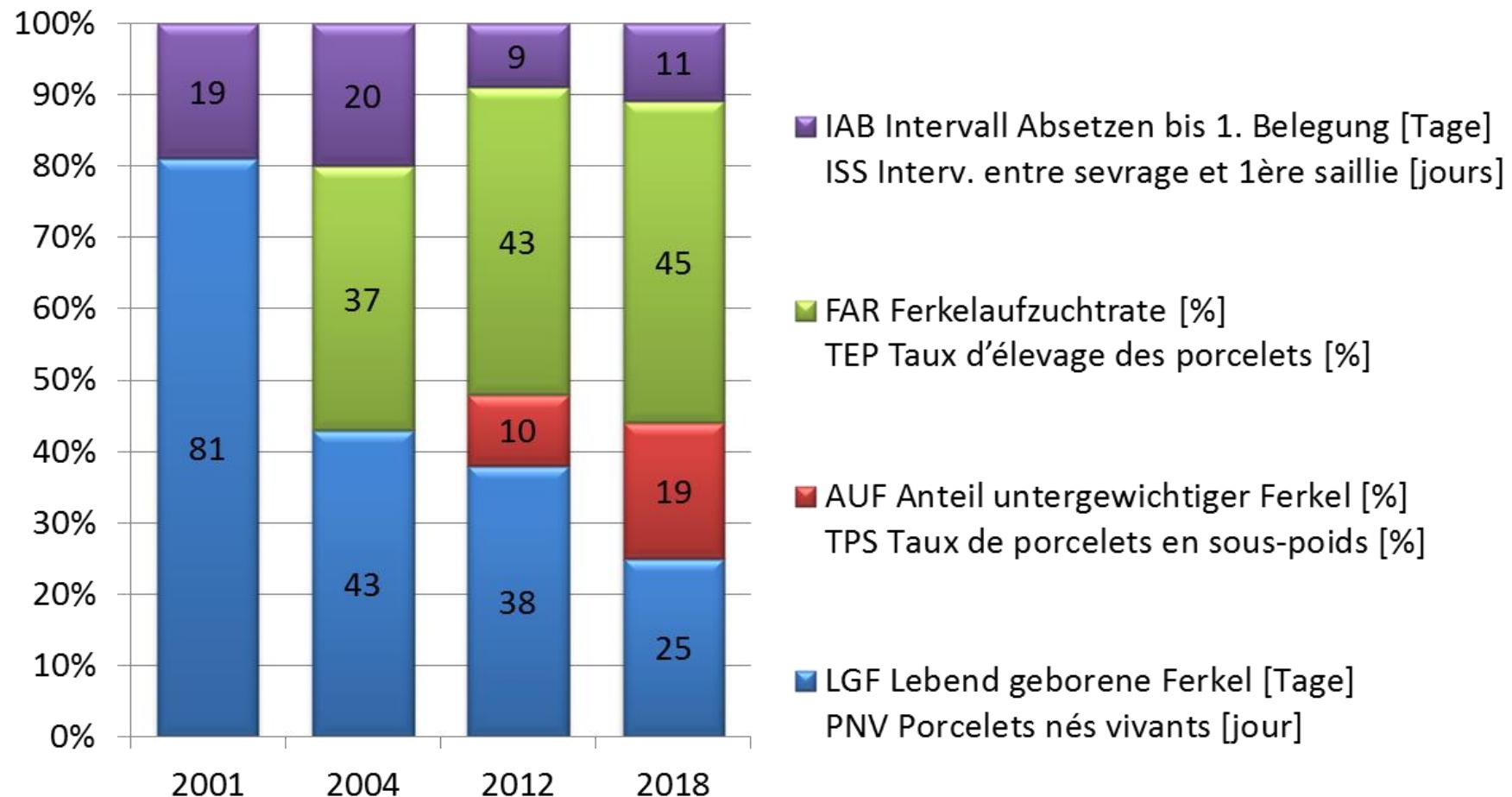
- Würfe ab 2002
- Pedigree ab Geb.jahr 2000
- Typisierungen ab Geb.jahr 2002
- Ca. 3'000 Referenztiere

Sau / Frute		Eber / Verrist		Wurftatsum		Väterliche Abstammung		Mütterliche Abstammung								
D.	Frute-Nr.	M.	Verrist-Nr.	Frute-Nr.	Wurftat-Nr.	Eber-Nr.	W.	Mutter-Nr.	W.							
Geboren:	02.08.2009							NH/ML	1555-205							
Uhrzeit:								AG für Dienstleistungen in der Schweinewirtschaft								
Uhrzeit:								Altdorf, CH-6204 Gerspach								
Uhrzeit:								Telefon: 041 462 63 49								
Zuchtkarte / Valeurs d'élevage	Reproduktion / Reproduction				Produktion / Production											
Geboartement-Nr.	1002	1007	81	1104	W	1003	1005	1006	1007							
Geboart.	56431	56432	57	57	MF	MF	MF	MF	MF							
Wurf	56431	56432	2	110	0.5	-0.45	0.7	1.5	-0.95							
Wurf	56431	56432	2	110	0.5	-0.45	0.7	1.5	-0.95							
Extrem / Max	EDW	B%	Ford	Ztg	Tgt	X-G	MF	MF	MF							
Extrem / Max	56431	56432	100	93	120	108	-0.03	0.17	-0.07							
Extrem / Max	56431	56432	105	75	93	120	-0.03	0.17	-0.07							
Wurf																
Akkumulierte Wurf / Menge-basis schätzen																
Wurftatnum	Ter geboren	Leb geboren	UF	Gesamt	Massablagen / Anmerkungen	Ver-	Abgab-	Abgabe-	Abgabe-							
Ter	Mo	Jah	W	W	AF BR CH SP FR	zette	ED	TS	UE	H	Abset-	N	H	Art		
Ter	3		6	7	3	146										
Tatwurfs aktueller Wurf / Titrés portée actuelle																
Tatwurfs-Nr.	von	bis	Tatwurfs-Nr.	von	bis	taufende-Nr.	analog HB-Nr.	Rasse-ZEI	Wurftatbestimmungen							
									SH	MF	max. TFC	MM	OK	BA	OE	
									Anzahl	DD	DA	FR				
Bisher HB-tatuierte Ferkel / Porcets tatoués du herd-book jusqu'à présent																
Wf	M von bis	F von bis	Wf	M von bis	F von bis	Wf	M von bis	F von bis	ZEI	Bemerkungen / Remarques						
Reproduktion / Reproduction																
Wf	Decker-Nr.	Wurf	Wurf	Wf	Wf	Wf	Wf	Wf	Wf	Massablagen	Ver-	Abgab-	Abgabe-	Wurf-		
Nr	Nr.	W	U	U	U	U	U	U	U	AF BR CH SP FR	zette	ED	TS	UE	beobachtungen	
1	2	1097	NO2	1097	08-10	1097	1097	1097	1097							
2	2	7152	NO2	19.03.11	14	2										
Anzahl / Nombre																
Durchs. / Moyenne																
Beobachtung / Observations																
Zeitpunkt / Date																
Bemerkungen / Remarques																
Sortie de la truite / Date de la truite																
Grund / Motif																



Zuchtziel Reproduktion

(Gewichtung Merkmale in RZW, 2001 - 2019)



Sinnvolle Wurfgrösse bei bester Aufzuchtleistung

Zuchtwertschätzung Reproduktion

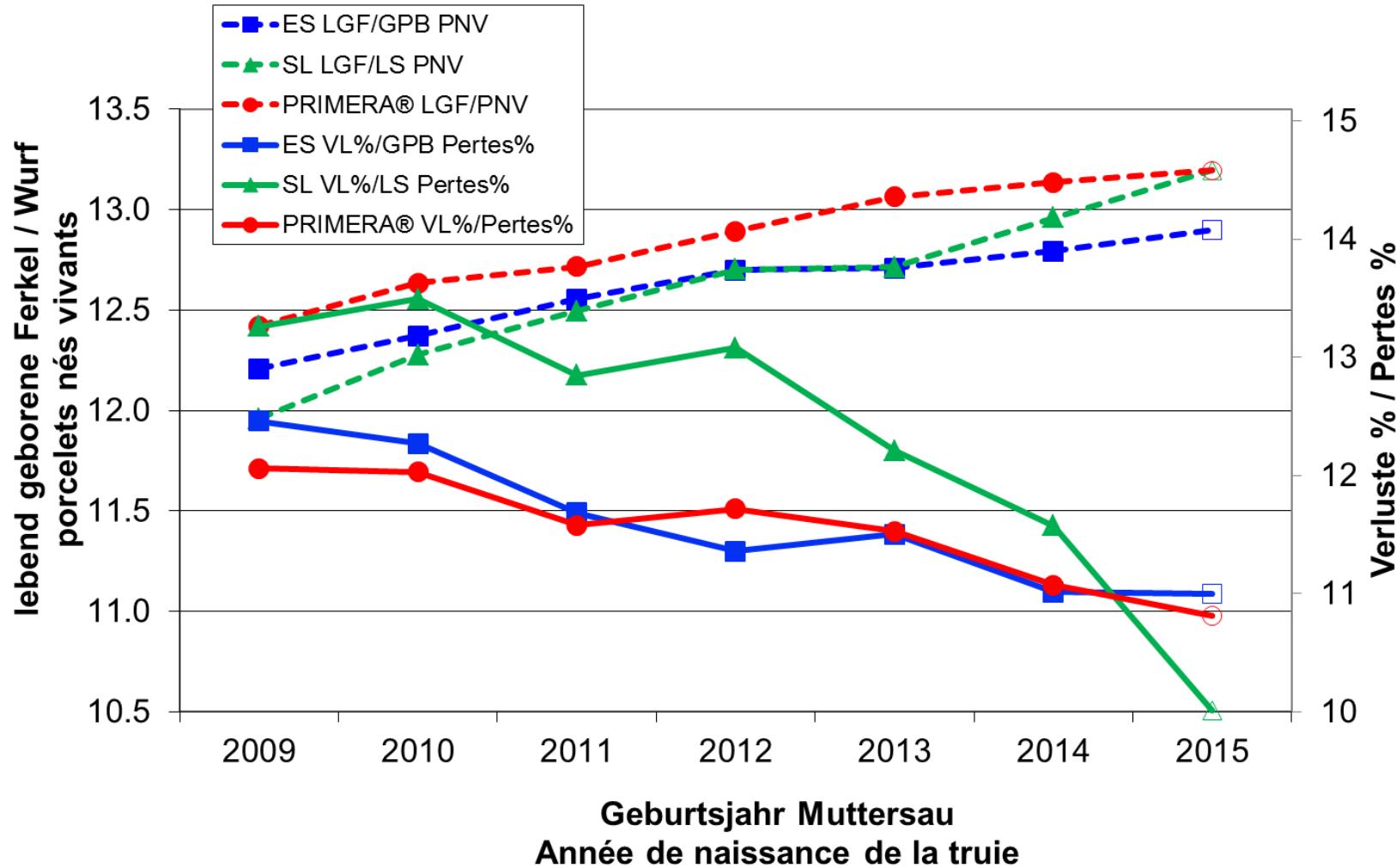
Auswertungsmodelle

	LGF	AUF	FAR	IAB
Betrieb x Zeitperiode	f	f	f	z
Saison (Monat)	f	f	f	f
Alter der Sau (Klassen)	f	f	f	f
Sau reinrassig oder F1-Kreuzung	f	f	f	f
Belegungsart (KB, NS, -TG)	f	f	-	-
Rassengruppe Wurf (Klassen)	f	f	f	
Anz. gesäugte Ferkel (Cov, Klassen)	-	-	x,x ²	f
Säugedauer (Klassen)	-	-	f	f
Besamungseber	z	z	z	-
Perm. Umwelteffekt der Sau	z	z	z	-
genet. Grp unb. Eltern (Cov=Blutanteil)	x	x	x	x
Tier (=Sau)	z	z	z	z

Zuchtwertschätzung Reproduktion Parameter (h² diag, rg unter, rp oberhalb Diagonale)

	LGF	AUF	FAR	IAB
LGF	0.12	0.28	-0.10	0.01
AUF	0.44	0.09	-0.24	0.00
FAR	-0.13	-0.43	0.06	0.02
IAB	0.04	0.01	-0.18	0.12

Gen. Entwicklung Wurfgrösse und Saugferkelverluste in Produktion



Resultate Repro-Controlling 2019

Kennzahlen berechnet aus 628 Betrieben

Kategorie	Anzahl Betriebe	LGF	AGF	Verluste	Leertage	Würfe / Jahr	AGF/SuJ
Top 10%	63	13.9	12.6	9.5%	7.0	2.41	30.3
o. Viertel	156	13.7	12.2	10.4%	7.3	2.39	29.2
Mittel	628	13.1	11.4	12.4%	8.7	2.33	26.7
u. Viertel	156	12.4	10.5	14.7%	10.2	2.26	23.9

- ▶ Das bessere Viertel der Betriebe hat 1.3 Ferkel (LGF) mehr pro Wurf und gleichzeitig (trotzdem) weniger Ferkelverluste
- ▶ **Die Betriebe des oberen Viertel setzen 5 Ferkel pro Sau und Jahr mehr ab als die Betriebe des unteren Viertel
⇒ 20% niedrigere Produktionskosten laut Kostenrechner der Suisseporcs !**
- ▶ **Grosses Verbesserungspotenzial beim Management!**

Datenumfang und Rechenzeit



► **Rassen:** Edelschwein, Landrasse, F1 (ESxSL, SLxES)

► **Wurfleistungen** ab Wurfdatum: 1.1.2002

▪ Lebend geborene Ferkel (LGF)	549'000
▪ Anteil untergewichtiger Ferkel (AUF)	269'000
▪ Ferkelaufzuchtrate (FAR)	541'000
▪ Intervall Absetzen-Belegung nach 1. Wurf (IAB)	106'000

► **Pedigree** bis vor Geb.jahr: 2000

- 151'000 Tiere

► **Typisierungen** ab Geburtsdatum: 1.1.2002

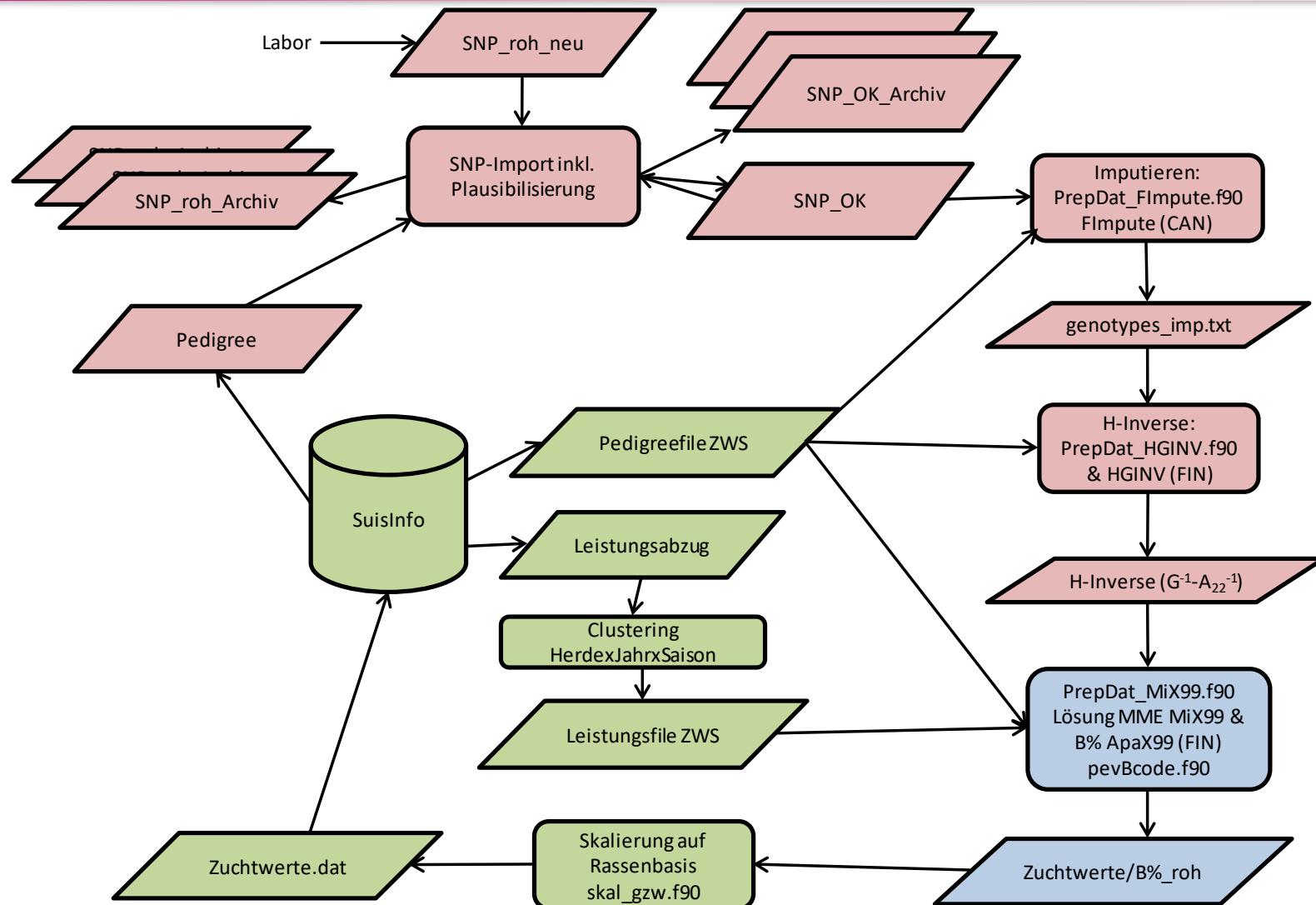
- 9'000 typisierte Tiere, davon 3'100 Referenztiere (trad. B% > 50)

