



DIE BESTE WAHL



Zuchtwertschätzung beim Schwein

Patrick Stratz
Projektleiter Genetik, SUISAG

Vorlesung ETH-Zürich



- ▶ 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

Geschäftsbereich Dienste

Sekretariat
Personal
Finanzen + RW
Informatik
QM/Marketing

Geschäftsbereich Zucht

Herdebuch
Leistungspr & ZWS
Zuchtprogramm
Export
Weiterb. & Beratung

Geschäftsbereich Produktion & Verkauf

Eberhaltung
Samenverkauf
Verkauf Zubehör
Beratung &
Schulung KB

Geschäftsbereich SGD

Beratung & Ueberwachung Betriebe
Vergabe Status
Weiterbildung TA
Kontakt Unis (F&E)

**Kunden:
Schweinehalter + Organisationen**

Standorte der SUISAG



**200 Eber
Labor & Produktion
zentrales Lager**

SGD® Sempach West
Aussenstandort Romandie

SGD® Zürich-Ost

Knutwil

Wängi

SUISAG Hauptsitz Sempach
SGD® Sempach-West



Hauptsitz und Prüfstation (1200 Prüfplätze)

80 Eber nur Absamung



Schweizer Zuchtprogramm

eigenständig
Edelschwein



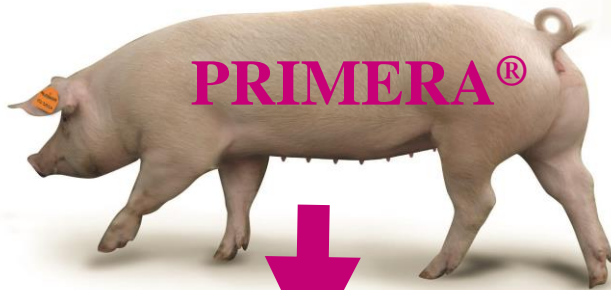
etwas Import
Landrasse



eigenständig
PREMO®



PRIMERA®



70% Besamung
Natursprung

20%

10%

Duroc



Piétrain



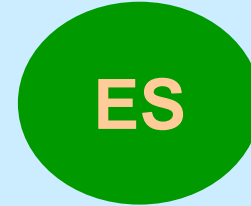
Mastferkel



Zuchtprogramm mit **Arbeits-** **teilung** zwischen Zuchtstufen

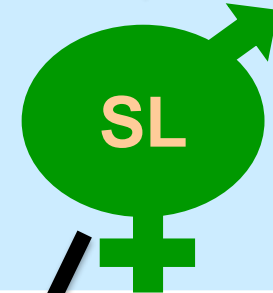
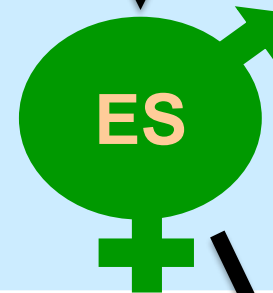
Kernzucht

→ Zuchtfortschritt



Vermehrung

→ Multiplikation,
F1-Sauenproduktion



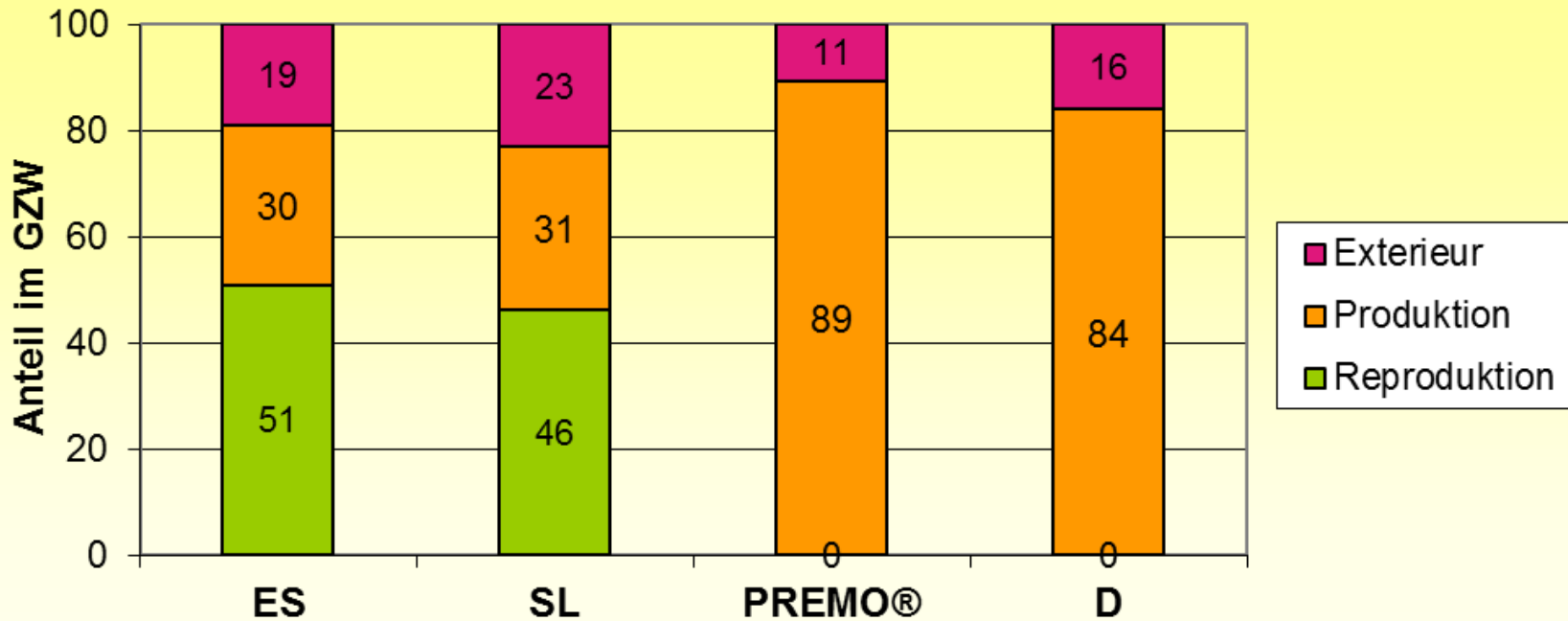
Produktion

→ Einheitliche Mastferkel (MF)
gemäss CH-Marktbedürfnissen



Heterosis2

Zuchtziele Mutter- und Vaterlinien



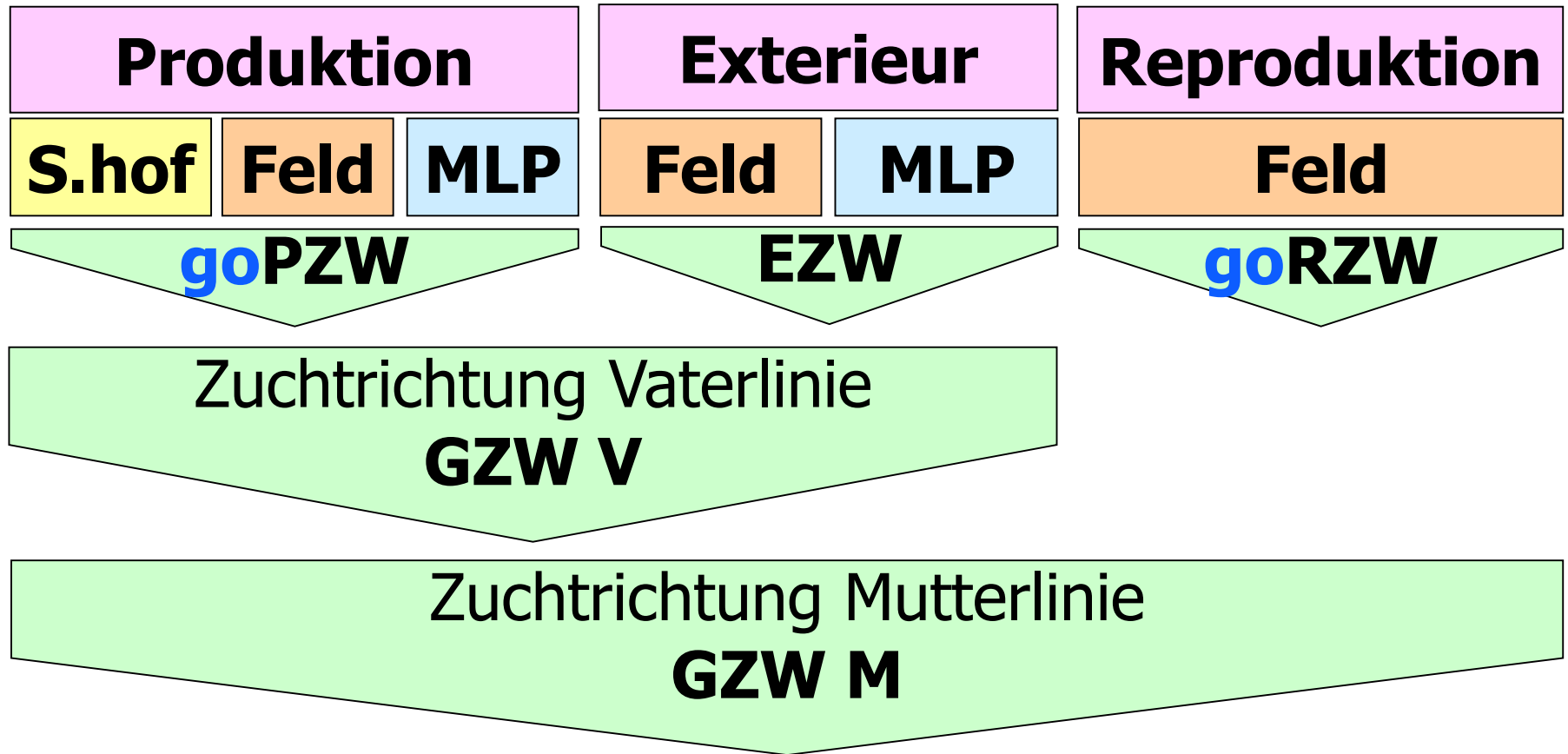
Anz. Merkmale	ES	SL	PREMO®	D	Pi
Exterieur (Typ,Fund,Zitz)	11	11	9	10	-
Produktion	9	9	10	12	11
Reproduktion	4	4	-	-	-
Total	24	24	19	22	11

Herdbuch (Anzahl Herden und Sauen per 31.12.2018)