► **MME** mit 1'061'000 Gleichungen

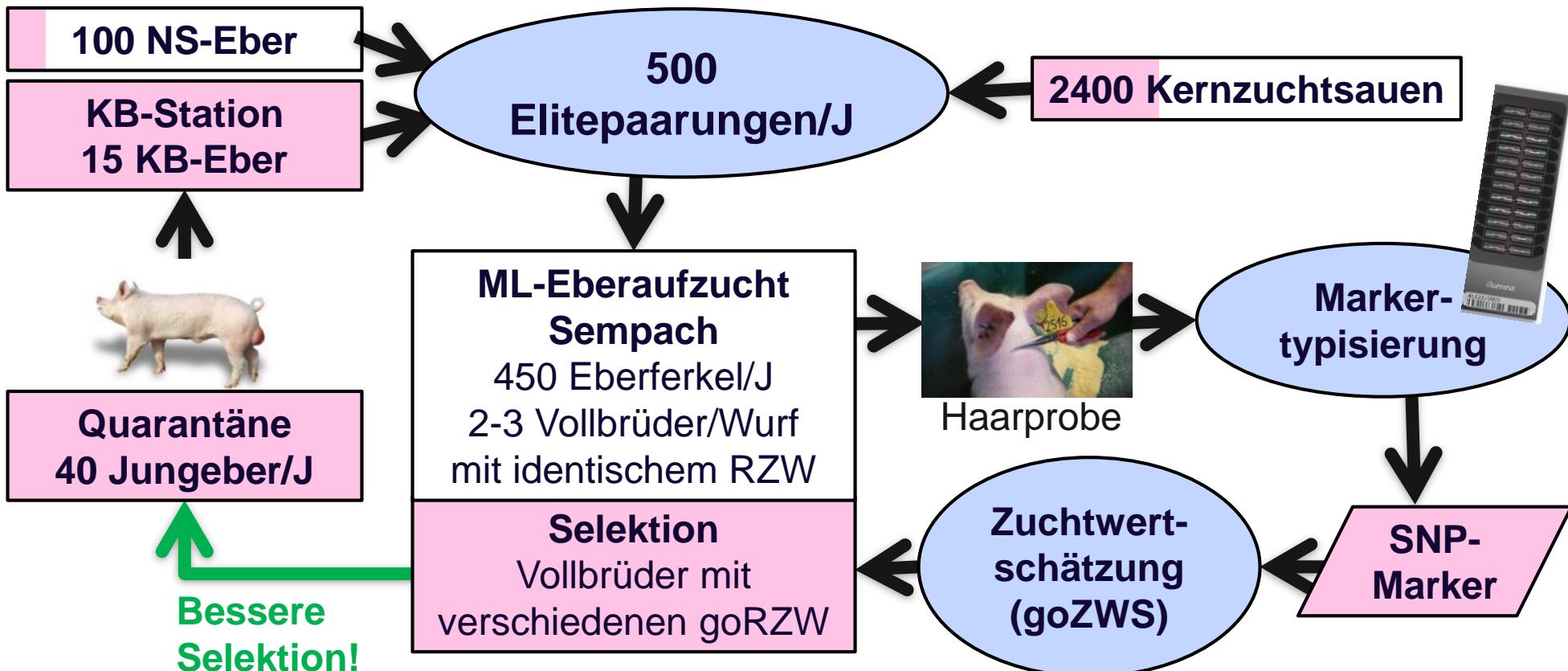
► Gesamte **Rechenzeit**: 1h30' (ohne genomische Verw.)

Ablauf goZWS

eigentliche ZWS (dh ohne SNP-Import) vollautomatisiert (Batchjob)
Intervention auf Fehlermeldung



Zuchtpogramm Edelschwein-Mutterlinie und Nutzung goZWS



Für 60'000 SNP-Marker typisierte Tiere

2 Beispiele von Vollbrüdern Traditionelle Abst.ZW vs goZW

TierID	traditonelle ZWS Abstammungszuchtwerte					genomisch optimierte ZW				
	RZW	LGF	AUF	FAR	IAB	RZW	LGF	AUF	FAR	IAB
9300.EB3	126	0.31	-0.03	1.58	-0.59	98	0.22	0.36	-0.65	-0.36
9301.EB3	126	0.31	-0.03	1.58	-0.59	123	0.27	-0.52	1.19	-0.10
9302.EB3	126	0.31	-0.03	1.58	-0.59	116	-0.02	-0.39	1.18	-0.09
6487.JR3	131	0.34	0.32	2.48	0.56	128	0.08	0.07	2.42	0.39
6488.JR3	131	0.34	0.32	2.48	0.56	143	0.54	-0.05	2.77	0.86
6489.JR3	131	0.34	0.32	2.48	0.56	131	0.69	1.20	2.08	1.20

- Deutliche Unterschiede zwischen Vollbrüdern → genauere Selektion innerhalb Vollgeschwistern

Aufgabe MLP & Prüfumfang

► Prüfung der Produktions- & Schlachtleistung unter standardisierten Bedingungen

Prüfart	2017
VGP Vollgeschwisterprüfung	2434
ELP Eigenleistungsprüfung (Eber ML)	638
EPP Endprodukteprüfung (KB-Eber VL)	667
FPG Freie Prüfung (Genetik- o. Futtertest)	149
Total erfolgreich geprüfte Tiere 3880	

► Forschung und Entwicklung im Bereich Schlachtkörper- und Fleischqualität

Zuchtwertschätzung Produktion

Merkmale und Erfassungsort

Merkmal	Abk.	Prüfung	Messung
Masttageszunahmen	MTZ	MLP	MLP
Futterverwertung	FV	MLP	Futterstationen
Fleischfläche	FIFI	MLP	Planimetrie Karreeanschnitt
Intramuskulärer Fettgehalt	IMF	MLP	NIR im Labor MLP
pH-Wert 1.5h post mort. Karree	pH1K	MLP	Schlachthof
pH-Wert 24h post mort. Schinken	pH24S	MLP	Schlachthof
Pigmentgehalt	PigM	MLP	Spektralfotometer Labor MLP
Tropfsaftverlust bis 48h pm	DL	MLP	Lagerung/Wägung Labor MLP
Einfach unges. FS Rückenspeck	MUFA	MLP	NIR im Labor MLP
Mehrfach unges. FS Rückensp.	PUFA	MLP	NIR im Labor MLP
Lebendtageszunahmen	LTZ	Betrieb/Feldpr	Waage, Zuchttechniker
Rückenspeckdicke	RSD	Betrieb/Feldpr	Ultraschall, Zuchttechniker
Muskeldicke	MD	Betrieb/Feldpr	Ultraschall, Zuchttechniker
Tageszunahmen Endprodukte	TZS	Testbetrieb	Schlachtgewicht im Shof
Magerfleischanteil	MFA	MLP/Testbetr	AutoFOM im Schlachthof
Erlös aus MFA	MFAEL	MLP/Testbetr	Bonus/Malus Proviande Maske

Abholservice & Ankunft



SUISAG		Fax 041 462 65 49	5474				
Abrufdatum	18.08.2014	9.9					
Gruppennummer	716 XE5 2						
Anzahl angem. Tiere	2						
SGD-Status	A-R1;A-R1						
Geburtsdatum	12.06.2014						
Rasse	5						
Vater	BULLO	5 1548 XE4					
Mutter		5 0716 XE5					
Anzahl gelieferte Prüfgruppen ab 01.01.2014							
Rasse	Anzahl Gruppen	freie Geschlechterwahl	in %				
2	1	0	0				
5	55	17	30.9				
Pro Rasse und Jahr dürfen maximal 50% der Gruppen mit freier Geschlechterwahl geliefert werden							
Zuchter Nummer	Zeichen	Sex	Gewicht				
Leer lassen	Chip	Gewicht	Stall	Bucht			
Tier 1	7305	XES F	28	5283	28	22	80
Tier 2	7311	XES F	32	5313	32.		31

Einstallung

- nach Gewicht (9-12 Tiere/Bucht)
- rein-raus
- Kapazität: 1104 & 192 (ELP)
- 10 Tage Einstallprophylaxe (CST)
- 2 Krankenbuchten/Stall
- Prüfbeginn 35kg (+/- 1kg)



Erfassung Futterverzehr über Futterstationen



Fütterung und Haltung (QM)

- ad libitum
- 2 Phasen- Fütterung
- 2 Kotbereiche mit Metallrost und Wandschlitz
- Liegebereich mit Bodenheizung
- Lüftung gesteuerte über CO₂ & Temperatur



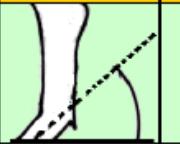
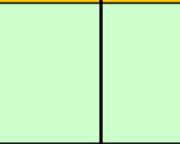
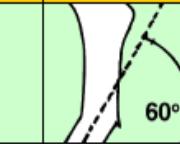
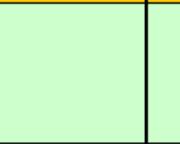
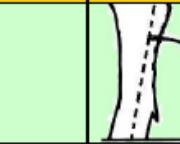
LB vor Prüfende (110 kg)

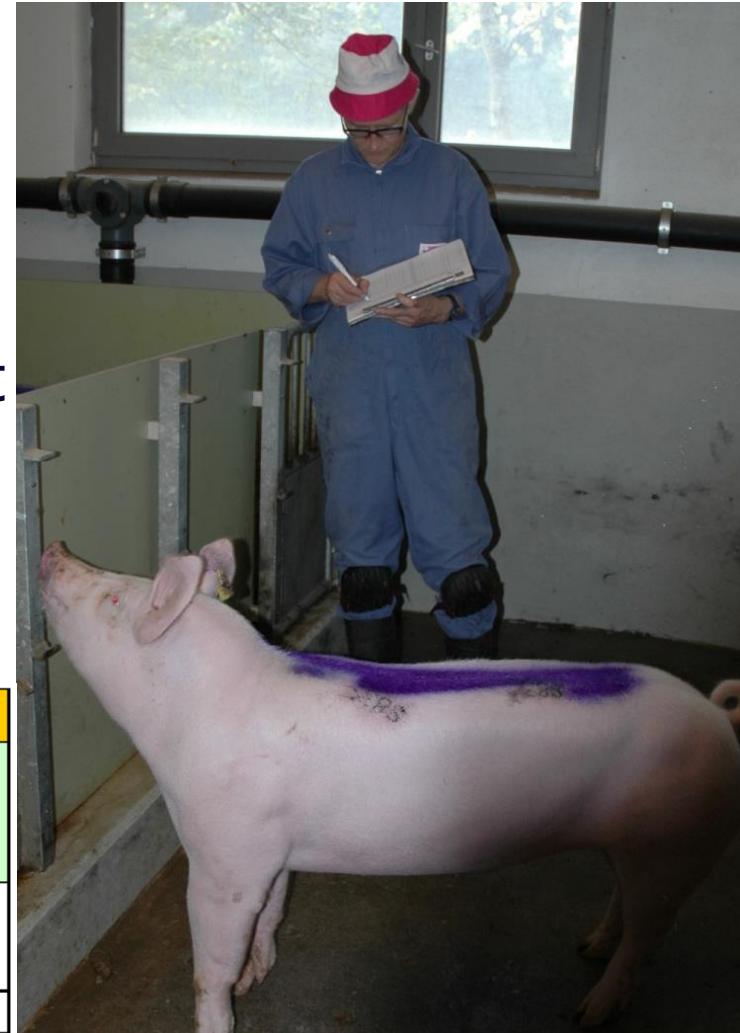
► Tierwohl = Tierschutz

► Ökonomischer Wert

- Schlachtkörperlänge (Carréelänge)
- Gutes Fundament für Langlebigkeit
- Viele gute Zitzen für Aufzucht Ferkel

Beispiel Fesselstellung:

1	2	3	4	5	6	7
						
sehr weiche Fessel	weiche Fessel	leicht weiche Fessel	optimale Fesselstellung	leicht steile Fesseln	steile Fessel	sehr steile Fessel
< 52°	52-55°	55 – 58°	58 - 62°	62 – 65°	65 – 68°	> 68°