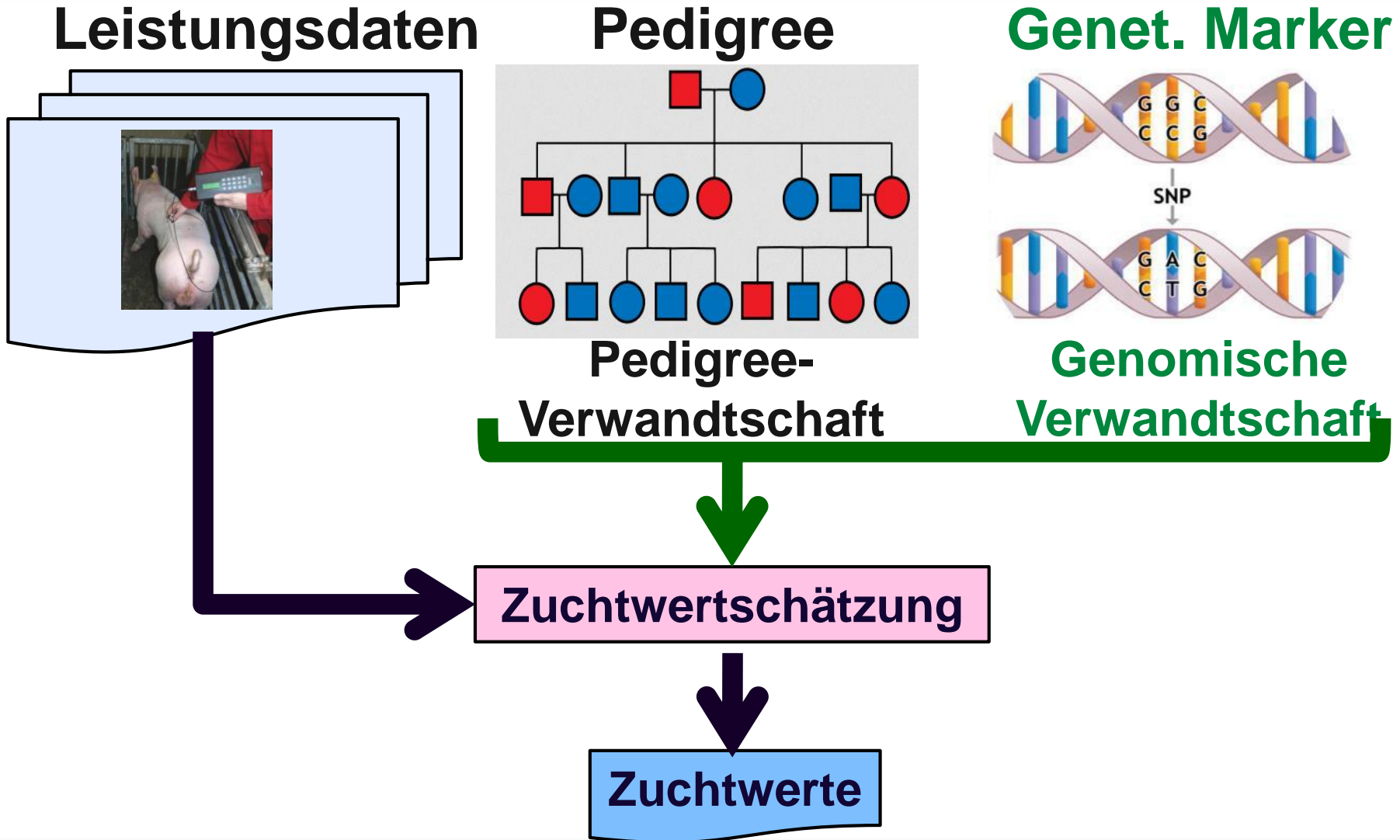
Stufe	Herden	ES	SL	ESV	Pi	Du	Total
Kernzucht inkl. Verm. im Betrieb	32	2474	365	209	11	61	3120
Vermehrung Zukauf aus Kernzucht	21	1079	472	0	0	0	1551
Eigenremont	83	4572	346	8	10	2	4958
Total	136	8125	1183	217	21	63	9629

- ▶ **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)?



► 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**)

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

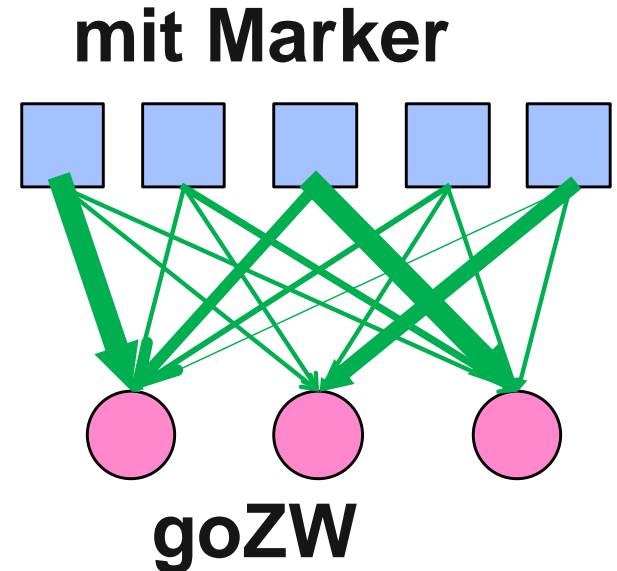
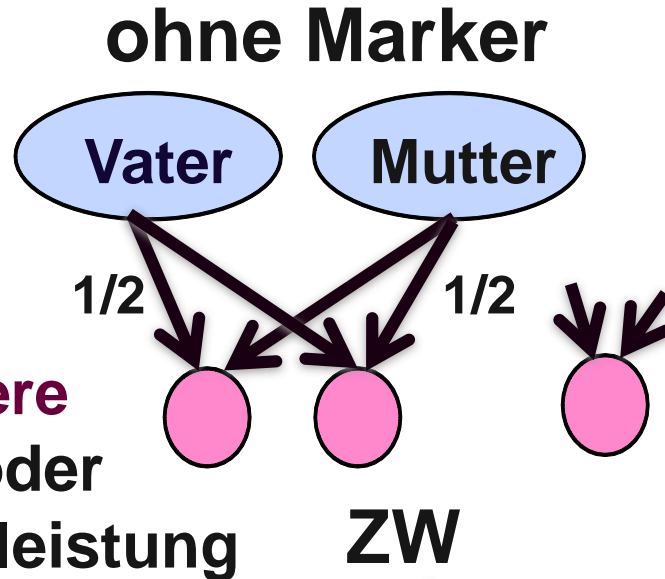
► Lösung Gleichungssystem: **MiX99**

► Approximation Genauigkeiten: **ApaX99**

Was bringt goZWS?

Wie gut ist Vorhersage mit (go)ZW?

Verfügbare Daten vor 2.5 Jahren



Validierungstiere
ohne eigene oder
Nachkommenleistung

Genauer?

Heute mit viel
Information für
Validierungstiere

ZW oder Leistung von
Validierungstieren

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

► Probenziehung und Verwaltung

- Zuchtbetrieb: Haarwurzeln 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 weibliche Tiere pro Jahr werden Proben eingelagert
 - sobald diese belegt wurden, müssen diese SD Chip typisiert werden

Von welchen Tieren werden DNA-Proben genommen?

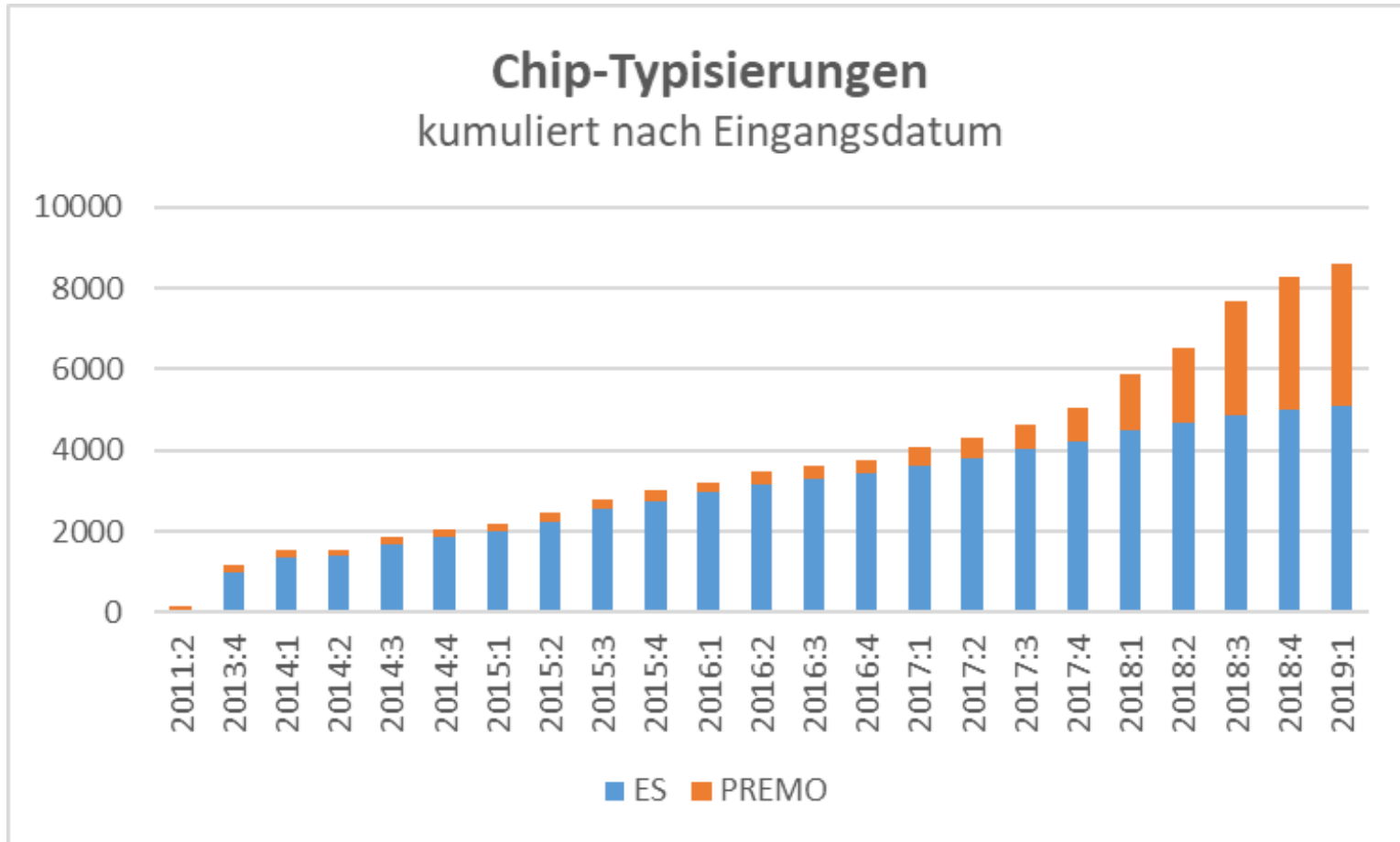
► ES:

- 470 Eberferkel pro Jahr bei Einstallung beprobt
- Alle ES-Sauen, die in Kernzuchtbetrieben das erste Mal abferkeln (ca. 1000 Sauen pro Jahr)
 - Wenn Genauigkeit (B%) $\text{Repro} > 50\%$ (nach ca. 2 Würfen) sind diese züchterisch interessant und werden als Referenztiere betrachtet → SD-Versand der Referenzproben

Von welchen Tieren werden DNA-Proben genommen?

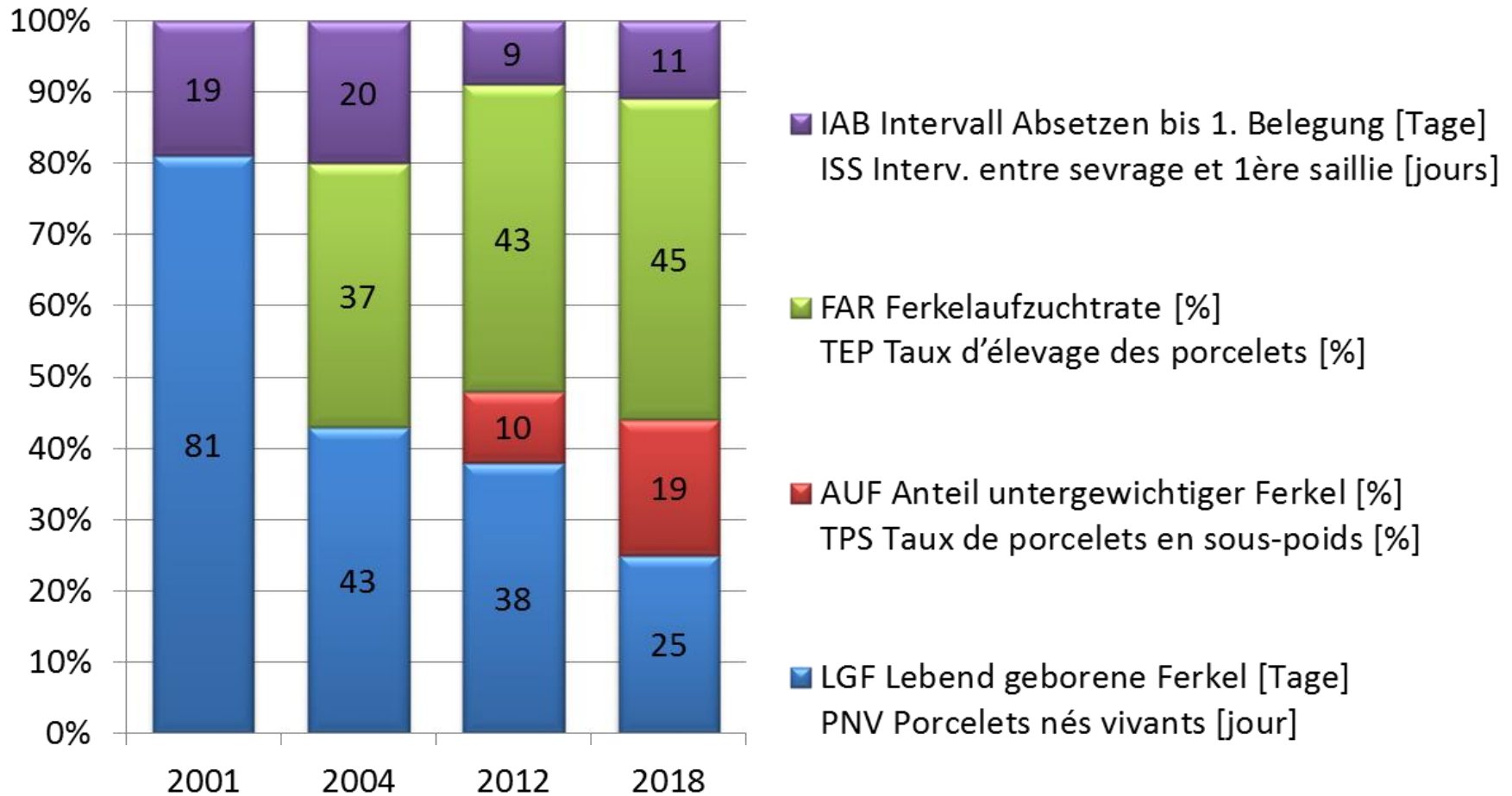
- ▶ 400 typisierte Tiere pro Jahr für **Elitepaarungen**
 - **LR**: Eberferkelbeprobung → CF18-Typisierung, Selektionskriterium für Einstellung
 - **D** und **P**: nach Feldprüfung → Entscheid Ankauf KB

Entwicklung der Typisierungen



Zuchtziel Reproduktion

(Gewichtung Merkmale in RZW, 2001 - 2019)



Sinnvolle Wurfgrösse bei bester Aufzuchtleistung

Zuchtwertschätzung Reproduktion

Auswertungsmodelle

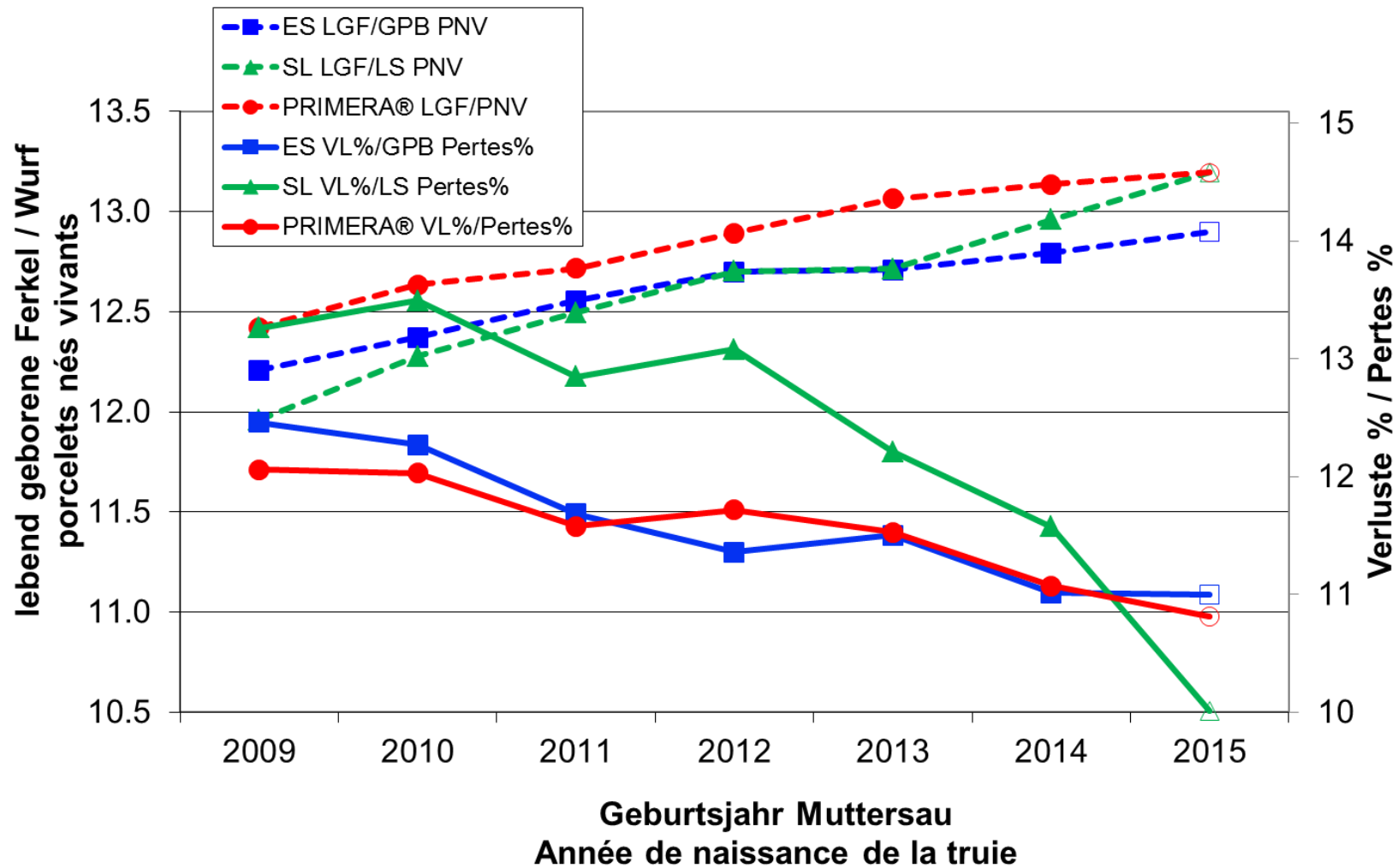
	LGF	AUF	FAR	IAB
Betrieb x Zeitperiode	f	f	f	z
Saison (Monat)	f	f	f	f
Alter der Sau (Klassen)	f	f	f	f
Sau reinrassig oder F1-Kreuzung	f	f	f	f
Belegungsart (KB, NS, -TG)	f	f	-	-
Rassengruppe Wurf (Klassen)	f	f	f	
Anz. gesäugte Ferkel (Cov, Klassen)	-	-	x,x ²	f
Säugedauer (Klassen)	-	-	f	f
Besamungseber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