Exterieur-Merkmale

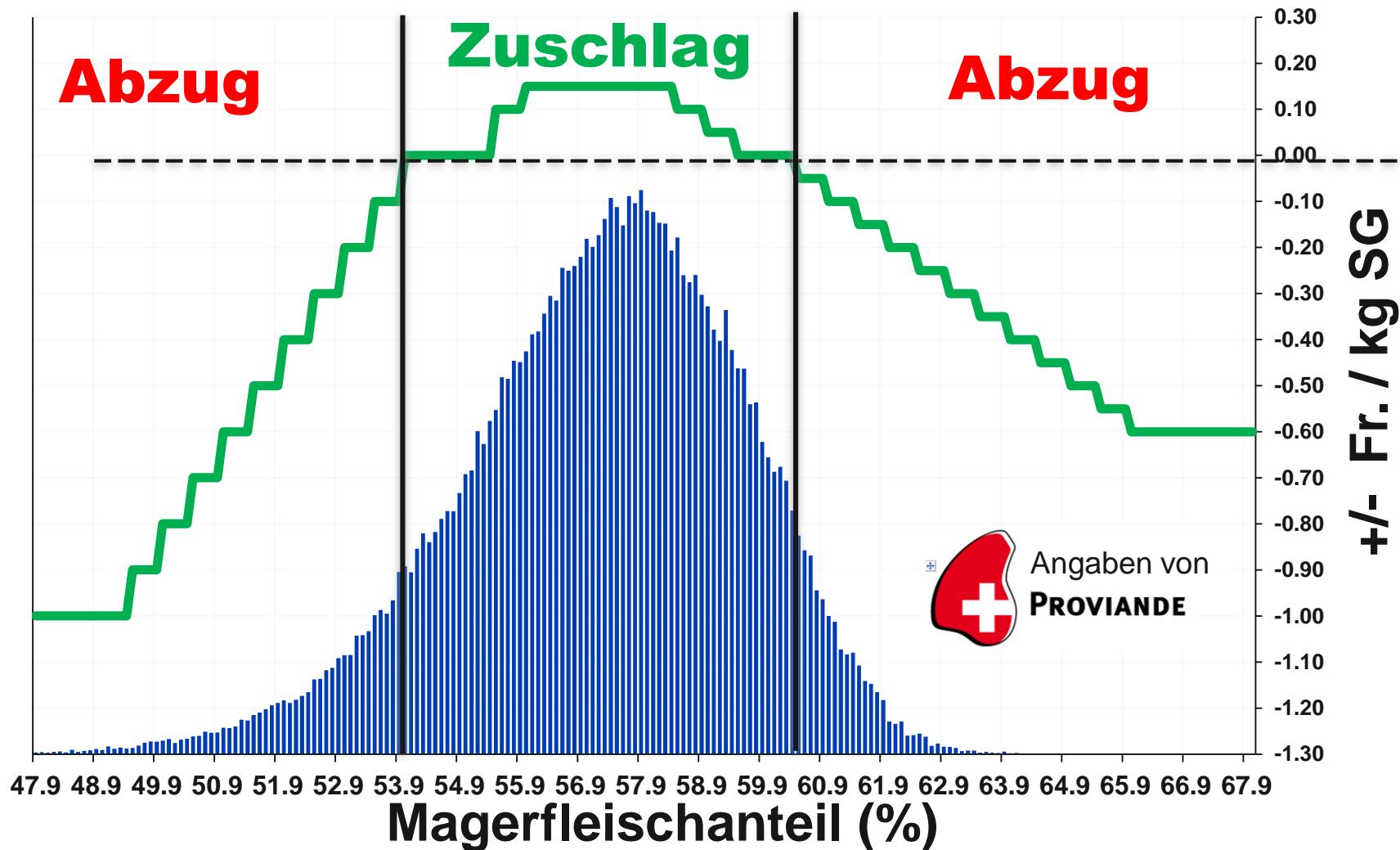
	Merkmal	Feld	Station
Typ	Lendendruck kein - stark Schlachtkörperlänge	- -	✓ ✓
Fundament	X-O beinig hinten Säbel – stuhlbeinig hinten Fesseln weich - steil hinten Innenklauen klein - gross hinten Gebeugt – vorbiegig vorne Anzahl Schleimbeutel vorne & hinten Gang locker – sperrig	✓ ✓ ✓ ✓ ✓ -	✓ ✓ ✓ ✓ ✓ ✓
Zitzen	Anzahl Zitzen links/rechts Anzahl Stülpzitzen Anzahl Zwischenzitzen	✓ ✓ ✓	✓ ✓ ✓

Schlachtung in Sursee

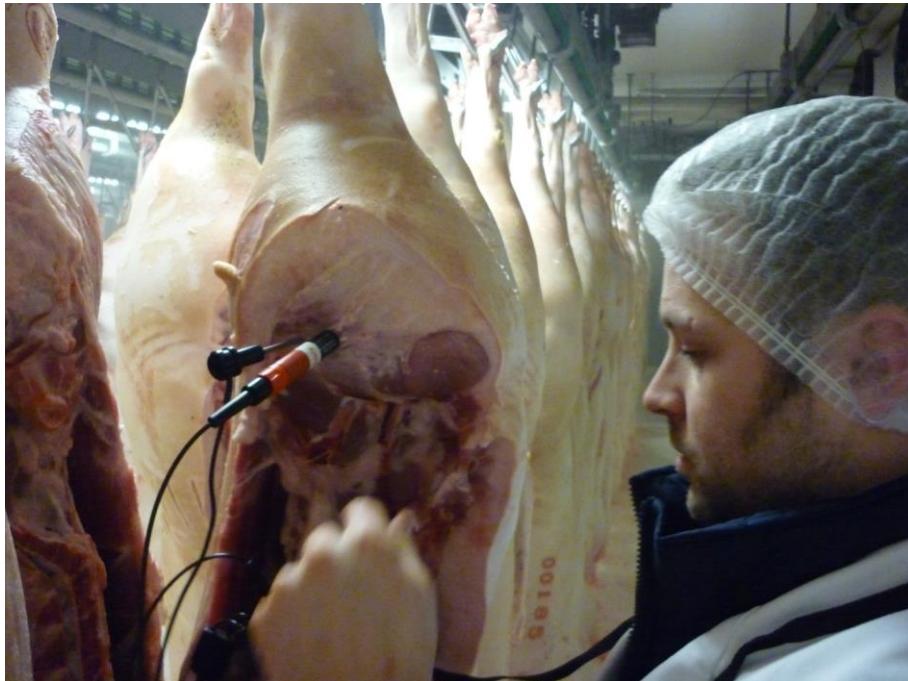
Messung Fleischigkeit mit Autofom (%MFA)



Bezahlung MFA (gemäss Proviande)

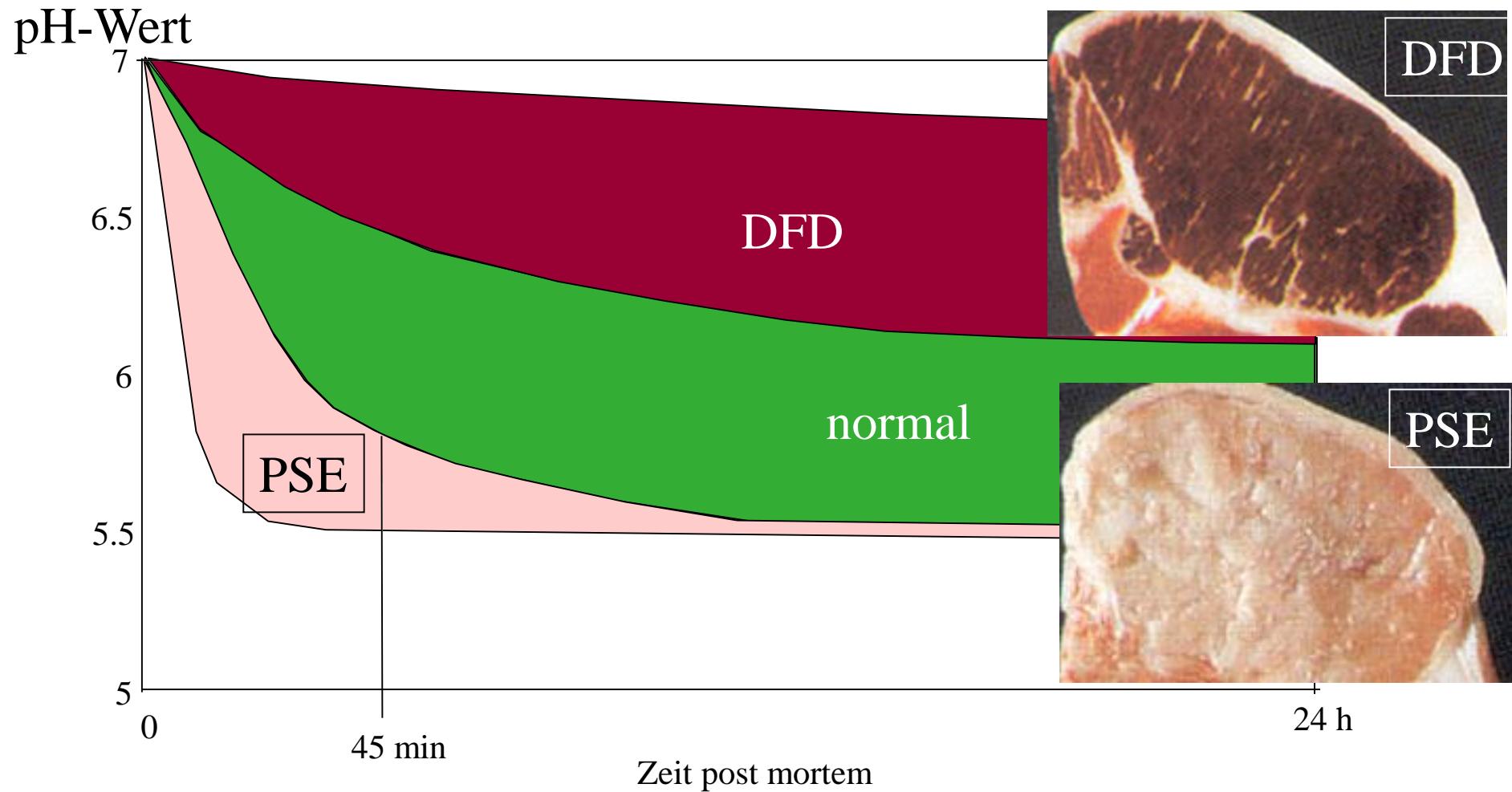


pH –Messung

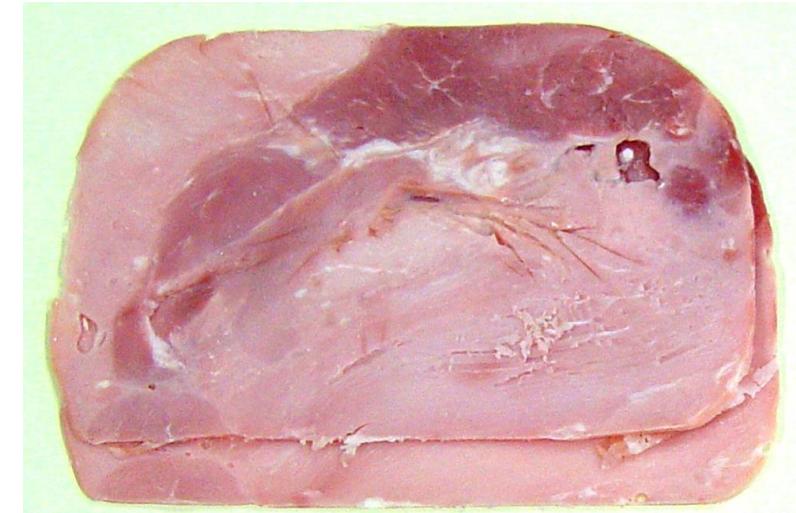
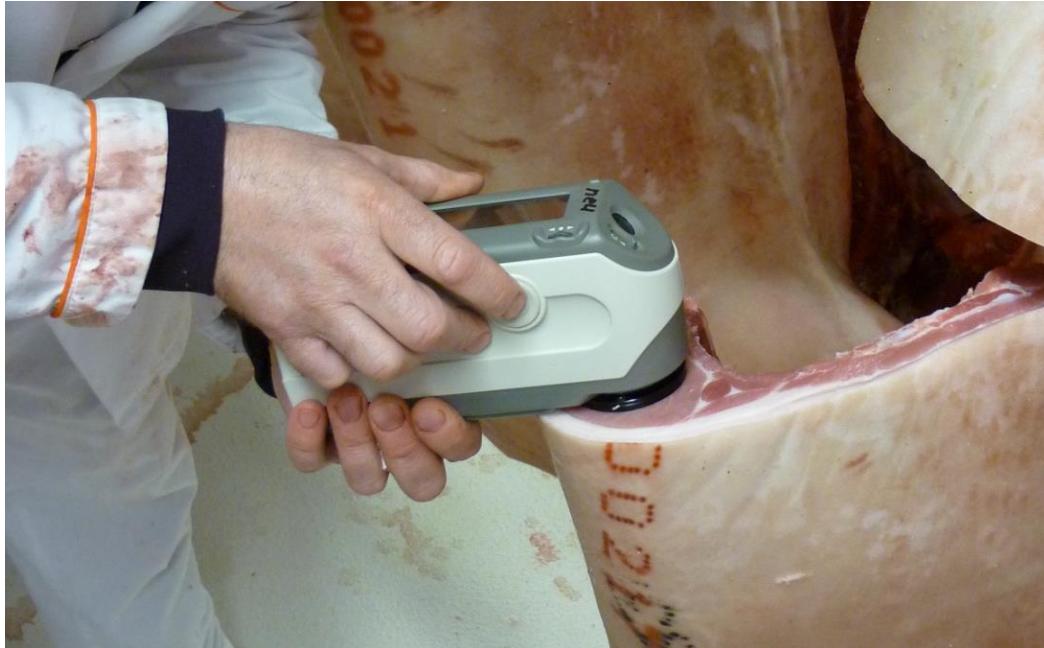


Hintergrund pH-Messung

PSE – pale, soft, exudative; DFD – dark, firm, dry



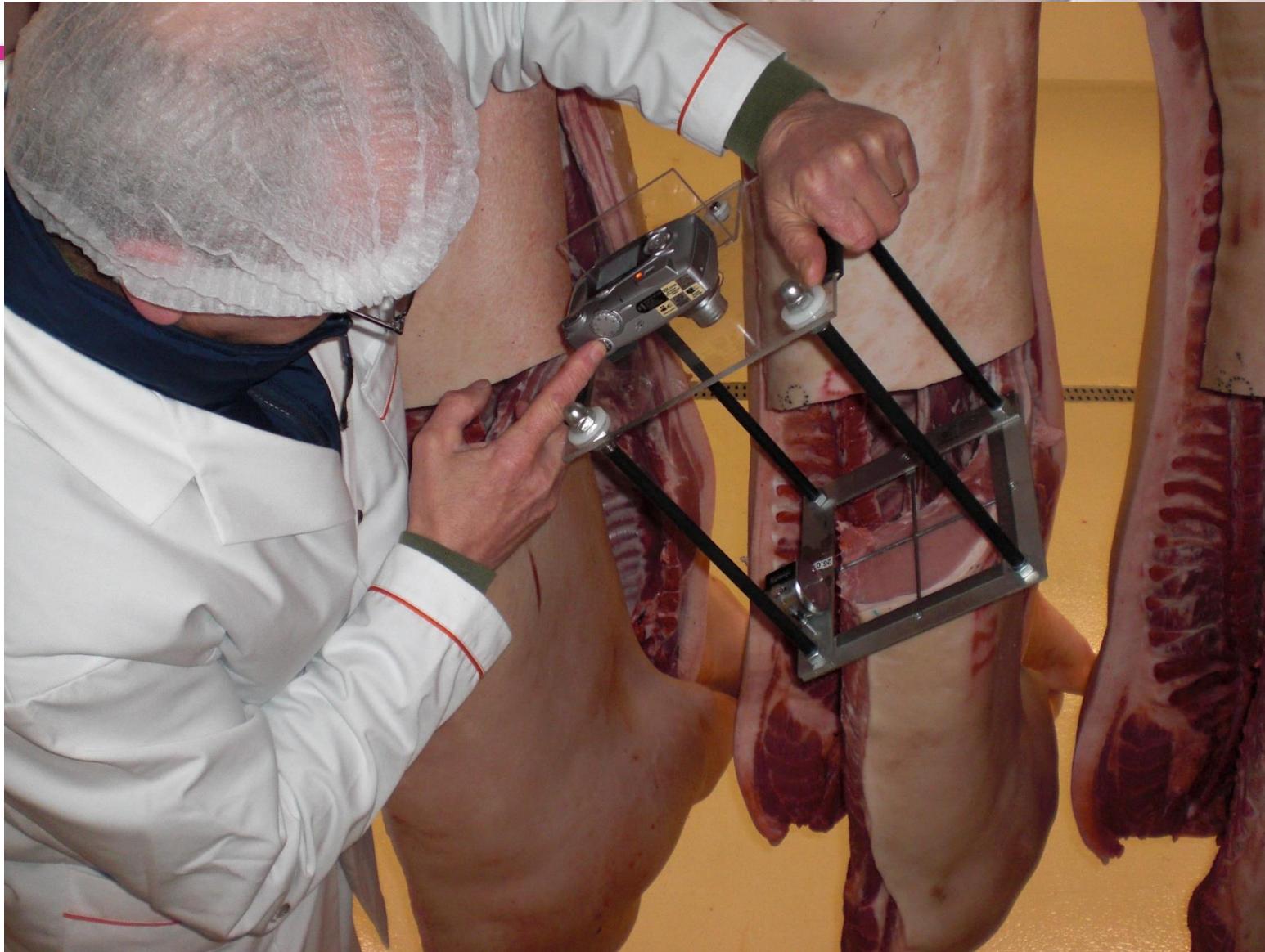
Farbmessung (mit Minoltagerät)