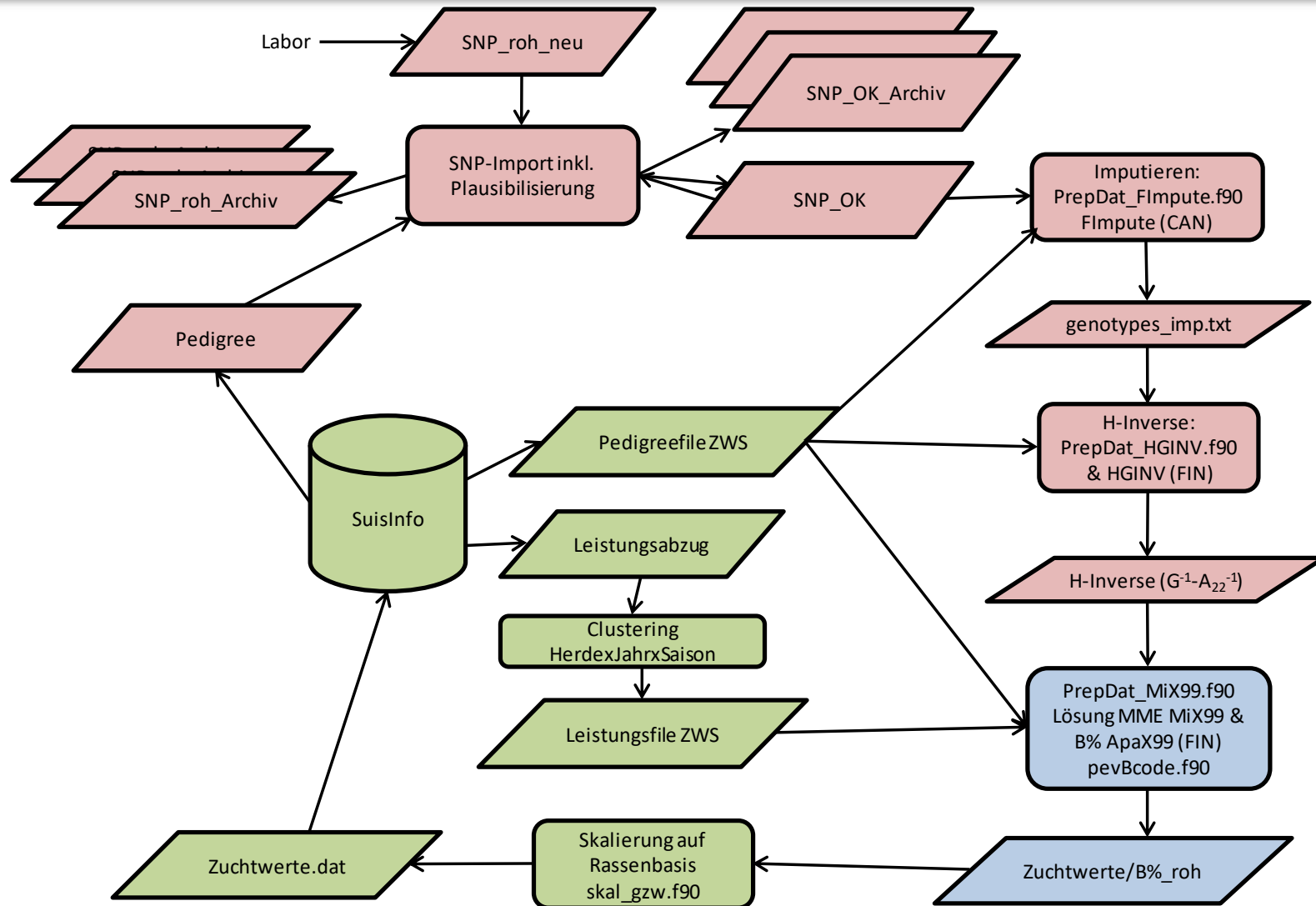
Kategorie	Anzahl Betriebe	LGF	AGF	Verluste	Leertage	Würfe / Jahr	AGF/SuJ
Top 10%	63	13.9	12.6	9.5%	7.0	2.41	30.3
o. Viertel	156	13.7	12.2	10.4%	7.3	2.39	29.2
Mittel	628	13.1	11.4	12.4%	8.7	2.33	26.7
u. Viertel	156	12.4	10.5	14.7%	10.2	2.26	23.9

- 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!

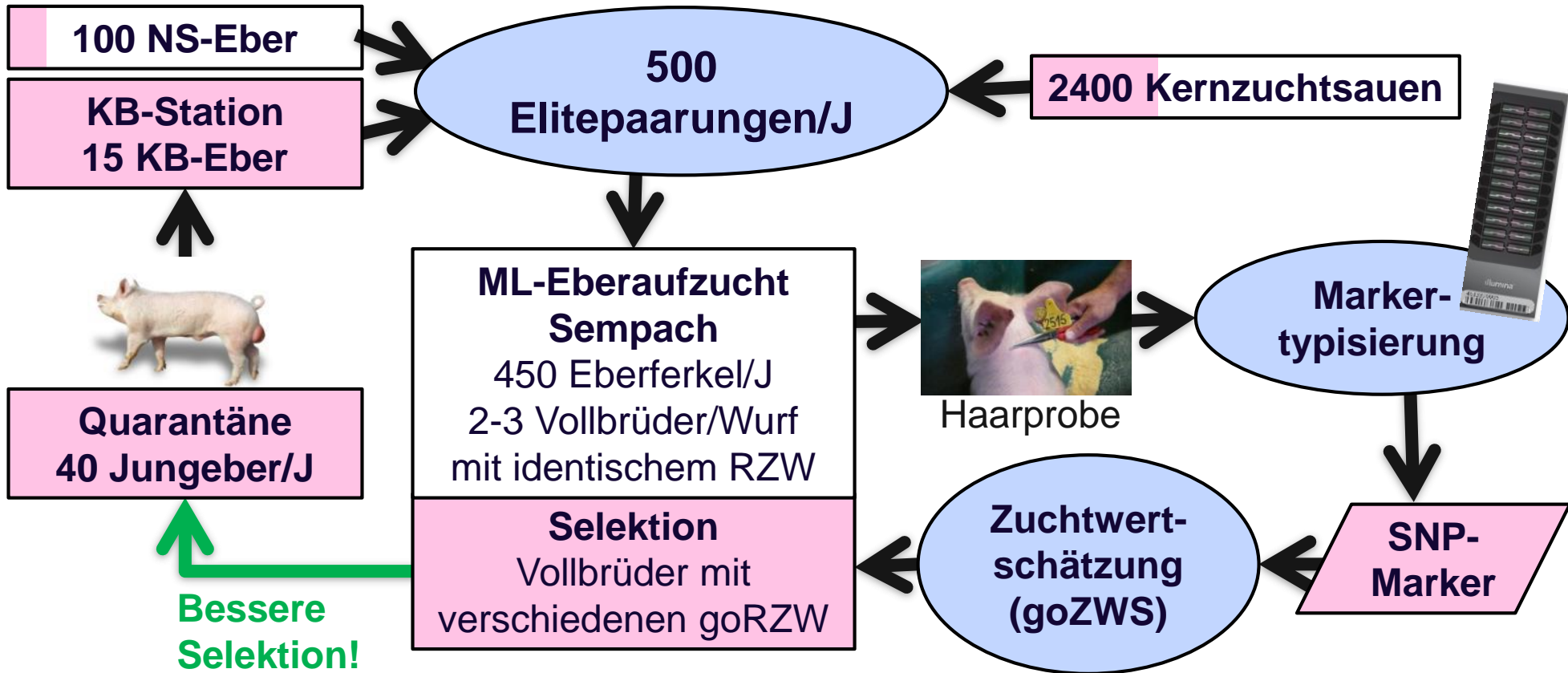
- ▶ **Rassen:** Edelschwein, Landrasse, F1 (ESxSL, SLxES)
- ▶ **Wurfleistungen** ab Wurfdatum: 1.1.2002
 - Lebend geborene Ferkel (LGF) 549'000
 - Anteil untergewichtiger Ferkel (AUF) 269'000
 - Ferkelaufzuchtrate (FAR) 541'000
 - Intervall Absetzen-Belegung nach 1. Wurf (IAB) 106'000
- ▶ **Pedigree** 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



Zuchtprogramm Edelschwein- Mutterlinie und Nutzung goZWS



Für 60'000 SNP-Marker typisierte Tiere

2 Beispiele von Vollbrüdern

Traditionelle Abst.ZW vs goZW

TierID	traditionelle 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**

► 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
Futtermittelverwertung	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

Abrufbrief Vollgeschwisterprüfung 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

Remporc AG
Waldegg
6022 Grosswangen

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

	Züchter Nummer	Zeichen	Sex	Gewicht	Leer lassen Chip	Gewicht	Stall	Bucht
Tier 1	7305	XE5	K	28	5283	28	22	80
Tier 2	7311	XE5	F	32	5313	32		

- 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



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



LB vor Prüfende (110 kg)