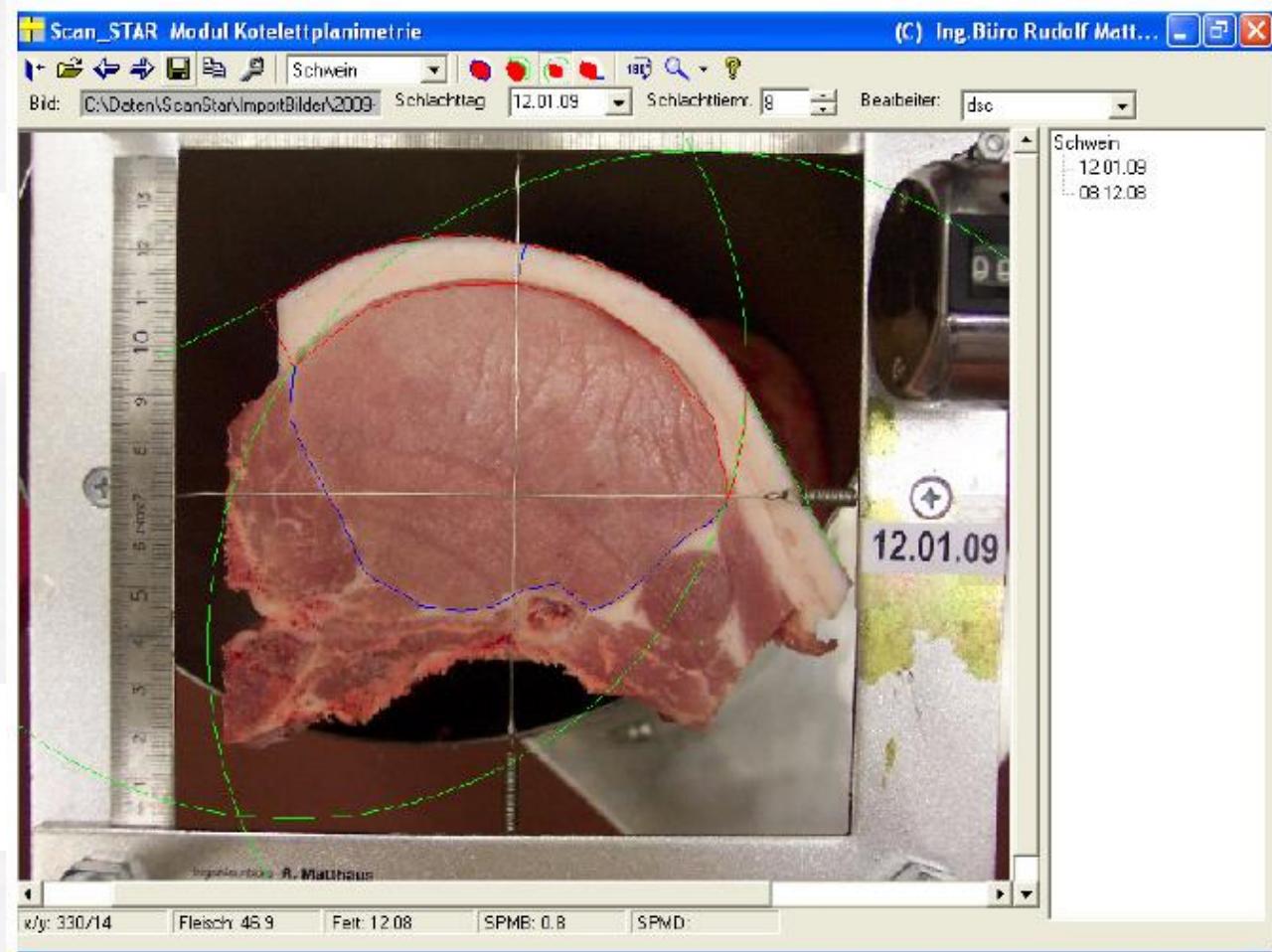
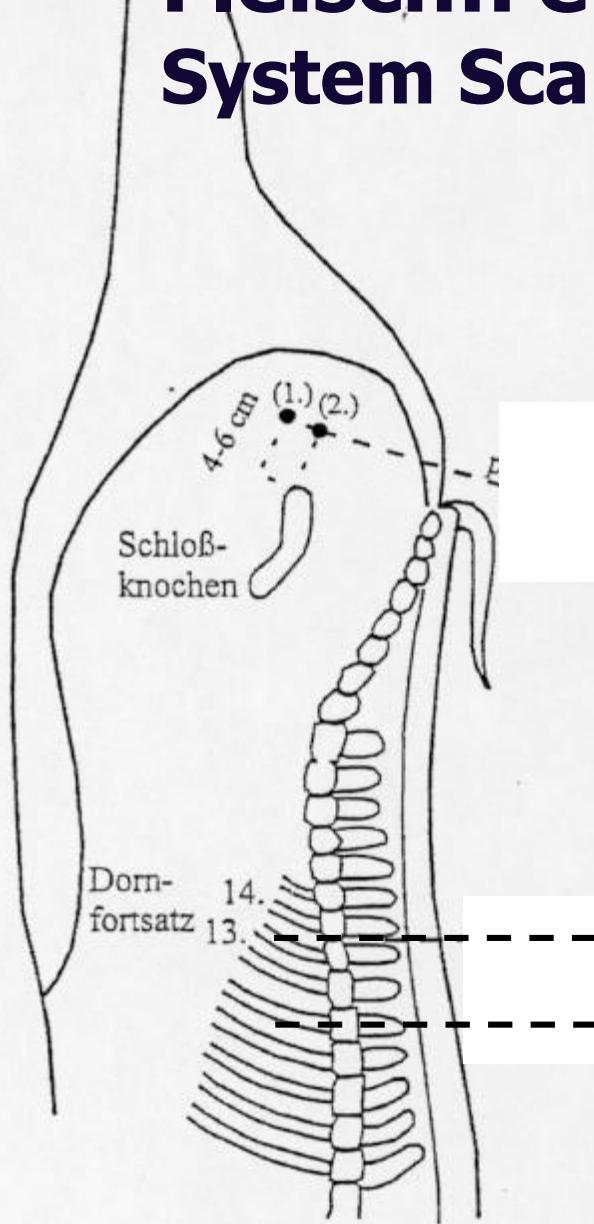
Messung Schlachtkörperlänge



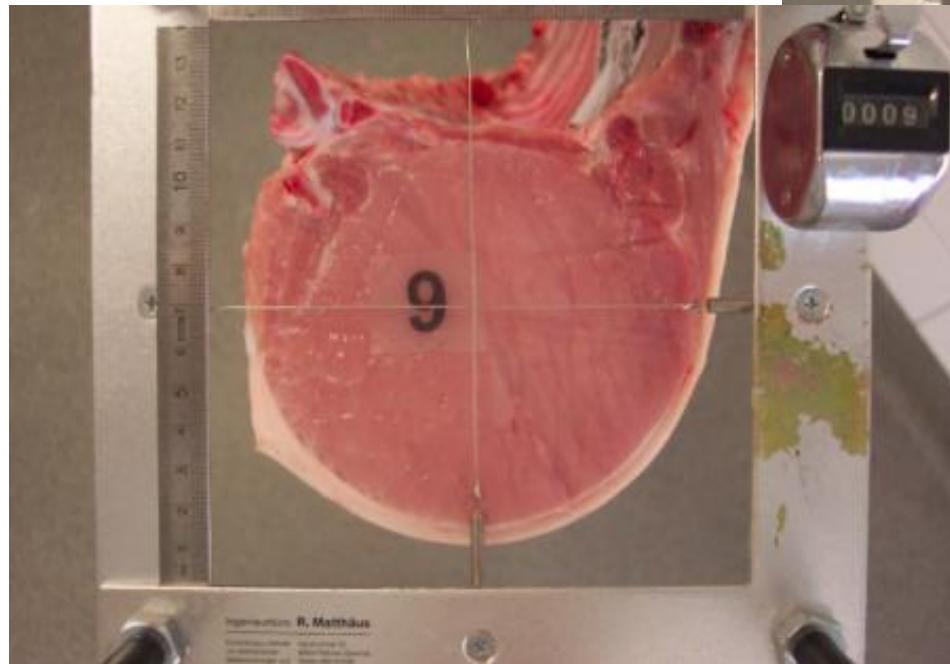
Photoaufnahme für Scan-Star



Fleisch:Fett Verhältnis Kotelettpplanimetrie System ScanStar



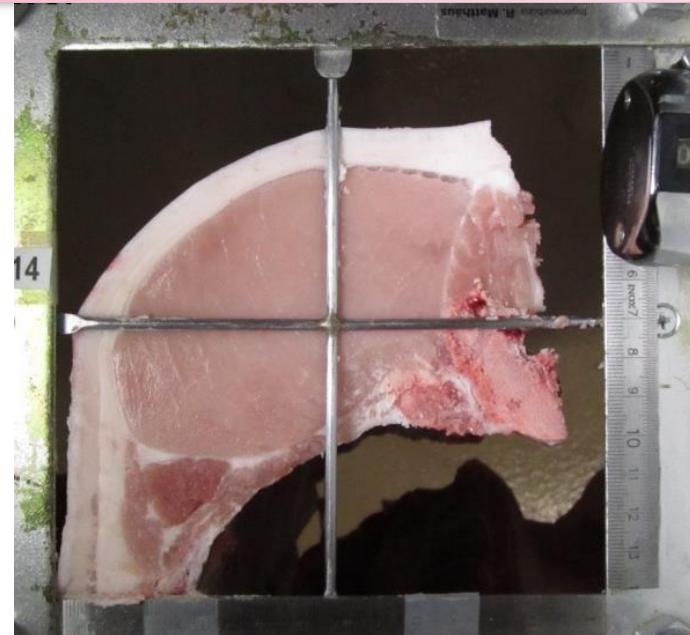
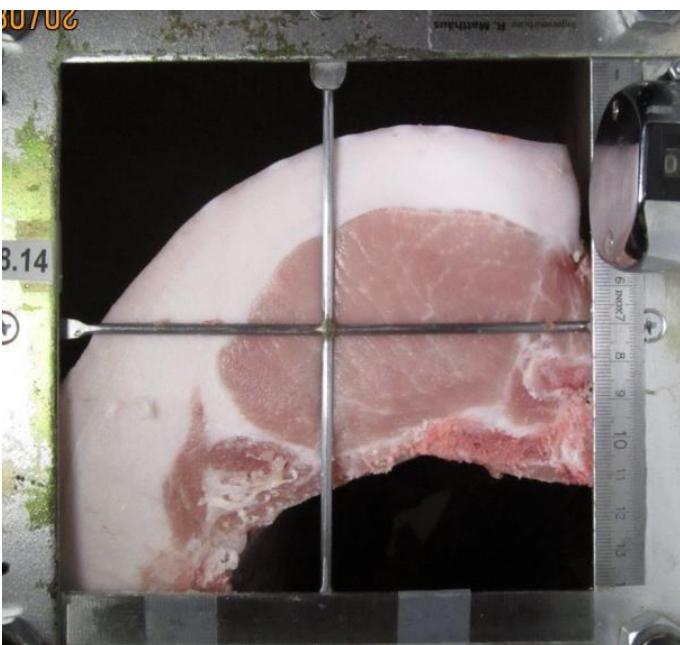
Grosse Variation zw. Rassen ...



... und zwischen Vollgeschwister!

Kastrat

MTZ	948 g/Tag
FV	2.98 kg/kg
Fleischfläche	41.2 cm²
Fettfläche	25.7 cm²
MFA	46.8 %
IMF	4.6 %



Weiblich

MTZ	950 g/Tag
FV	2.10 kg/kg
Fleischfläche	51.6 cm²
Fettfläche	13.9 cm²
MFA	61.0 %
IMF	1.1 %

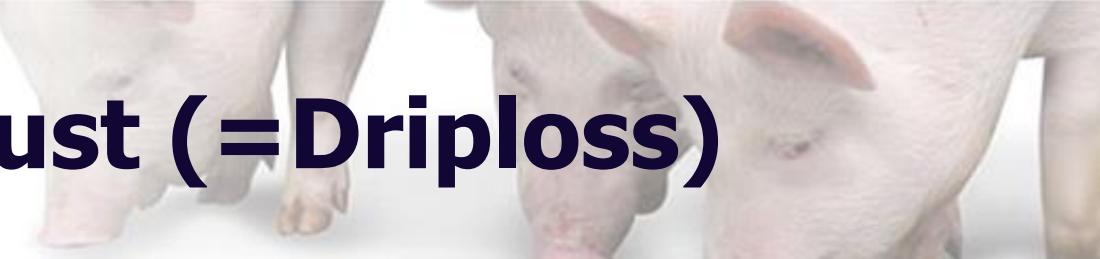
Probenverarbeitung in Sempach



Bestimmung Tropfsaftverlust



Tropfsaftverlust (=Driploss)

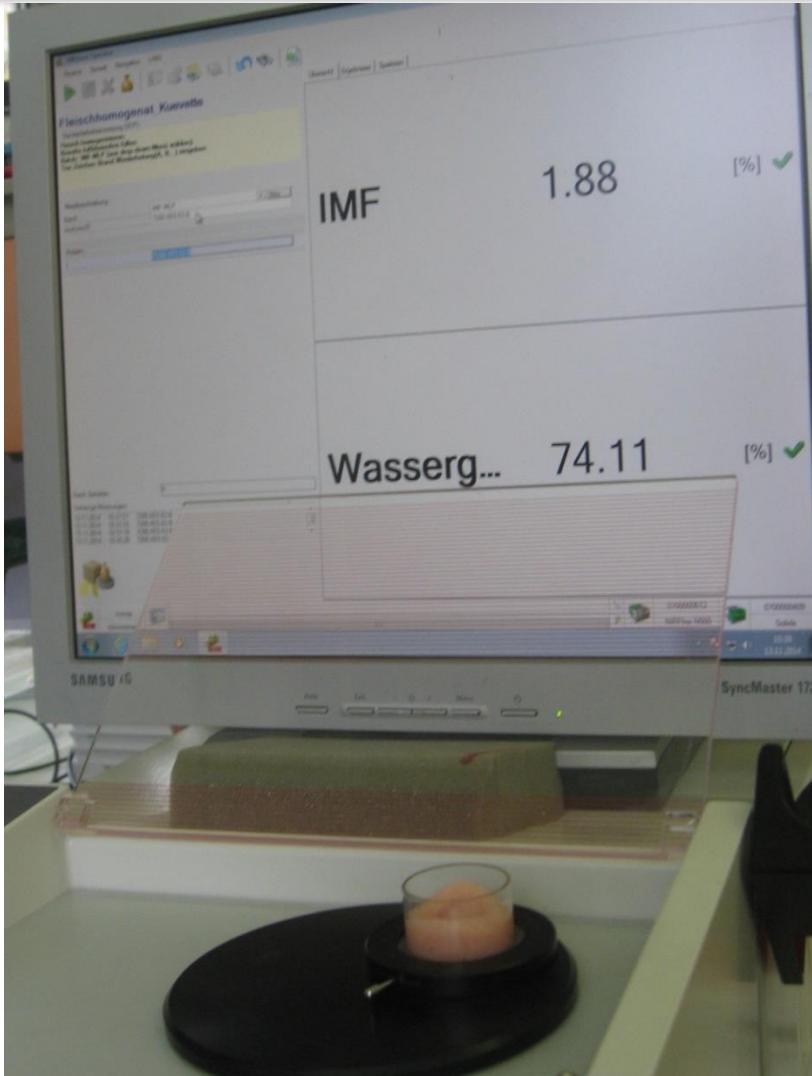


= **Verlust von Fleischsaft an der Oberfläche
ohne äussere Einwirkung**

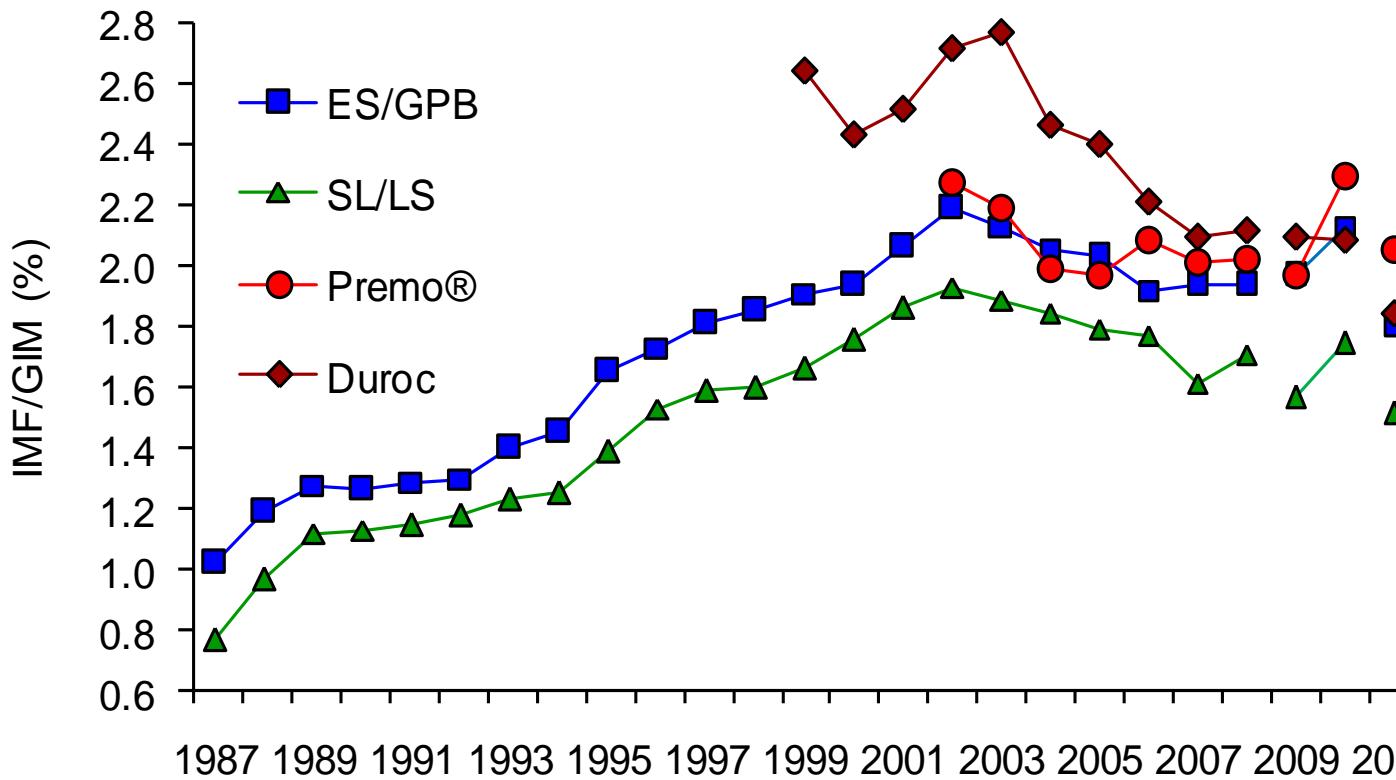
≠ Wasserverlust während Kochen

- ▶ 75 % der totalen Muskelmasse besteht aus Wasser
- ▶ 85 % dieses Wassers befindet sich in der Zelle
15 % befindet sich im Raum ausserhalb der Zelle
- ▶ Jedes Fleisch verliert Saft
- ▶ Verarbeitung und Genusswert werden bei hohem Saftverlust negativ beeinflusst.

NIR-Messung: IMF + Fettqualität



Entwicklung des Gehaltes an intramuskulärem Fett (IMF)



Der optimale Gehalt an IMF liegt bei ca. 2 – 2.5 %

Zuchtwertschätzung Produktion

Auswertungsmodelle

	Prüfstation MLP										Feldpr		EPP/MLP			
	MTZ	FV	FIF	IMF	pH1K	pH24S	PigM	DL	MUFA	PUFA	LTZ	RSD	MD	TZS	MFA	MFAEL
Betrieb x Stall x Zeitperiode	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	f	f	f	f	f	f
Stall x Umtrieb	f	f	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Schlachthof x Schlachttag	-	-	f	f	f	f	f	f	f	f	-	-	-	-	f	f
Kreuzung ja/nein	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f
Herkunftsbetrieb x Jahr (zufällig)	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	-	-	-	-	-	-
Wurfumwelt (zufällig)	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z
genet. Gruppe unbekannter Eltern	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f
Tier (zufällig)	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z

Zuchtwertschätzung Produktion Parameter (h2 diag, rg unter, rp oberhalb Diagonale)

	MTZ	FV	FIF	IMF	pH1K	pH24S	PigM	DL	MUFA	PUFA	LTZ	RSD	MD	TZS	MFA	MFAEL
MTZ	0.30	-0.46	-0.10	0.05	0.12	0.07	-0.05	-0.01	-0.12	-0.14	0.55	0.20	-0.06		-0.05	
FV	-0.33	0.42	-0.27	0.33	-0.06	0.02	0.13	-0.11	0.14	-0.44	-0.19	0.26	-0.12		-0.44	
FIF	-0.09	-0.36	0.67	-0.26	-0.08	-0.09	-0.09	0.14	-0.03	0.31	-0.14	-0.18	0.38		0.42	
IMF	0.03	0.40	-0.27	0.54	0.03	0.06	-0.01	-0.07	0.01	-0.30	0.00	0.26	-0.09		-0.30	
pH1K	0.18	-0.03	-0.12	0.09	0.23	0.09	-0.06	-0.68	-0.04	-0.01	0.11	0.07	0.00		-0.01	
pH24S	0.10	0.20	-0.25	0.14	0.39	0.15	0.10	-0.12	-0.01	-0.05	0.07	0.08	-0.04		-0.05	
PigM	-0.14	0.27	-0.18	-0.09	-0.07	-0.02	0.34	-0.02	0.06	-0.08	-0.02	0.01	-0.02		-0.08	
DL	-0.11	-0.18	0.20	-0.16	-0.77	-0.68	-0.03	0.29	-0.02	0.09	0.00	-0.06	0.02		0.08	
MUFA	-0.03	0.23	-0.15	0.19	0.05	0.08	0.11	-0.18	0.47	-0.22	0.05	0.11	-0.07		-0.09	
PUFA	-0.10	-0.62	0.36	-0.40	-0.01	-0.16	-0.13	0.13	-0.23	0.52	-0.08	-0.49	0.17		0.48	
LTZ	0.62	0.00	-0.24	0.09	0.15	0.19	0.02	0.02	0.05	-0.21	0.28	0.18	-0.09		-0.07	
RSD	0.05	0.48	-0.24	0.23	0.11	0.18	0.06	-0.10	0.19	-0.58	0.23	0.52	-0.23		-0.50	
MD	-0.14	-0.25	0.82	-0.15	-0.06	-0.17	-0.04	0.05	-0.10	0.15	-0.30	-0.28	0.22		0.25	
TZS	0.60	-0.14	-0.14	-0.01	0.15	0.02	-0.04	0.02	-0.04	-0.15	0.47	0.01	-0.04	0.36	-0.08	
MFA	-0.04	-0.60	0.58	-0.33	-0.11	-0.19	-0.15	0.26	-0.31	0.65	-0.17	-0.70	0.46	-0.10	0.40	
MFAEL	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.12	

Zuchtwertschätzung Produktion Methode und Datenumfang

- ▶ Genomisch optimierte Zuchtwertschätzung
 - ssGBLUP Mehrmerkmals-Tiermodell
- ▶ Rassen: ES, SL, ESV, D, P, F1, ESVxF1, DxF1, PxF1
- ▶ Leistungen ab Prüfende 1.1.2006
 - Prüfstation 48'000 Tiere
 - Feldprüfung Z'betriebe 561'000 Tiere
 - Endprodukteprüfung 86'000 Tiere
- ▶ Pedigree bis zurück zu Geburtsdatum 1.1.2000
 - 713'000 Tiere im Pedigreefile
- ▶ Typisierte Tiere (60K SNP)
 - Total 9'000, davon ca. 3'100 Referenztiere (B% trad.>60% im Schnitt über Merkmale)
- ▶ Lösung Mischmodellgleichungen (MME)
 - Dimension Gleichungssystem 14'100'00
 - Software MiX99 (LUKE, Finnland)
- ▶ Ablauf analog goZWS Reproduktion
- ▶ Gesamte Rechenzeit 3h20' (ohne genomische Verwandtschaft)

Zuchtwertschätzung Exterieur

Merkmale und Erfassungsort

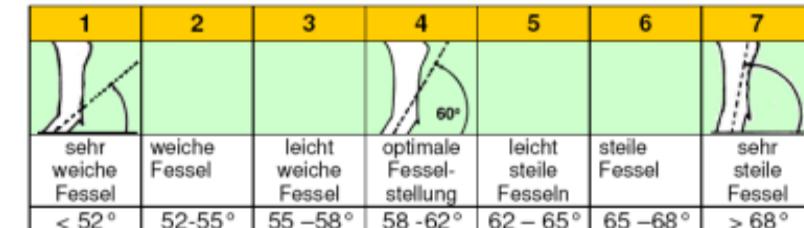
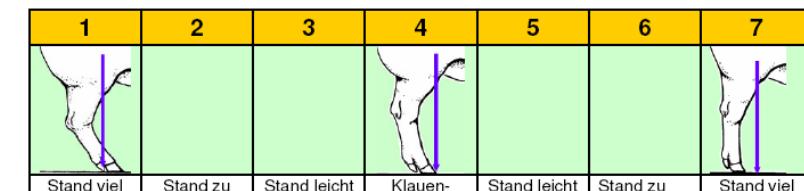
Merkmal	Abk.	Prüfung	Beschreibung/Messung
Anzahl Zitzen links	Zi L	MLP/Betrieb	Lizenzierte Techniker
Anzahl Zitzen rechts	Zi R	MLP/Betrieb	Lizenzierte Techniker
Anzahl Stülpzitzen	Stlp	MLP/Betrieb	Lizenzierte Techniker
Anzahl Zwischenzitzen	ZwZi	MLP/Betrieb	Lizenzierte Techniker
X-O Stellung hinten	X-O h	MLP/Betrieb	Lizenzierte Techniker
säbelbeinig – stuhlbeinig hi	sä-st h	MLP/Betrieb	Lizenzierte Techniker
Fesseln weich-steil hinten	Fs.st h	MLP/Betrieb	Lizenzierte Techniker
Grösse Innenklauen hinten gebeugt – vorbiegig vorne	Ik.gr h gb-vo v	MLP/Betrieb	Lizenzierte Techniker
Anzahl Schleimbeutel	Slmb	MLP	Lizenzierte Techniker
Lendendruck	Ldrk	MLP	Lizenzierte Techniker
Gang	Gang	MLP	Lizenzierte Techniker
Schlachtkörperlänge	SKL	MLP	Messung Schlachthof

Exterieurbeurteilung durch lineare Beschreibung

- ▶ lineare Skala von 1-7 beschreibt Ausprägung (Note: 4 = optimal)
- ▶ zeitgleich mit Ultraschall-Messung (ca. 100kg LG)
- ▶ durch lizenzierte Techniker (Aus- und Weiterbildung)

	Merkmal	Feld	Station
Typ	Lendendruck kein - stark Schlachtkörperlänge	- -	✓ gem.
Fundament	X-O beinig hinten	✓	✓
	Säbel – stuhlbeinig hinten	✓	✓
	Fesseln weich - steil hinten	✓	✓
	Innenklauen klein - gross hinten	✓	✓
	Gebeugt – vorbiegig vorne	✓	✓
	Anzahl Schleimbeutel vorne & hinten	-	✓
	Gang locker – sperrig	-	✓
Zitzen	Anzahl Zitzen links/rechts Anzahl Stülpzitzen Anzahl Zwischenzitzen	✓ ✓ ✓	✓ ✓ ✓

Beispiel:



- ▶ 43'000 Tiere (reinrassige Sauen und Eber, F1-Sauen)/Jahr

⇒ **Qualitätskontrolle und Daten für Zuchtwertschätzung**

Zuchtwertschätzung Exterieur

Auswertungsmodelle

	Zi L	Zi R	Stlp	Zw	Zi	X-O	sä-st	Fs.st	Ik.gr	gb-vb	Slmb	Ldrk	Gang	SKL
Betrieb x Stall x Zeitperiode	-	-	f	-	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f
Techniker	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	-
Kreuzung ja/nein	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f
Herkunftsbetrieb x Jahr (zufällig)	-	-	-	-	z	z	z	z	z	z	z	z	z	-
Wurfumwelt (zufällig)	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z
genet. Grp unb. Eltern	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f
Tier (zufällig)	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z	z

Zuchtwertschätzung Exterieur

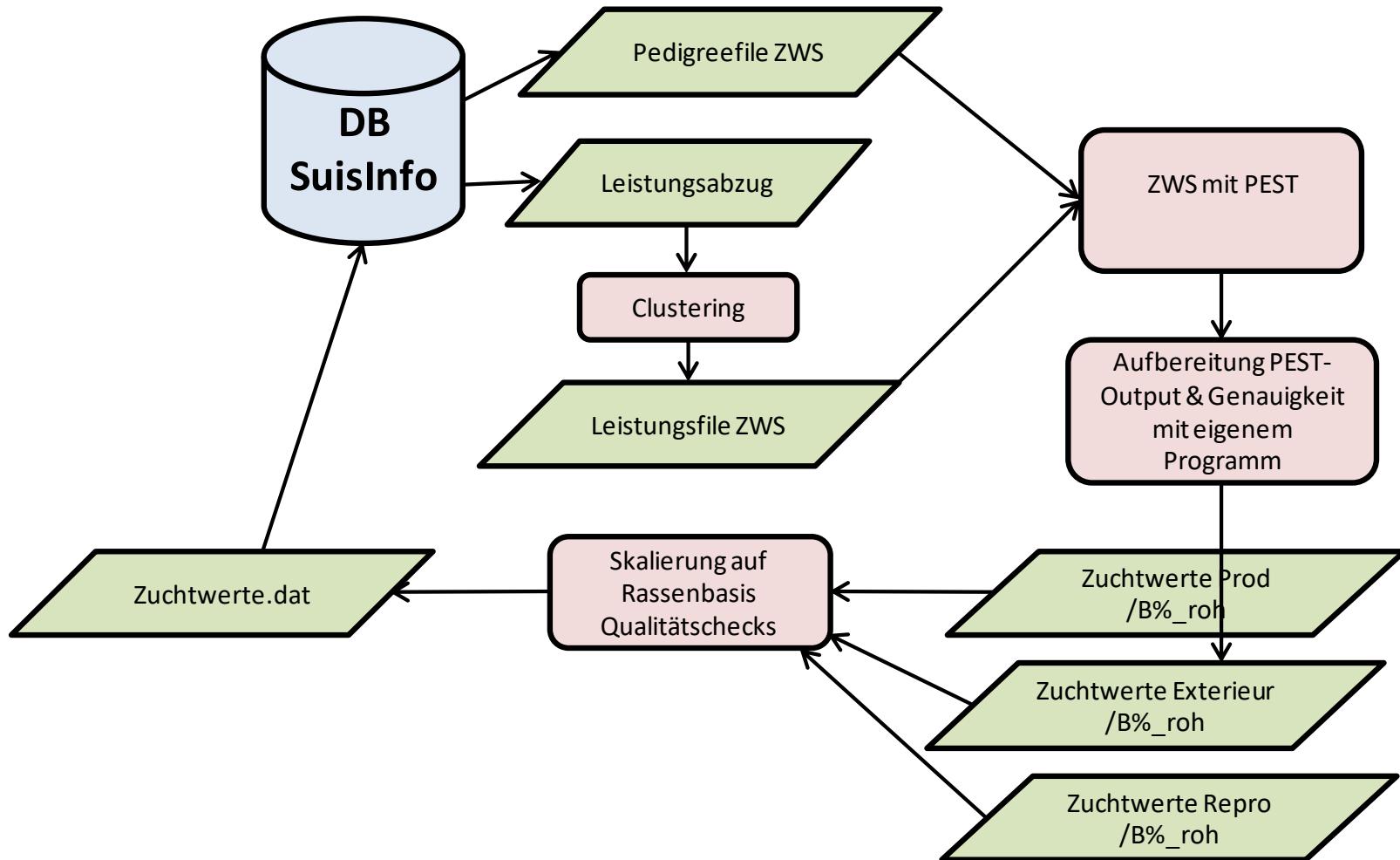
Parameter (h2 diag, rg unter, rp oberhalb Diagonale)