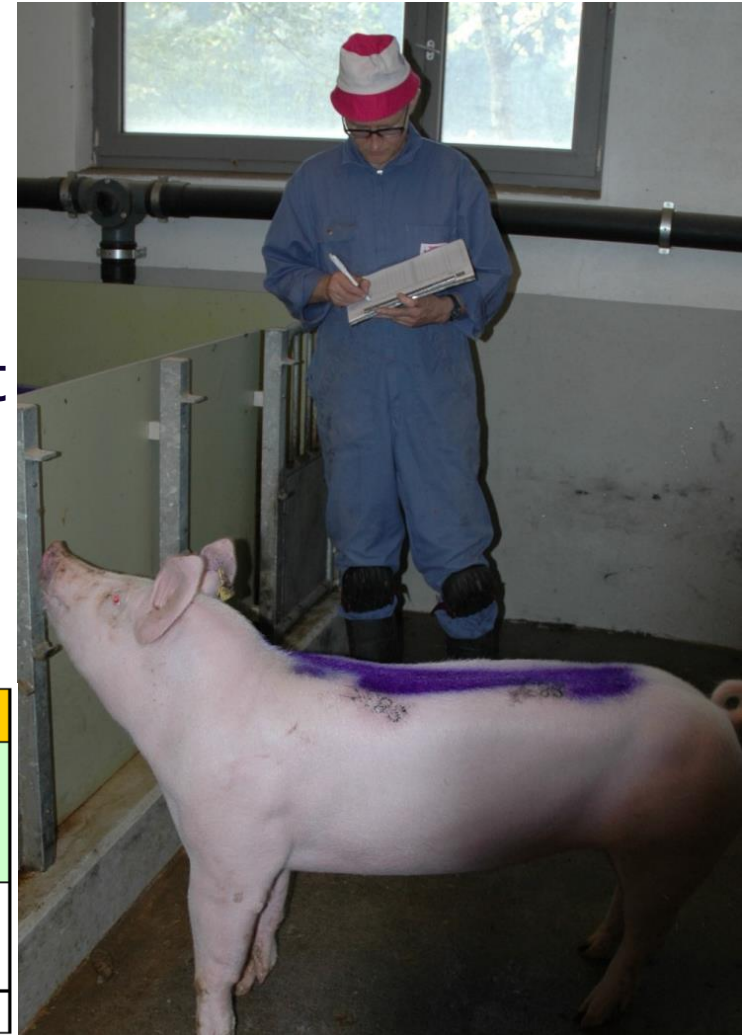
► Tierwohl = Tierschutz

► 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°





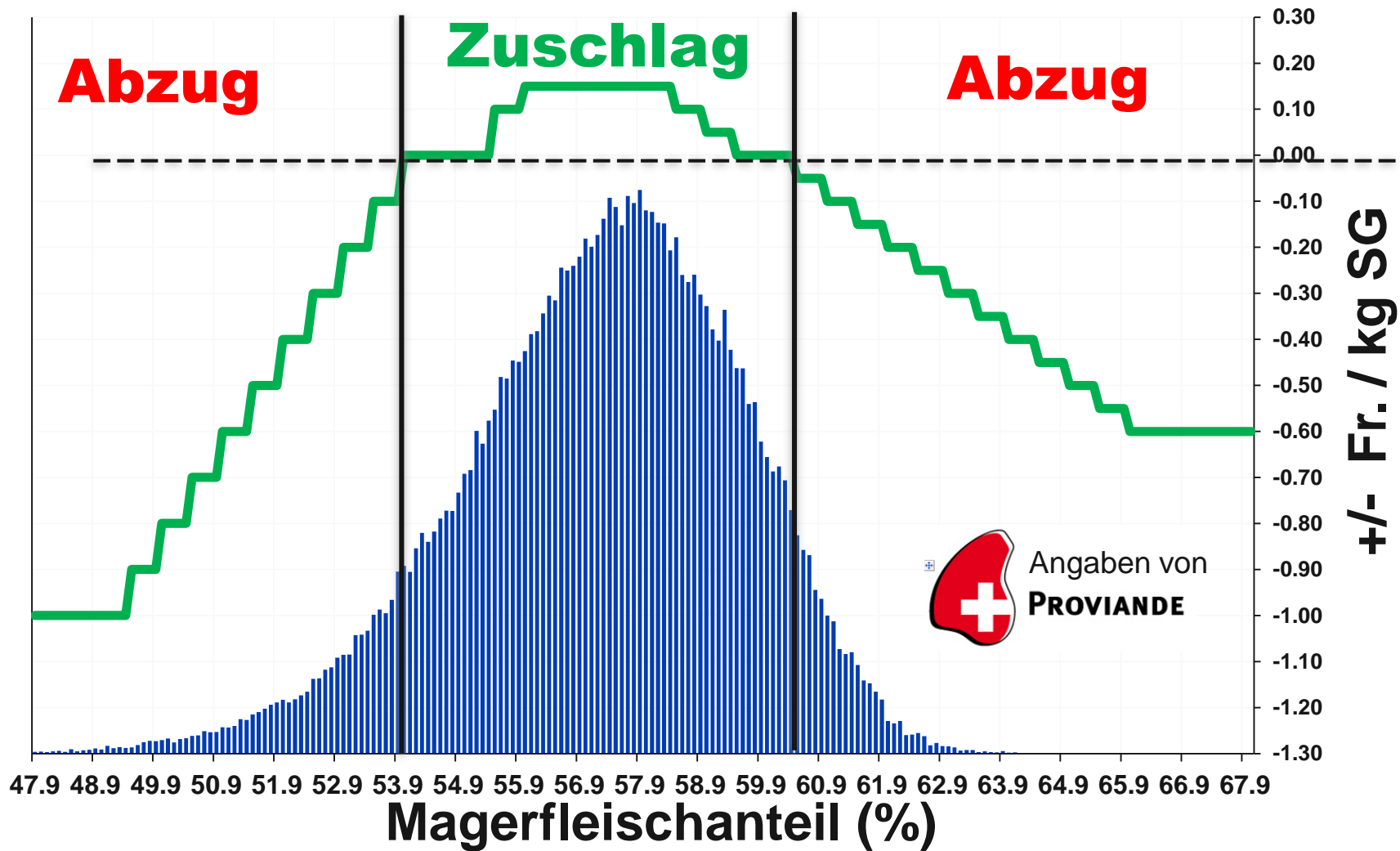
	Merkmal	Feld	Station
Typ	Lendendruck kein - stark	-	✓
	Schlachtkörperlänge	-	✓
Fundament	X-O beinig hinten	✓	✓
	Säbel – stuhlbeinig hinten	✓	✓
	Fesseln weich - steil hinten	✓	✓
	Innenklauen klein - gross hinten	✓	✓
	Gebeugt – vorbiegig vorne	✓	✓
	Anzahl Schleimbeutel vorne & hinten	-	✓
	Gang locker –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

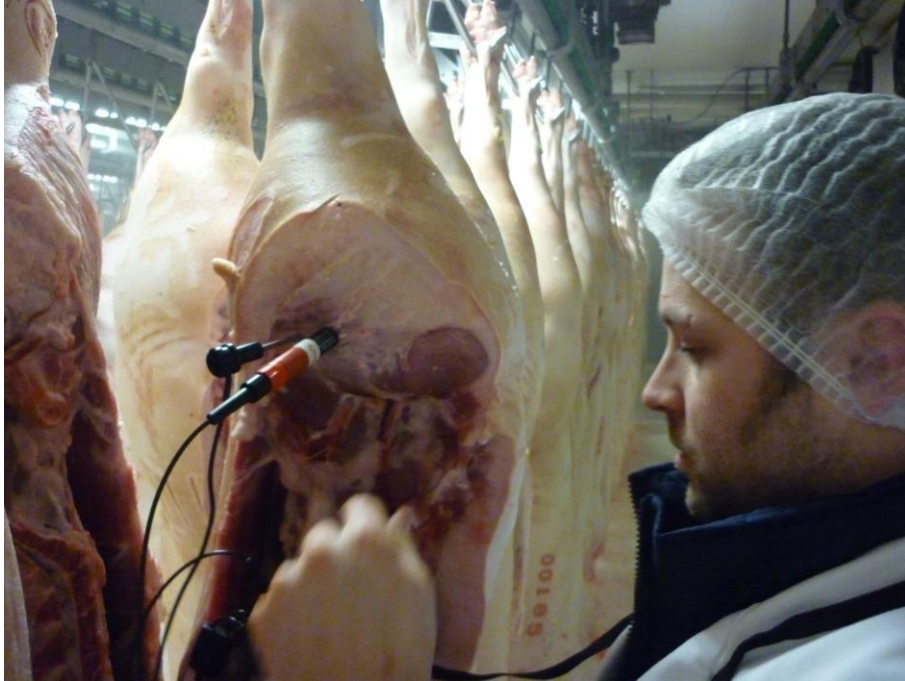
Schlachtung in Sursee

Messung Fleischigkeit mit Autofom (%MFA)



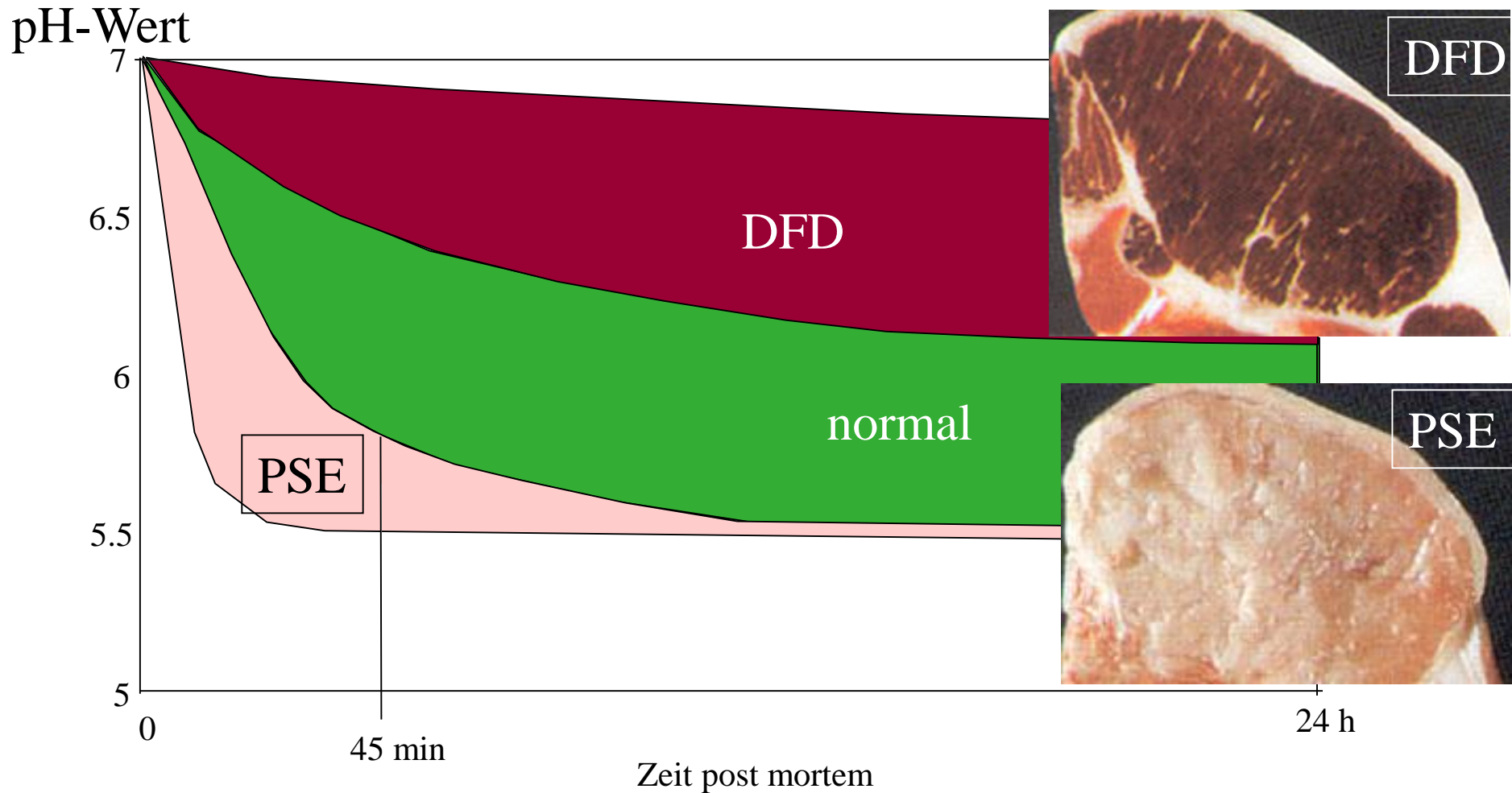
Bezahlung MFA (gemäss Proviande)