	Zi L	Zi R	Stlp	ZwZi	X-Oh	sä-st h	Fs.st h	lk.gr h	gb-vb v	Slmb	Ldrk	Gang	SKL
Zi L	0.26	0.37	0.01	-0.17	0.00	0.01	0.00	-0.02	0.01	0.02	0.02	0.02	0.10
Zi R	0.98	0.26	0.01	-0.17	0.00	0.01	0.00	-0.02	0.01	0.02	0.02	0.02	0.10
Stlp	-0.06	-0.06	0.30	-0.01	-0.01	0.00	0.01	0.00	0.00	0.03	0.01	0.04	-0.02
ZwZi	0.29	0.29	0.26	0.02	-0.02	-0.02	0.00	-0.02	0.01	0.02	-0.02	0.01	0.02
X-Oh	-0.02	-0.02	0.04	0.05	0.18	0.00	-0.10	-0.02	-0.08	0.00	0.02	-0.07	-0.12
sä-st h	0.15	0.15	-0.07	-0.13	-0.07	0.11	0.03	0.05	0.00	-0.02	-0.06	-0.15	0.00
Fs.st h	-0.01	-0.01	0.04	0.02	-0.25	0.24	0.23	0.06	0.06	0.02	0.08	0.12	0.03
lk.gr h	-0.09	-0.09	0.04	-0.08	-0.21	0.07	0.07	0.20	-0.07	-0.06	-0.04	-0.01	-0.04
gb-vb v	-0.02	-0.02	-0.03	0.06	-0.16	0.18	0.24	-0.22	0.12	0.10	0.02	0.13	0.14
Slmb	0.09	0.09	0.09	-0.05	-0.08	-0.05	0.04	-0.15	0.32	0.24	0.05	0.08	0.06
Ldrk	-0.04	-0.04	0.15	0.03	0.06	-0.29	0.12	-0.15	0.07	0.20	0.22	0.12	0.02
Gang	-0.06	-0.06	0.34	-0.09	-0.08	-0.24	0.17	0.09	0.19	0.17	0.32	0.14	0.04
SKL	0.19	0.19	-0.10	0.24	-0.12	-0.03	0.01	-0.09	0.24	0.05	0.06	0.10	0.61

Zuchtwertschätzung Exterieur Methode und Datenumfang

- ▶ BLUP Mehrmerkmals-Tiermodell
- ▶ Rassen: ES, SL, ESV, D, F1 (=ESxSL, SLxES)
- ▶ Leistungen
 - Prüfstation ab 1.1.00 50'000 Tiere
 - Feldprüfung Z'betriebe ab 1.1.00 700'000 Tiere
- ▶ Pedigree bis zurück zu Geb.datum 1.1.90
 - 770'174 Tiere im Pedigreefile
- ▶ Lösung Mischmodellgleichungen (MME)
 - Dimension Gleichungssystem 12'723'000
 - Software PEST (Groeneweld, 1990)
- ▶ Abgelöst durch goZWS Mitte/Ende 2019

Zuchtwertschätzung Exterieur: Ablauf



► Vollautomatisiert (Batchjob), Intervention auf Fehlermeldg

Weitere Nutzung der SNP-Marker

- ▶ Zuchtbetriebe können weitere Tiere auf eigene Rechnung (CHF 75 / Tier) typisieren lassen zur Steigerung der Genauigkeit der ZW
 - Natursprungeber im reinrassigen Einsatz
 - Jungsauen oder –eber Ende Aufzucht
- ▶ Bei Edelschwein (ES) und Edelschwein Vaterlinie (PREMO®) erfolgt die Abstammungskontrolle neu via SNP-Chip-Marker
 - Synergien mit goZWS

Aktuelle Projekte

- ▶ Neue Selektionsmerkmale: Zartheit, Kochverlust
 - Varianzkomponentenschätzung (REML, bisher VCE)
 - Einbau in Routinezuchtwertschätzung (ssGBLUP, MiX99)
 - Tests mit verschiedenen Gewichtungen im PZW/GZW
 - Bericht intern bzw. zH Fachkommission Zucht

F&E: Kochverlust & Zarteit

Tropfsaftverlust (DL)

48h post-mortem erfasst
→ Δ zum Frischgewicht

↓
gekocht

Kochverlust

→ Δ zum Frischgewicht

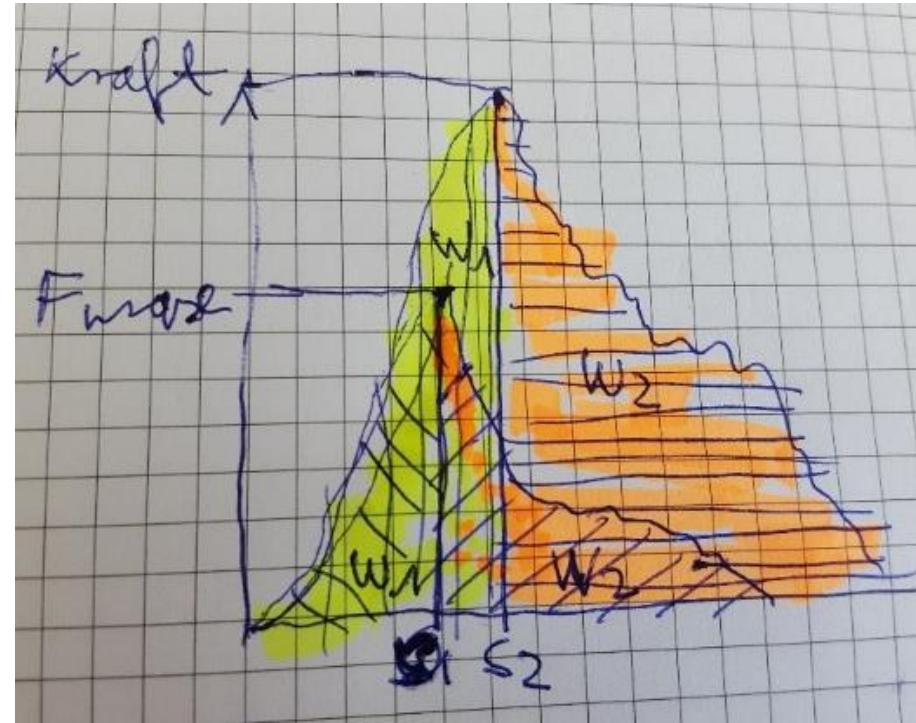
tiefgefroren

Gefrierverlust

→ Δ zum Frischgewicht

Scherkraft

$$\sum 100\%$$



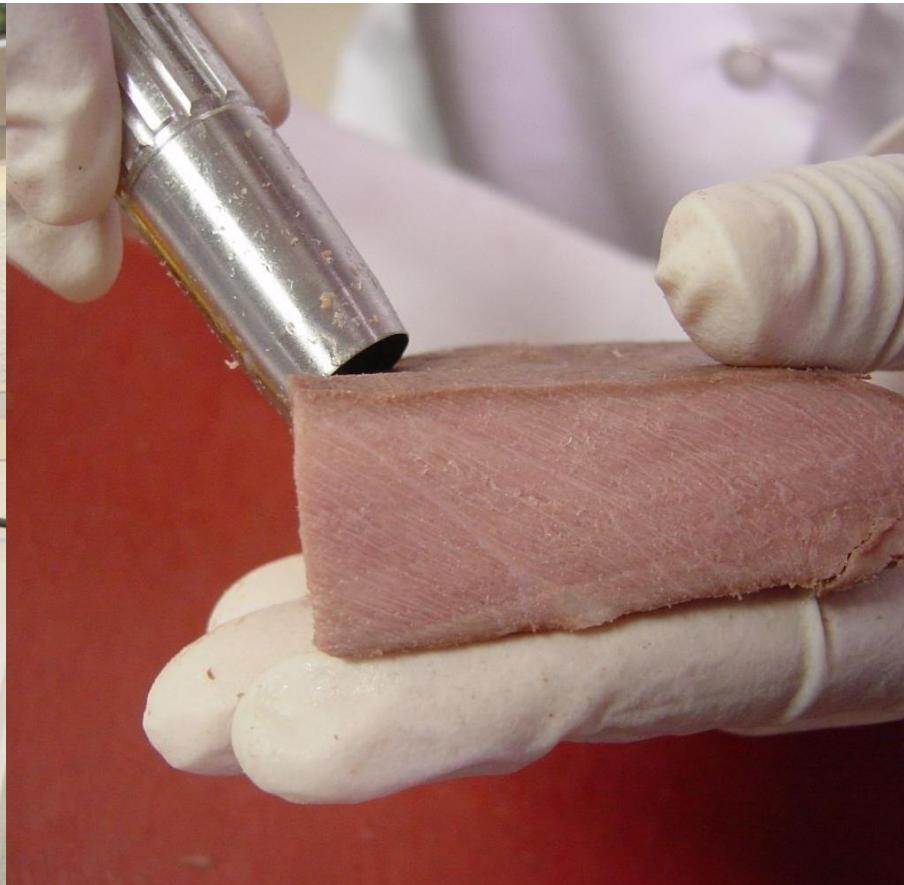
Chronologischer Ablauf der Erfassung der Merkmale für das Safthaltevermögen (links)
Zusammenhang der Scherkraftmerkmale für 2 verschiedene Szenarien (rechts).

In Szenario 1 ist die maximale Kraft (F_{max}) auf einem kürzeren Weg (s_1) erreicht als in Szenario 2.

Die Arbeit, die vor bzw. nach der Wegstrecke s_1 (s_2) ist W_1 bzw. W_2 .

F&E: Kochverlust & Zartheit

(Erhebung an MLP-Tieren seit 2016)



Definierte Zubereitung der Steaks

Analyse Textur und Zartheit

(Warner-Bratzler Schervorrichtung)



- An Kochproben aus Messung Kochverlust
- Erhebung bei MLP-Tieren seit 2016 (VL & EPP)

F&E: Kochverlust & Zartheit



	L	a	PigM	SKr	DL	KV	pH1K	pH1S	pH24K	pH24S
L	0.18	-0.04	-0.81	-0.33	0.24	-0.05	-0.06	-0.08	-0.52	-0.11
a	-0.46	0.52	0.56	-0.10	0.08	-0.02	-0.07	-0.06	-0.13	-0.02
PigM	-0.82	0.87	0.38	0.22	-0.12	0.01	-0.03	0.01	0.36	0.07
SKr	-0.28	-0.14	0.22	0.35	-0.06	0.12	-0.04	0.00	0.38	0.04
DL	0.36	0.07	-0.12	-0.24	0.28	0.07	-0.65	-0.41	-0.01	-0.14
KV	-0.18	0.02	-0.11	0.05	0.14	0.51	0.01	0.04	-0.06	0.00
pH1K	-0.08	-0.11	-0.06	-0.01	-0.75	0.02	0.23	0.51	-0.03	0.12
pH1S	-0.08	-0.10	-0.05	-0.07	-0.55	0.00	0.84	0.20	0.00	0.24
pH24K	-0.23	-0.13	0.07	0.38	-0.21	-0.31	-0.07	-0.04	0.14	0.15
pH24S	-0.13	-0.09	0.01	0.04	-0.66	0.04	0.33	0.42	0.56	0.19

- ▶ Mittlere Erblichkeiten für SKr und KV
 - Züchterische Bearbeitung möglich



	L	a	PigM	SKr	DL	KV	pH1K	pH1S	pH24K	pH24S
L	0.18	-0.04	-0.81	-0.33	0.24	-0.05	-0.06	-0.08	-0.52	-0.11
a	-0.46	0.52	0.56	-0.10	0.08	-0.02	-0.07	-0.06	-0.13	-0.02
PigM	-0.82	0.87	0.38	0.22	-0.12	0.01	-0.03	0.01	0.36	0.07
SKr	-0.28	-0.14	0.22	0.35	-0.06	0.12	-0.04	0.00	0.38	0.04
DL	0.36	0.07	-0.12	-0.24	0.28	0.07	-0.65	-0.41	-0.01	-0.14
KV	-0.18	0.02	-0.11	0.05	0.14	0.51	0.01	0.04	-0.06	0.00
pH1K	-0.08	-0.11	-0.06	-0.01	-0.75	0.02	0.23	0.51	-0.03	0.12
pH1S	-0.08	-0.10	-0.05	-0.07	-0.55	0.00	0.84	0.20	0.00	0.24
pH24K	-0.23	-0.13	0.07	0.38	-0.21	-0.31	-0.07	-0.04	0.14	0.15
pH24S	-0.13	-0.09	0.01	0.04	-0.66	0.04	0.33	0.42	0.56	0.19

- ▶ Mittlere Erblichkeiten für SKr und KV
 - Züchterische Bearbeitung möglich
- ▶ KV korreliert kaum mit DL (bekannt aus vorangegangenen Analysen)

Aktuelle Projekte



- ▶ Berücksichtigung von Erbfehlern (missing haplotypes) bei Selektion und Anpaarung
 - SNP-Datensatz für Drögemüller (UniBE) und Seefried (Qualitas)
 - Verdächtige Regionen, aber Power wohl zu gering.
 - Grösseres Projekt von Hubert Pausch (ETHZ) geplant.
- ▶ GWA Analysen mit SNP-Daten
 - SNP-Daten und deregessierte Zuchtwerte an (HAFL)
 - Wenige bis keine Peaks, Grund unklar.
- ▶ Varianzkomp.schätzung mit Samenqualitätsdaten
 - Daten an Alexander Burren (HAFL)
 - Selektion auf Volumen, Konzentration, Motilität wäre möglich
 - Poster an EAAP in Dubrovnik 2018

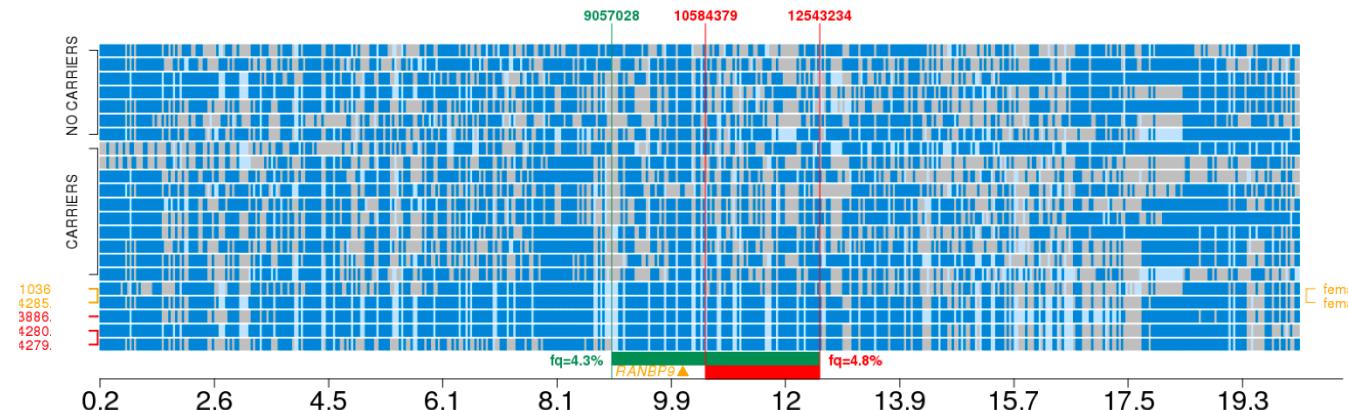
Projekte in Bearbeitung



- Berücksichtigung von Erbfehlern bei Selektion und Anpaarung
 - Z.b.: Stump tail Spermiendefekt
 - Zwei Vollbrüder, Nachweis eines stump tail Spermiendefektes geschlachtet am 12.09.2018
 - Annahme autosomal rezessiver Erbgang:
 - Suche nach kurzen Haplotypen, die in beiden Vollbrüdern homozygot sind, aber in keinem Eber mit dokumentierter Fruchtbarkeit (i.e., alle Tiere, die als Väter in der Pedigreedatei auftauchen) homozygot (Hubert Pausch, ETHZ)

Projekte in Bearbeitung

Detaillierte Darstellung der Genotypen an den Loci auf SSC7



Ausschnitt der 92 Haplotypen Allele

	StumpTailHaplotype-Allele								
	A	B	B	A	A	B	A	B	B
4103pat	0	0	0	1	1	0	1	1	1
4103mat	0	0	0	1	1	0	0	1	1
4279pat	1	1	1	1	1	1	1	1	1
4279mat	1	1	1	1	1	1	1	1	1
4280pat	1	1	1	1	1	1	1	1	1
4280mat	1	1	1	1	1	1	1	1	1

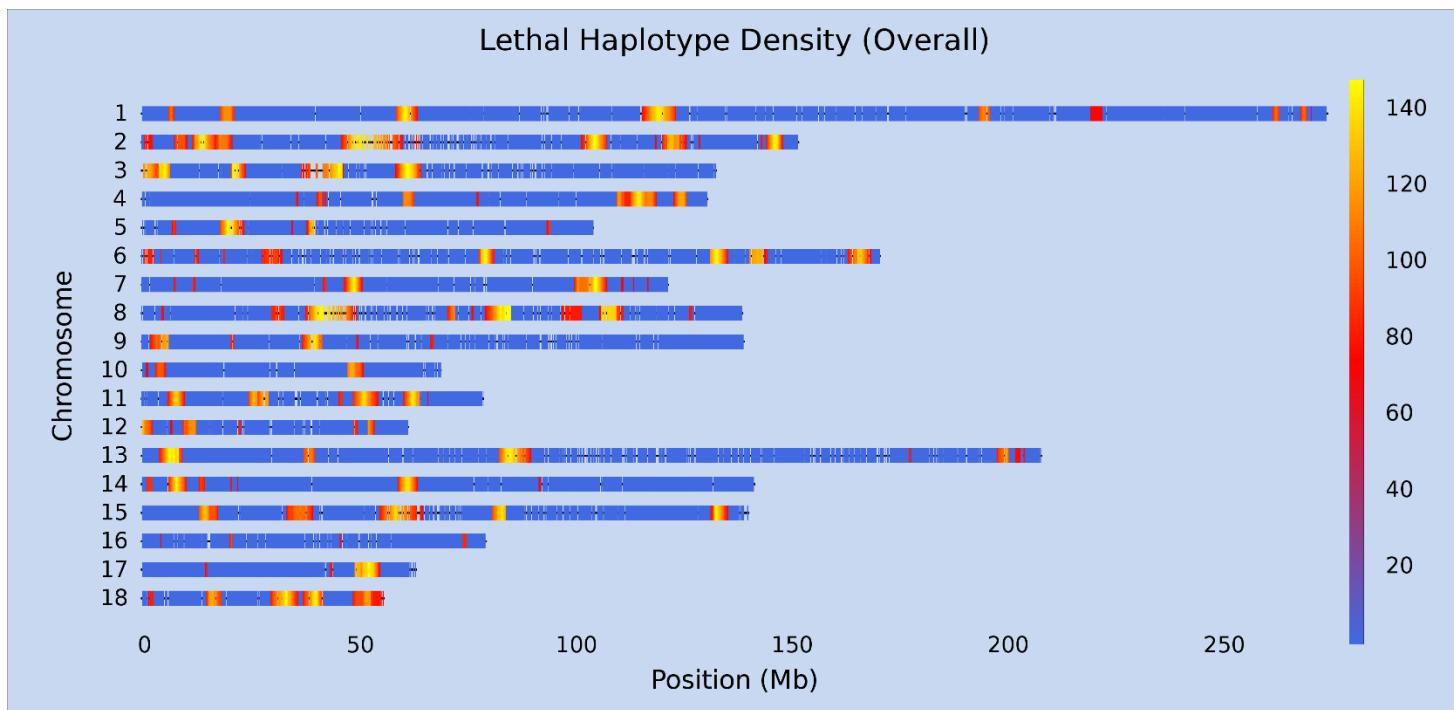
gelb: Loci, an denen die Tiere 4103, 4279 und 4280 homozygot sind

1: Tiere tragen das Stumptail Haplotype-Allel, 0: Tiere tragen das alternative Allel

Projekte in Bearbeitung

■ Berücksichtigung von Erbfehlern (missing haplotypes) bei Selektion und Anpaarung

- SNP-Datensatz für Drögemüller (UniBE) und Seefried (Qualitas)
- Verdächtige Regionen, aber Power wohl zu gering.



ZWS für ausländische Zuchtorganisationen

- ▶ Grosse Zuchtprogramme in Russland zeigen Interesse
- ▶ ZWS-Kurse
- ▶ Audits vor Ort für Abklärung und Erarbeitung Konzept
- ▶ Entwicklung von Lösungen für
 - Leistungsprüfungen
 - Zuchtwertschätzung
 - Index (Zuchtziel)
 - Selektionsempfehlungen
 - Paarungsplanung
- ▶ Zuschlag für ein Projekt über 2 Jahre.

Künftige Projekte



► Gesundheitsdaten in der Zucht nutzen

- Elektronische Erfassung Behandlungen Abgänge
 - In Prüfstation (MLP)
 - In Testbetrieben der Endprodukteprüfung
- Auswertung: Datenfluss, Datenqualität, Varianz.komp.

► Vatereinfluss auf Ferkelvitalität

- Heute Deckebereffekt in ZWS Reproduktion ($\text{Var}(s) = I\sigma_s^2$)
- Wie ZW für Deckeber ableiten ($\text{Var}(s) = A\sigma_s^2$)?

► Erhaltungsprojekt PREMO bei BLW eingegaben

- Zusätzliche finanzielle Förderung von reinrassigen Würfen und aufgezogenen und geprüften Ebern

Danke für die Aufmerksamkeit

Fragen?











Ausblick



- ▶ goZWS macht keinen Sinn bei Landrasse, Duroc, Piétrain
 - Populationen zu klein (zu wenig Referenztiere)
 - Regelmässiger Genetikimport

Probenverwaltung



Verwaltung in SuisInfo

Proben		Proben-Detail		Gentypisierungen		Mutationen						
Tier-ID	Sex	Geburt	Stc.	Abgang	Tier-Name	Standort	Stall	Name Standortbetrieb	Vater-ID	Betriebs-ID	Mutter-ID	
1	9625	EB3	M	09.09.2015		0000	34	Suisag MLP	1	6517	EB3	4289

Probe											
Rest-											
Probenart	Eingang	Probe	Lagerort	Probeneintrag	Probenehmer	Bemerkung			Status Probe		
Haare	18.11.2015			17.11.2015	PBU				Versendet		

Versand											
Rest-											
Empfänger	Ausgang	Probe	Auftraggeber	Bemerkung			Status Versand				
Van Haeringen, PW Wageningen, NL	18.11.2015		SUISAG Zuchtprogramm				Versendet				

Gentypisierung											
angeforderte Typisierung				angefordert am	durch	Labor-Nr.	Bemerkung			Status Typisierung	
SD Chip Typisierung				18.11.2015	MEH					Pendent	

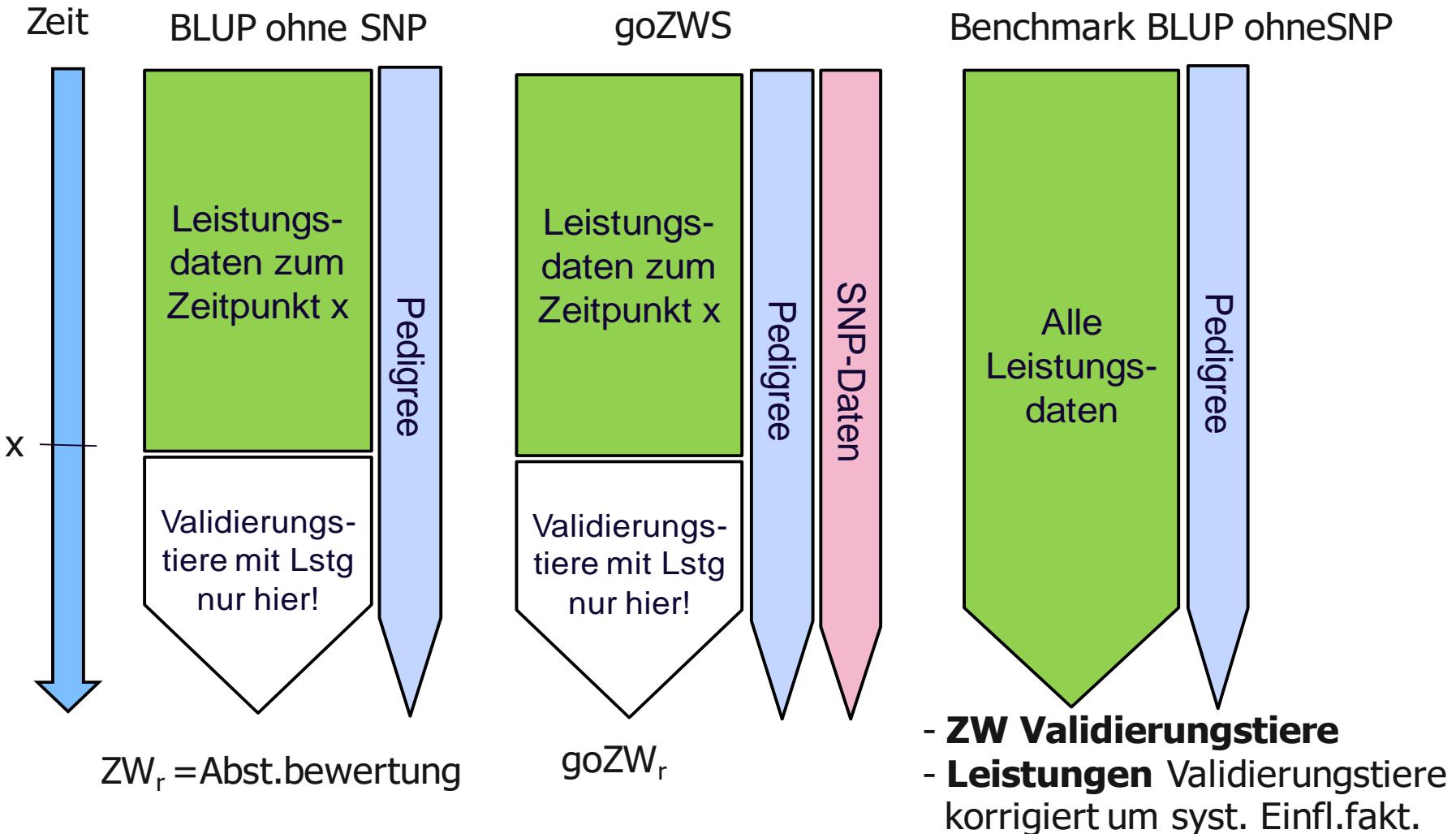
Lager in Sempach

Haarlager →

39'000 Proben in DB (inkl. MLP)
33'700 Proben verfügbar



Validierung durch Vergleich der Vorhersagekraft

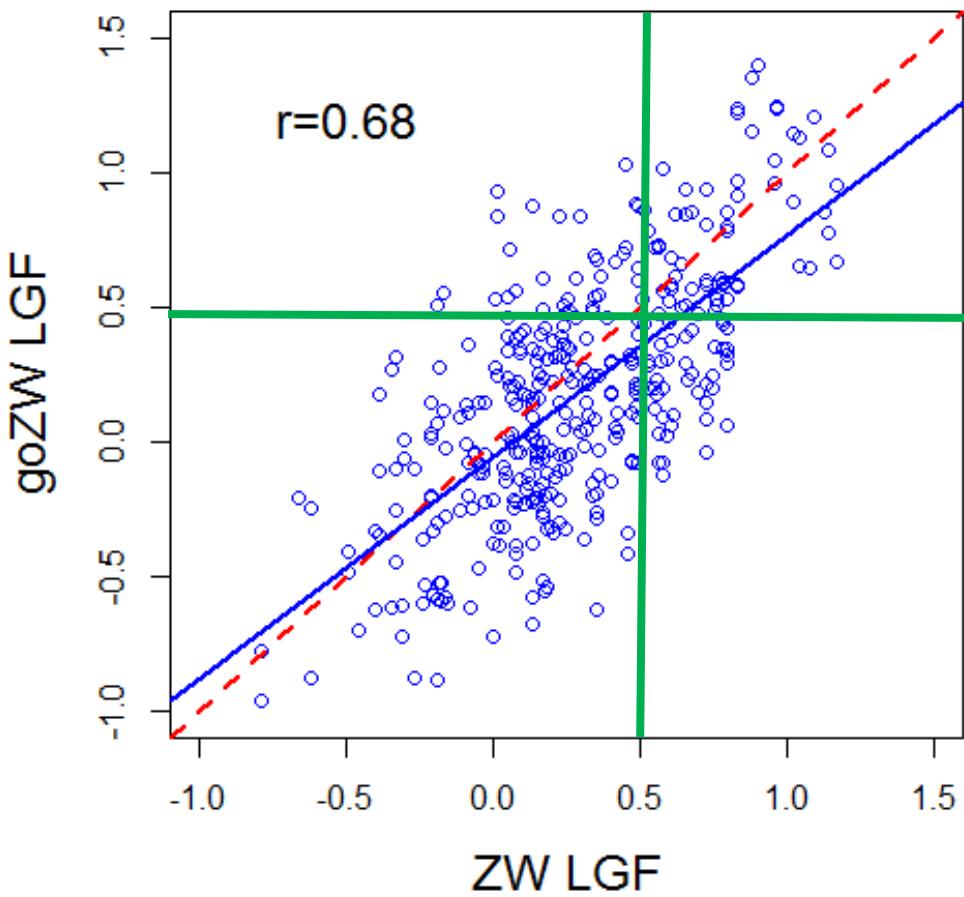


Ergebnisse letzte Validierung

Eber (N=40)	LGF	AUF	FAR	IAB
r(ZWr, ZWv)	0.32	0.35	0.27	0.48
r(goZWr,ZWv)	0.56	0.52	0.26	0.45
Genauig.gewinn (%)	+73	+50	-5	-7
b(ZWv auf ZWr)	0.74	0.54	0.55	1.11
b(ZWv auf goZWr)	1.14	0.73	0.47	1.04
Sauen (N=130)	LGF	AUF	FAR	IAB
r(ZWr, L)	0.43	0.20	0.15	0.15
r(goZWr, L)	0.45	0.28	0.19	0.25
Genauig.gewinn (%)	+6	+40	+29	+65
b(L auf ZWr)	1.06	0.65	0.54	1.03
b(L auf goZWr)	1.12	0.90	0.66	1.61