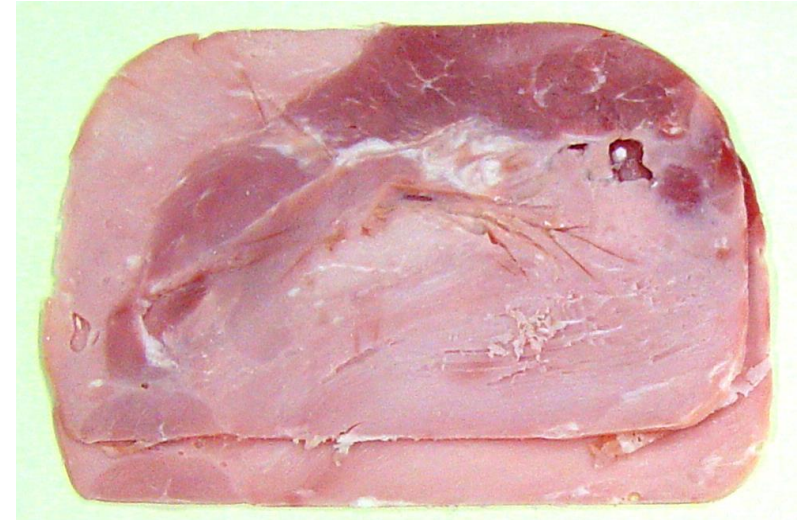
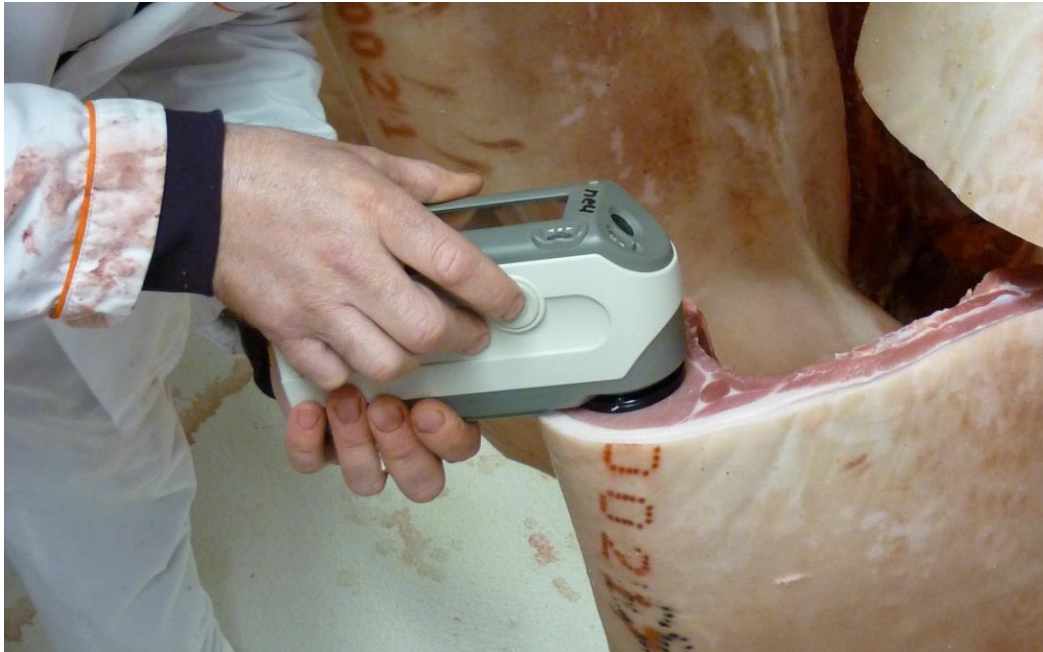


Hintergrund pH-Messung

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



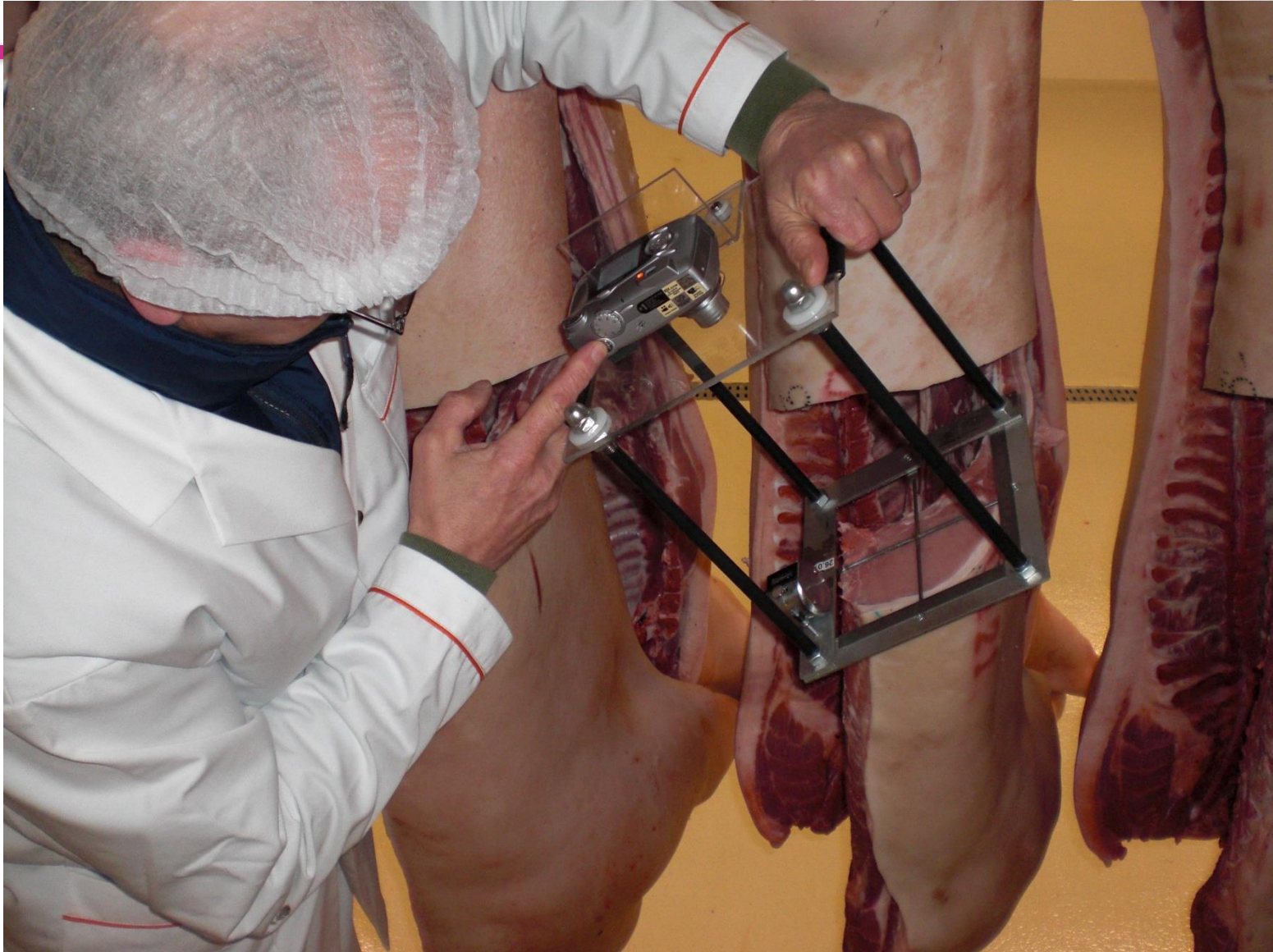
Farbmessung (mit Minoltagerät)



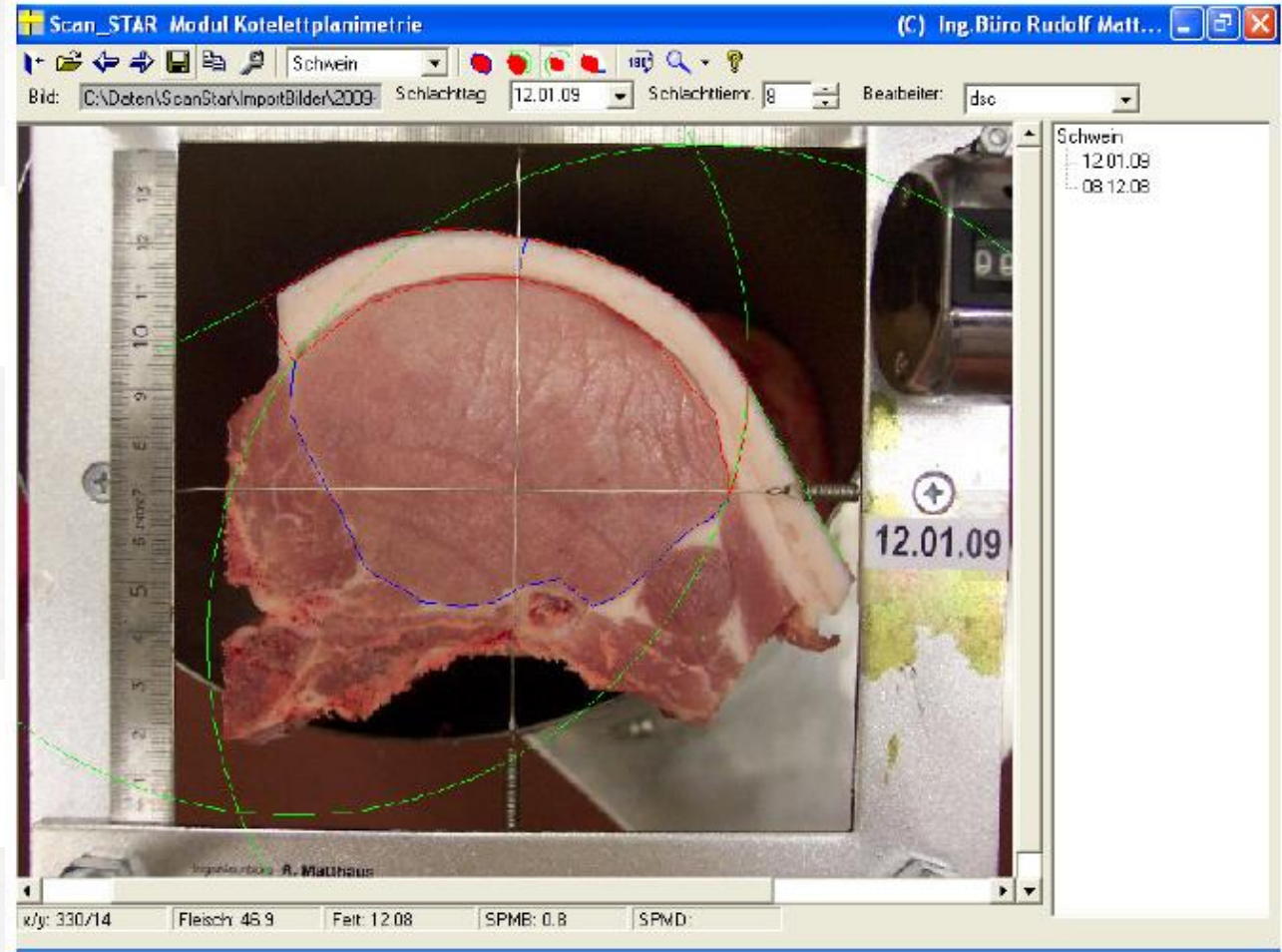
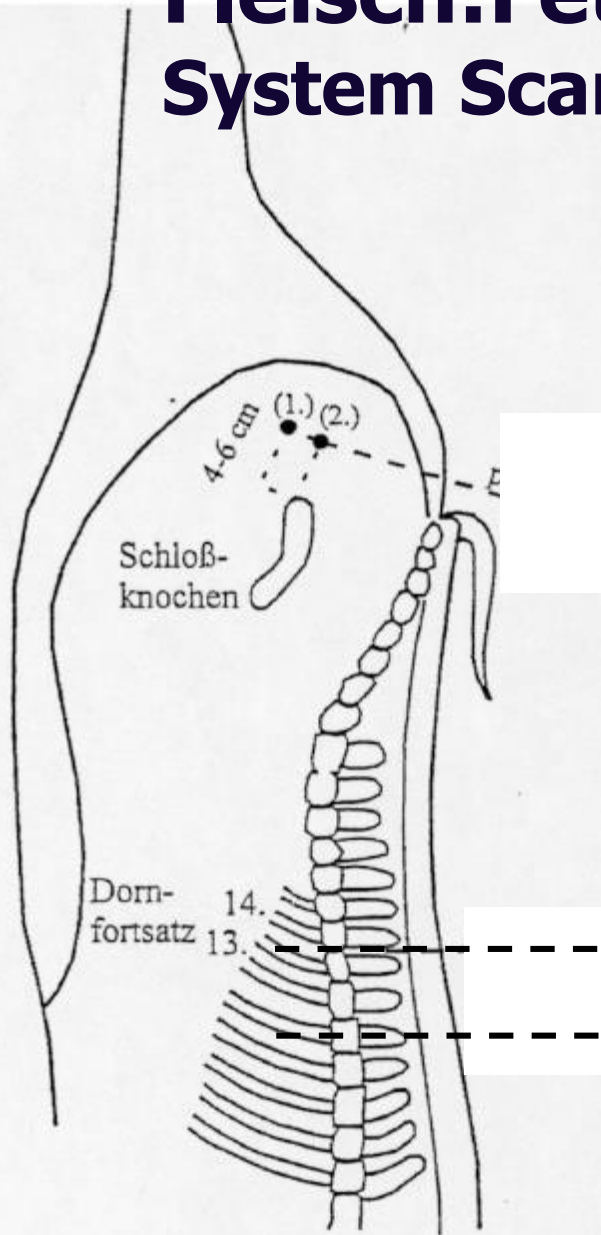
Messung Schlachtkörperlänge