► Deutlicher Genauigkeitsgewinn, weitere Optimierung FAR

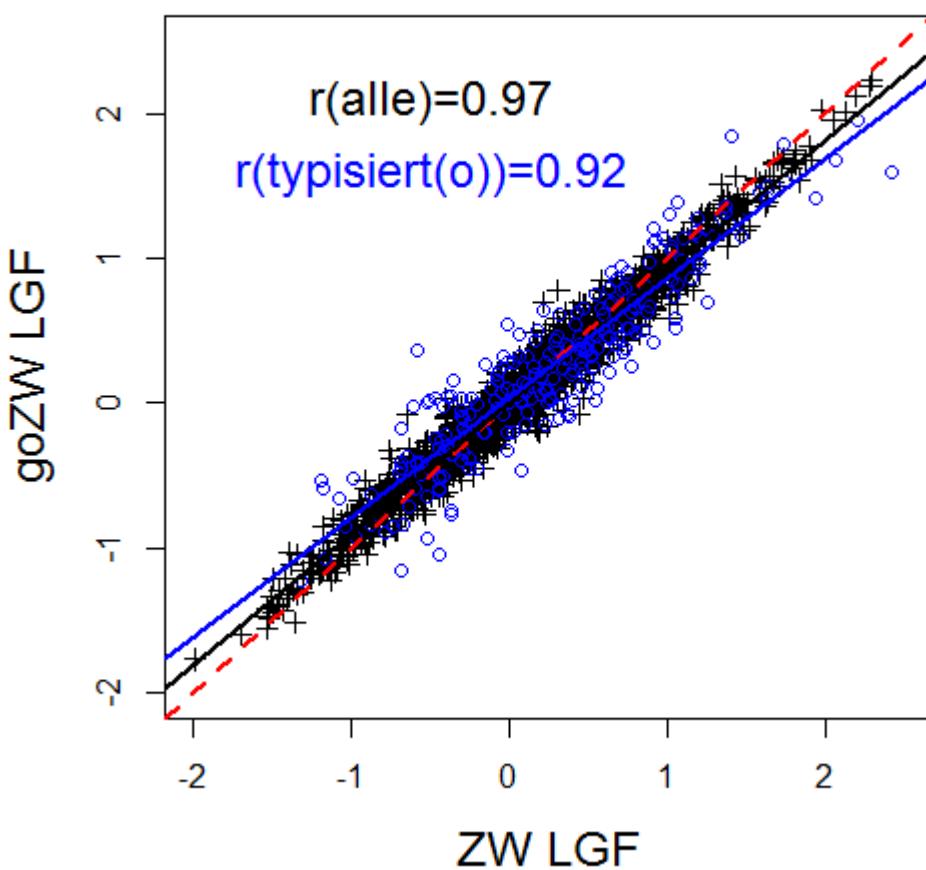
Vergleich goZW zu traditionellem ZW LGF von typisierten Jungebern



- Korrelation = 0.68
- Bisherige hohe ZW mit goZWS etwas tiefer
- Markante Änderung der Rangierung

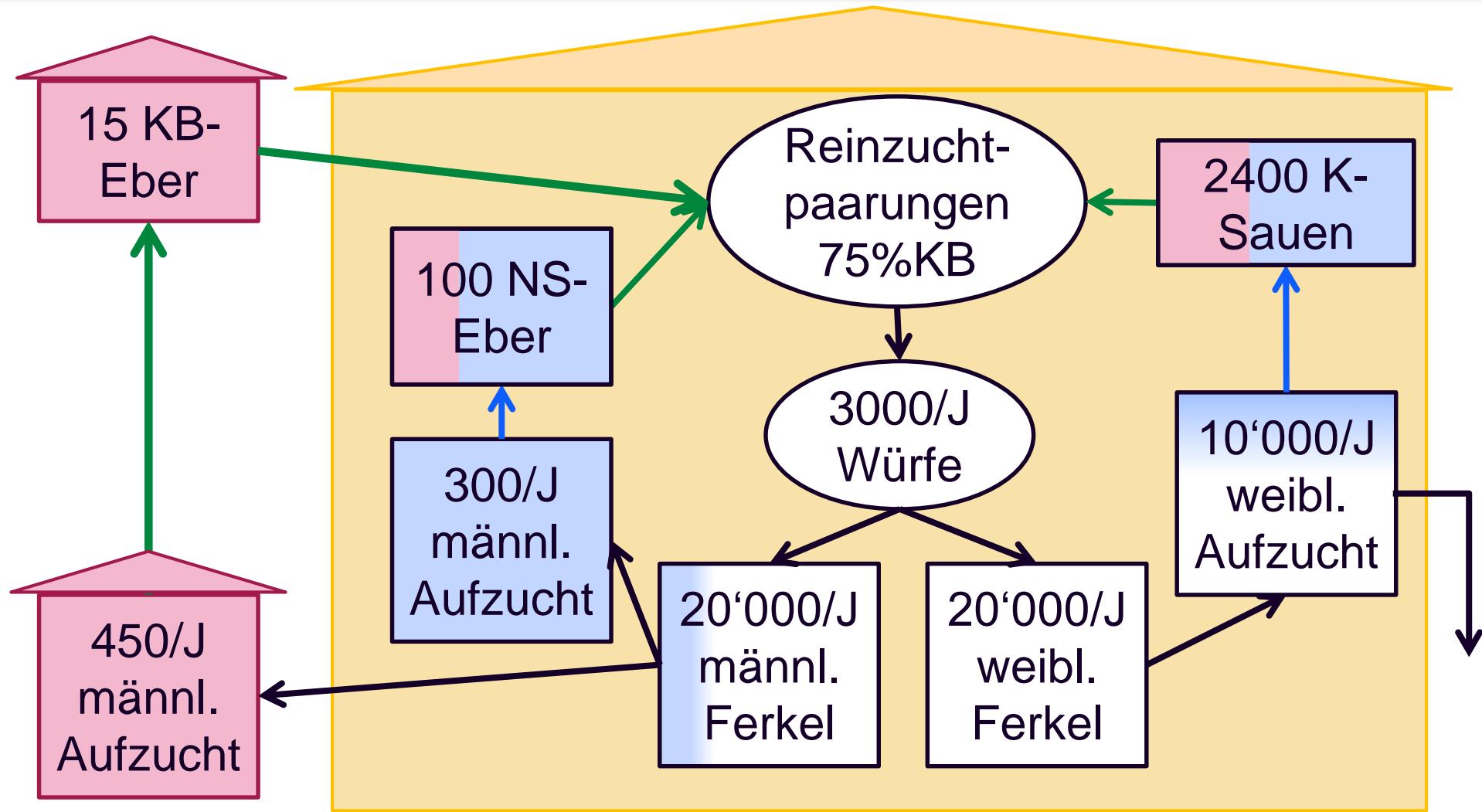
Vergleich goZW zu traditionellem ZW LGF aktiver Kernzucht-Sauen

223 typisiert von 2206 aktiven ES-Kernzucht-Sauen



- + nicht typisiert
- o typisiert
- Hohe Übereinstimmung
- Grössere Differenzen bei typisierten Sauen

Ausblick: Stärkere Nutzung beim ES





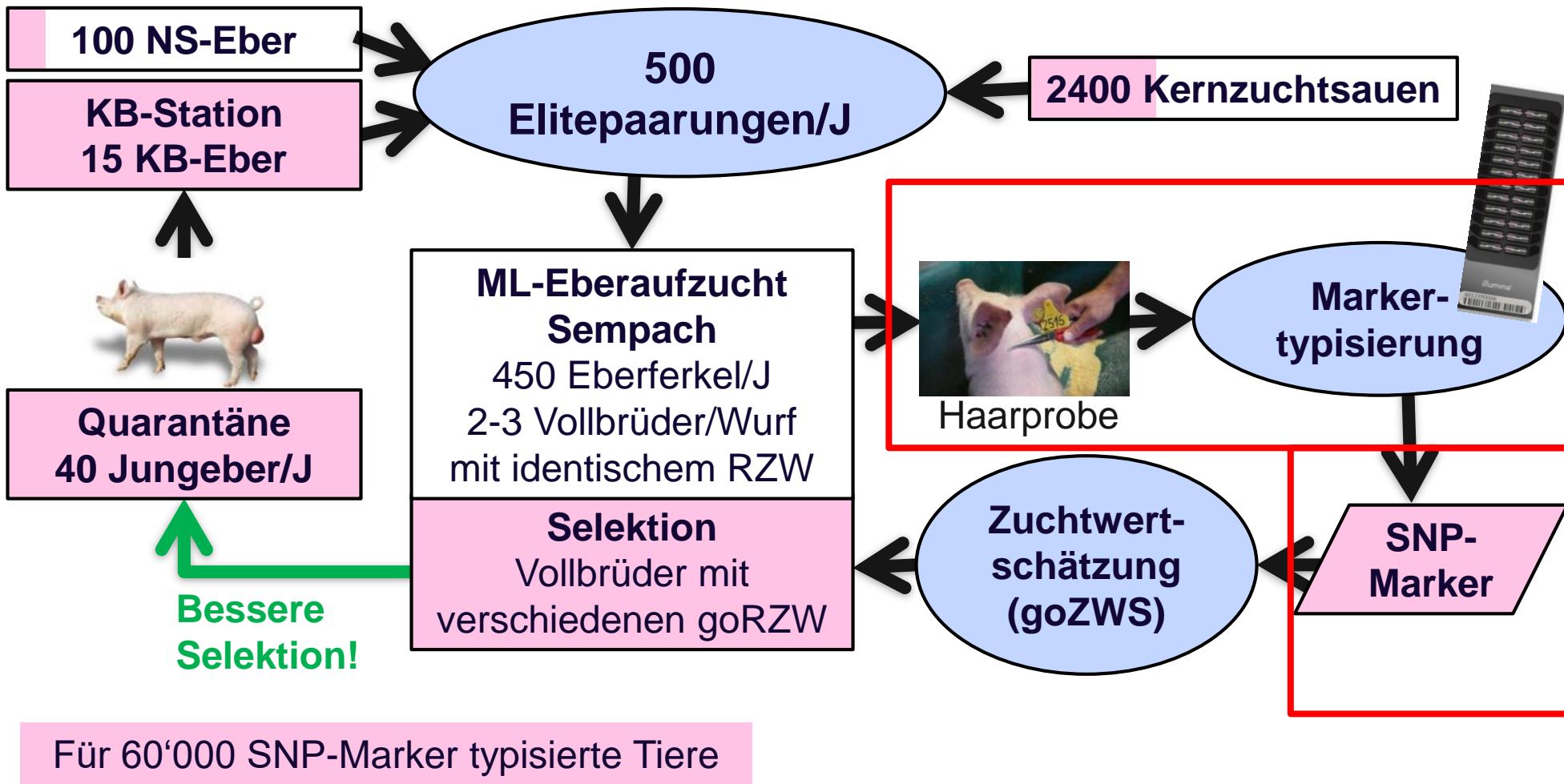
DIE BESTE WAHL



Vorstellung des DNA-Systems

Patrick Stratz
SUISAG

Zuchtpogramm für Large White Mutterlinie



Für 60'000 SNP-Marker typisierte Tiere

Übersicht



- ▶ Von welchen Tieren werden DNA-Proben genommen?
- ▶ Wie werden Proben erfasst und gelagert?
- ▶ Welche Genotypisierungen erfolgen?

Von welchen Tieren werden DNA-Proben genommen?

► Premo:

- Ca. 2500 Proben aller Zuchtkandidaten als Ferkel
- bei VHL in Holland 60K SNP Chip-Typisierung von:
 - Ca. 1300 männliche Tiere pro Jahr mit anschliessender goZWS (nach Plausibilisierung des Geschlechts und der Abstammung)
- Von ca. 1200 weiblichen Tieren pro Jahr werden Proben eingelagert
 - sobald diese belegt wurden, müssen diese SD Chip typisiert werden

Von welchen Tieren werden DNA-Proben genommen?

► ES:

- 470 Eberferkel pro Jahr bei Einstellung beprobt

- Alle ES-Sauen, die in Kernzuchtbetrieben das erste Mal abferkeln (ca. 1000 Sauen pro Jahr)
 - Wenn CD Repro > 50% (nach ca. 2 Würfen) sind diese züchterisch interessant und werden als Referenztiere betrachtete → SD-Versand der Referenzproben

Von welchen Tieren werden DNA-Proben genommen?

- ▶ 400 typisierte Tiere pro Jahr für **Eliteparrungen**
- **LR**: Eberferkelbeprobung → CF18-Typisierung, Selektionskriterium für Einstallung
- **D** und **P**: nach Feldprüfung → Entscheid Ankauf KB

Wie werden Proben erfasst und gelagert?



► Datenbank

[← Probe](#)

[Detail](#) [Änderungen](#)

Tier									
Rasse	Nummer	Zeichen	Name	Sex	Geburtsdatum	Abgang	Vater	Mutter	Status Tier
1 - Edelsc	9625	EB3		männlich	09.09.2015	16.02.2016	1-6517-EB3	1-6571-EB3	korrekt

Probe			Status Probe	
Probenart	Eingang	Lagerort		
Haare	18.02.2019	Haarlager	Unplausibilisiert	
Standort Probeentnahme	Entnommen	durch	Bemerkung	
0000 34 Suisag MLP, 62		ZÜCHTER		

Versände mit Typisierung

► Lagerung in Sempach



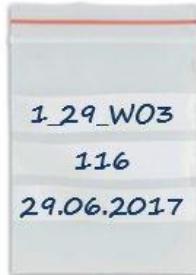
Wie werden Proben erfasst und gelagert?



- ▶ **Gewebeproben** werden von MLP-Tieren eingefroren
- ▶ **Typifix-Proben** von Saugferkeln (1,5€)
- ▶ **Haar-Wurzel-Proben** von Eltern

Proben

Anleitung zum Haarprobenziehen



Probenbeutel beschriften

1_29_W03

← TierID: Rasse_Nummer_Zeichen des Tiers

116

← Betrieb: Standortbetrieb des Tiers (Name oder Betriebsnr.)

29.06.2017

← Datum: Tag der Probenziehung



Die Haare an einer sauberen und trockenen Stelle ziehen
stark verschmutzte Haare ⇒ DNA evtl. verunreinigt
nasse Haare ⇒ Lagerfähigkeit stark reduziert



Mindestens 8 Mal mit einer Flachzange Haare ausreissen!
Ziel: mind. 80 Haare mit Haarwurzeln

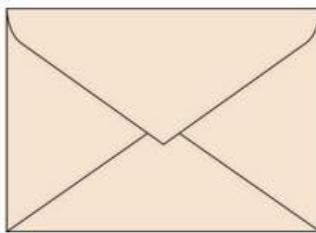
*Die Haare dürfen keinesfalls einfach abgeschnitten werden!
Nur in der Haarwurzel (wird mit ausgerissen) befindet sich
DNA!*



**Die Haare direkt in den zugehörigen Probenbeutel füllen
und den Beutel sofort vollständig verschliessen!**

**Die Zange vor der Beprobung eines weiteren Tiers
gründlich (trocken) reinigen.**

Proben



- Haare bis zum Postversand **bei Zimmertemperatur, vor Licht geschützt, am besten im Briefumschlag** aufbewahren.
- Bitte für den Versand das Probenbegleitformular ausfüllen
(Download unter folgendem Link möglich:
<http://www.suisag.ch/Dokumente/tabid/111/Default.aspx>,
Abschnitt: Zucht\Leistungsprüfungen, Dokument
„Probenbegleitformular“)
- Die Haarproben umgehend per A-Post an die SUISAG senden.
(Adresse: SUISAG, z.H. Herdebuch, Allmend 8,
6204 Sempach)