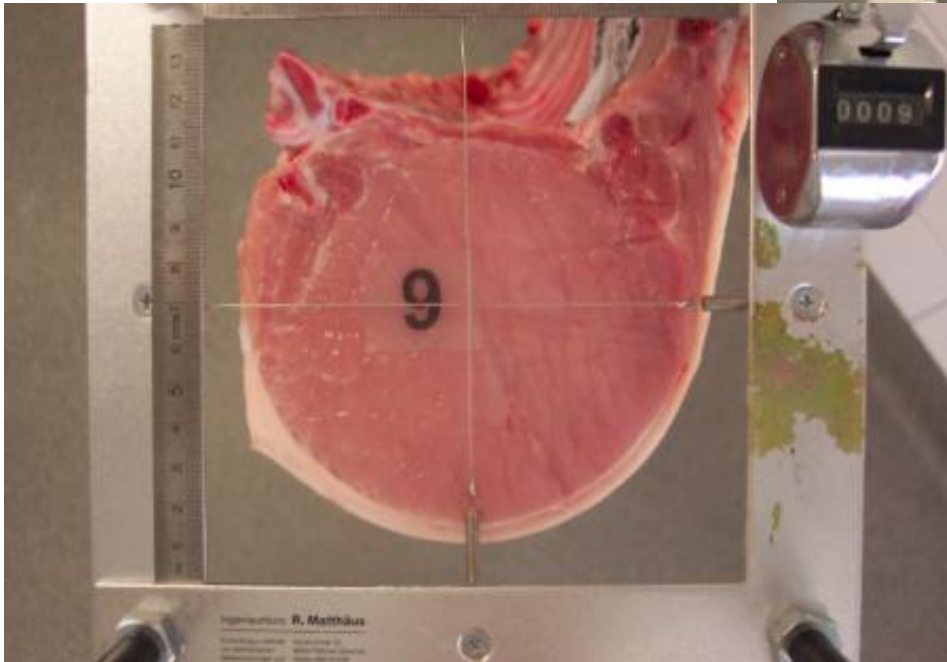
Photoaufnahme für Scan-Star



Fleisch:Fett Verhältnis Kotelettplanimetrie System ScanStar



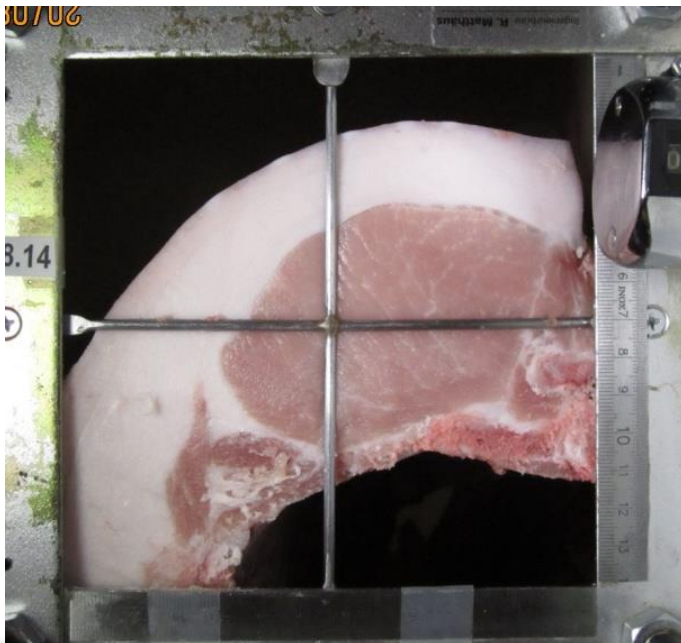
Grosse Variation zw. Rassen ...



... 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)

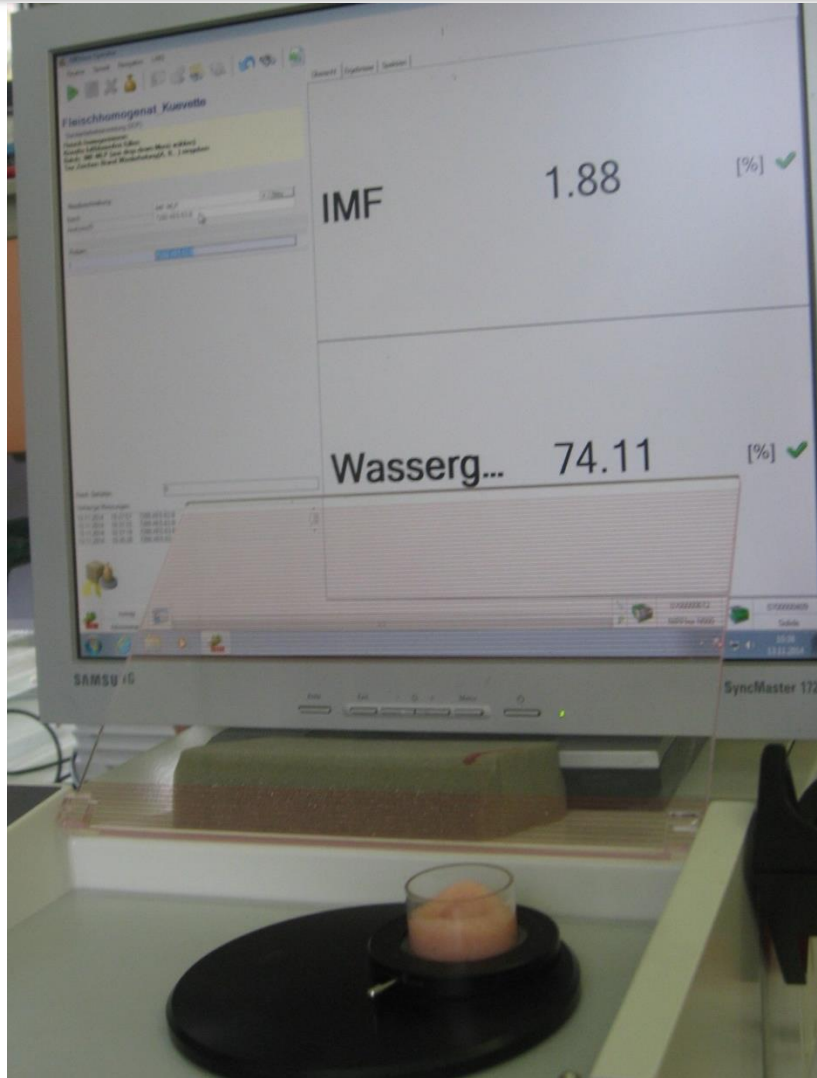


**= Verlust von Fleischsaft an der Oberfläche
ohne äussere Einwirkung**

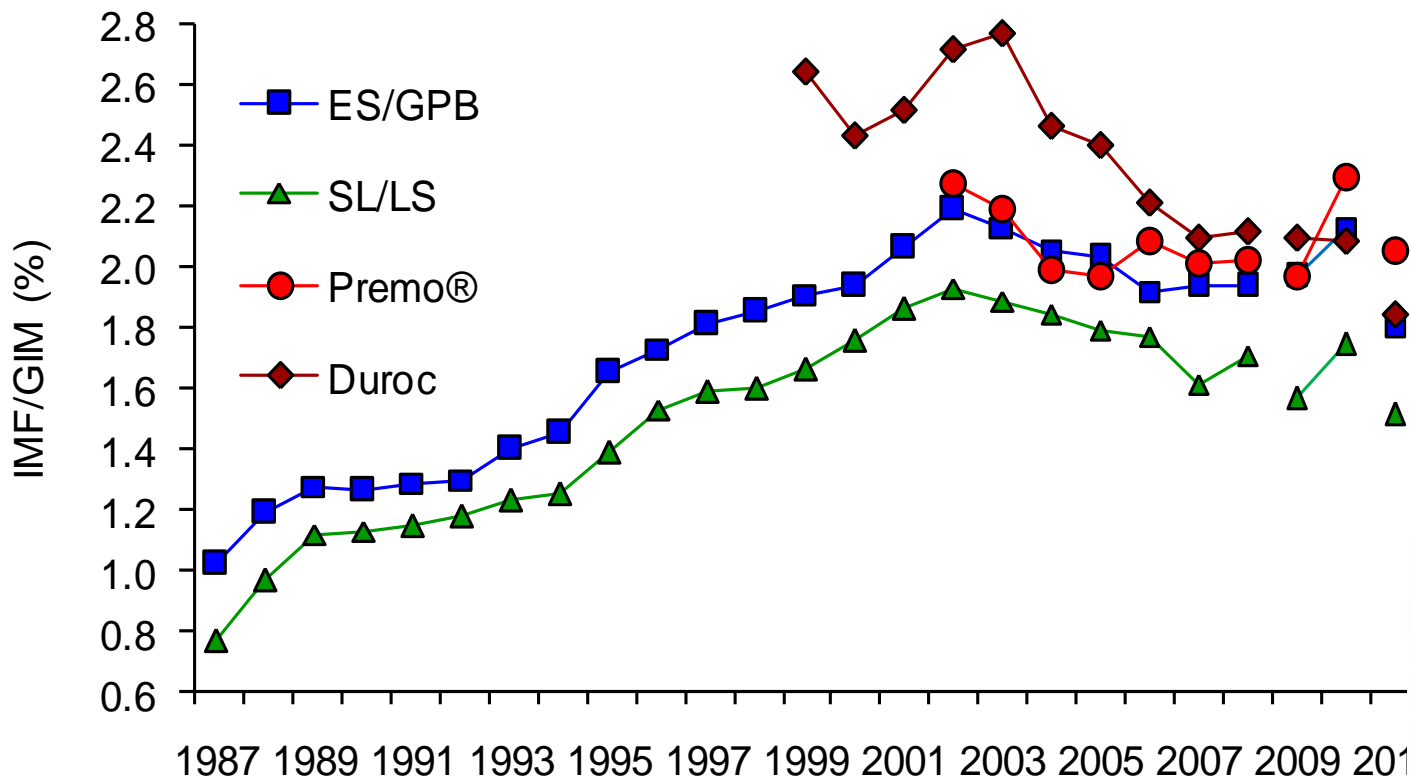
≠ Wasserverlust während Kochen

- ▶ 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	PiqM	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	0.00	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

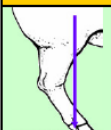
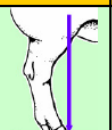
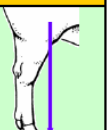
Merkmal	Abk.	Prüfung	Beschreibung/Messung
Anzahl Zitzen links	Zi L	MLP/Betrieb	Lizensierter Techniker
Anzahl Zitzen rechts	Zi R	MLP/Betrieb	Lizensierter Techniker
Anzahl Stülpzitzen	Stlp	MLP/Betrieb	Lizensierter Techniker
Anzahl Zwischenzitzen	ZwZi	MLP/Betrieb	Lizensierter Techniker
X-O Stellung hinten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

1	2	3	4	5	6	7
						
Stand viel zu weit vorne	Stand zu weit vorne	Stand leicht zu weit vorne	Klauen- spitze senkrecht unter Knie	Stand leicht zu weit hinten	Stand zu weit hinten	Stand viel zu weit hinten
> 6 cm	3 - 6 cm	0 - 3 cm	Opt.	0 - 3 cm	3 - 6 cm	> 6 cm

1	2	3	4	5	6	7
						
sehr weiche Fessel	weiche Fessel	leicht weiche Fessel	optimale Fessel- stellung 60°	leicht steile Fesseln	steile Fessel	sehr steile Fessel
< 52°	52-55°	55 -58°	58 -62°	62 - 65°	65 -68°	> 68°

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

⇒ **Qualitätskontrolle und Daten für Zuchtwertschätzung**

Zuchtwertschätzung Exterieur

Auswertungsmodelle



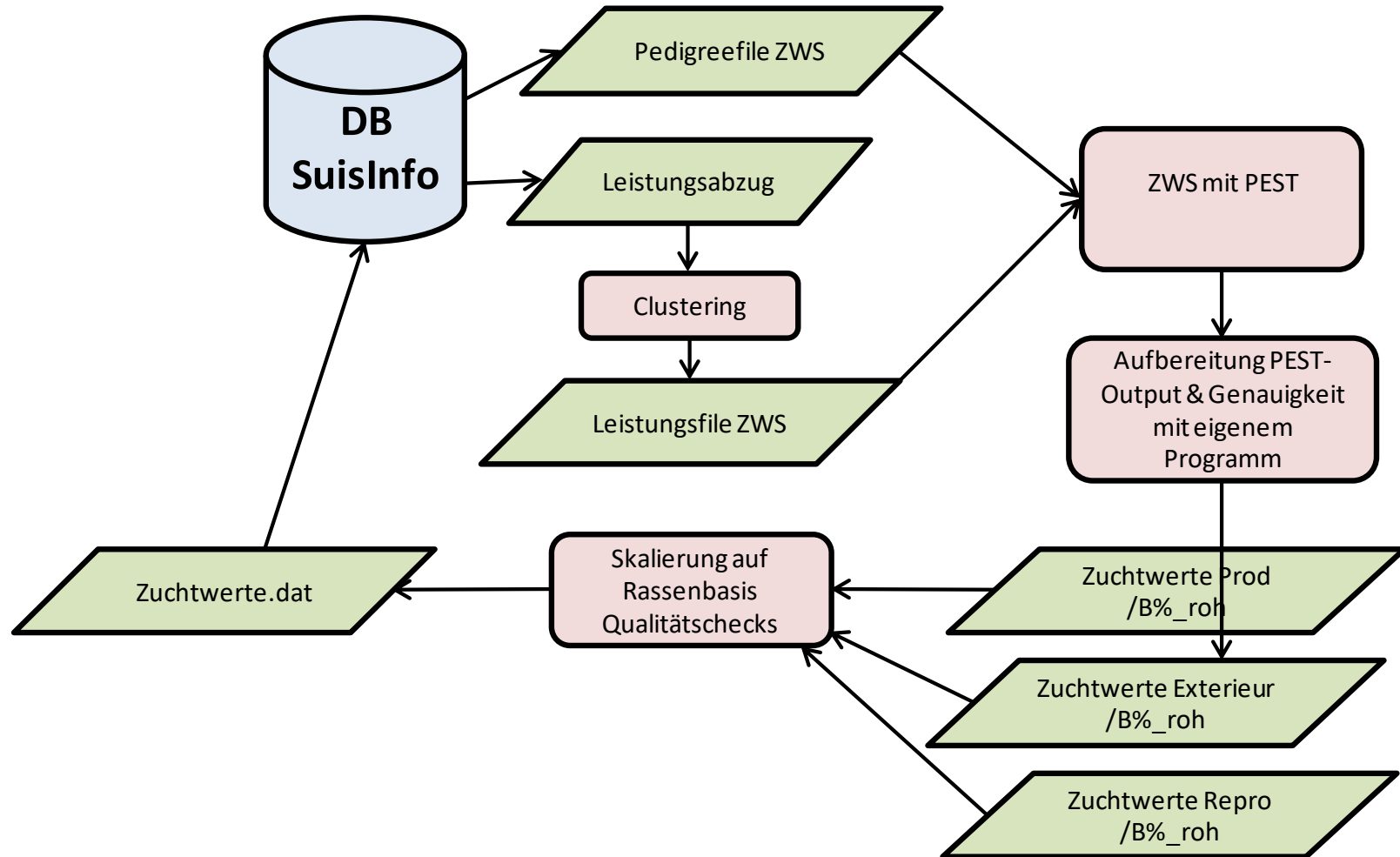
	Zi L	Zi R	Stlp	ZwZi	X-O	sä-st	Fs.st	lk.gr	gb-vb	Slmb	Ldrk	Gang	SKL
Betrieb x Stall x Zeitperiode	-	-	f	-	f	f	f	f	f	f	f	f	f
Techniker	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	-
Kreuzung ja/nein	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f
Herkunftsbetrieb x Jahr (zufällig)	-	-	-	-	Z	Z	Z	Z	Z	Z	Z	Z	-
Wurfumwelt (zufällig)	Z	Z	Z	Z	Z	Z	Z	Z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

	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 (Groeneveld, 1990)
- ▶ Abgelöst durch goZWS Mitte/Ende 2019

Zuchtwertschätzung Exterieur: Ablauf

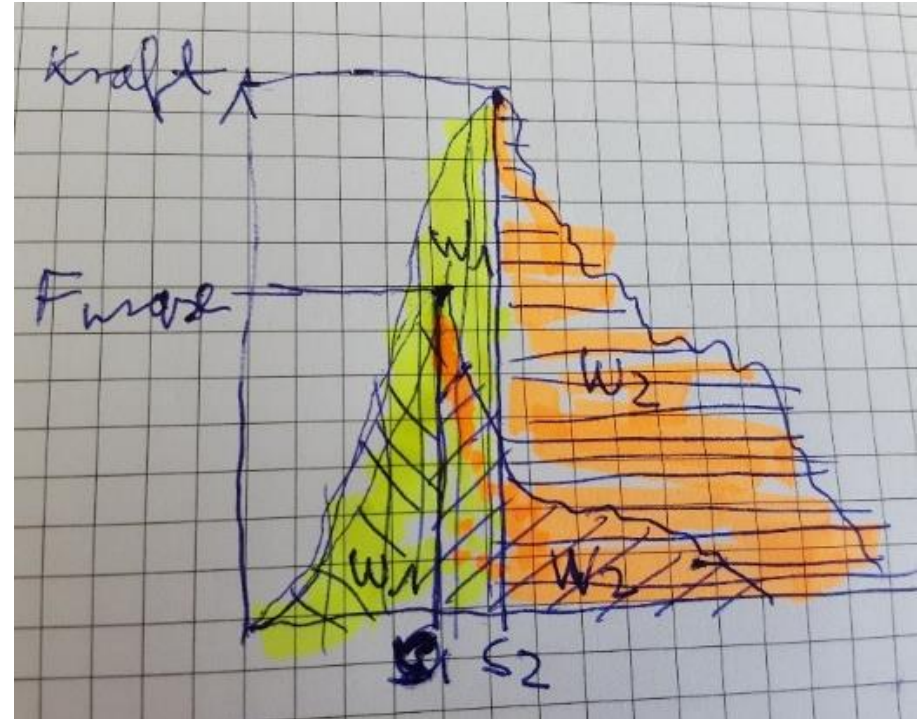
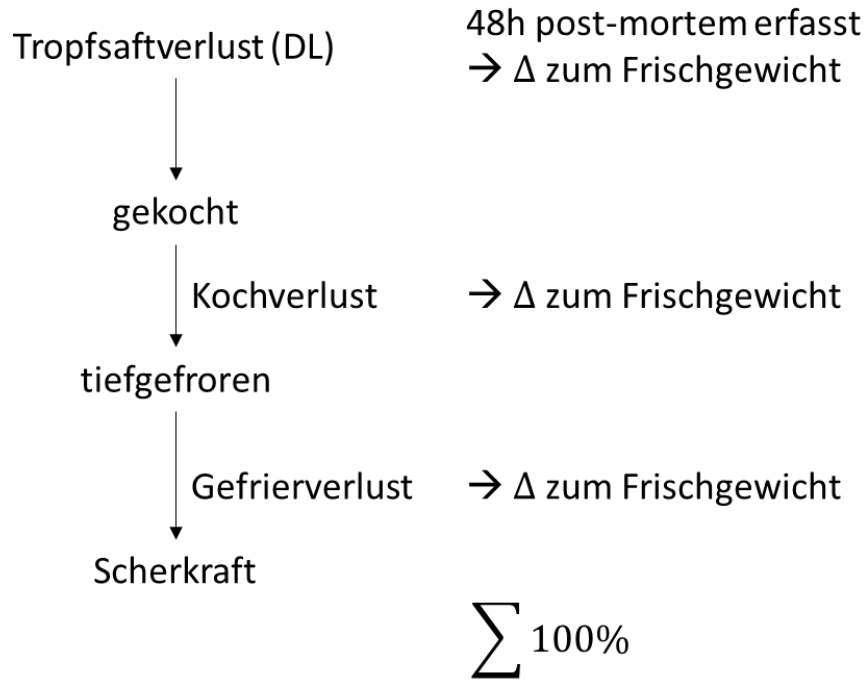


► Vollautomatisiert (Batchjob), Intervention auf Fehlermeldg

- ▶ 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



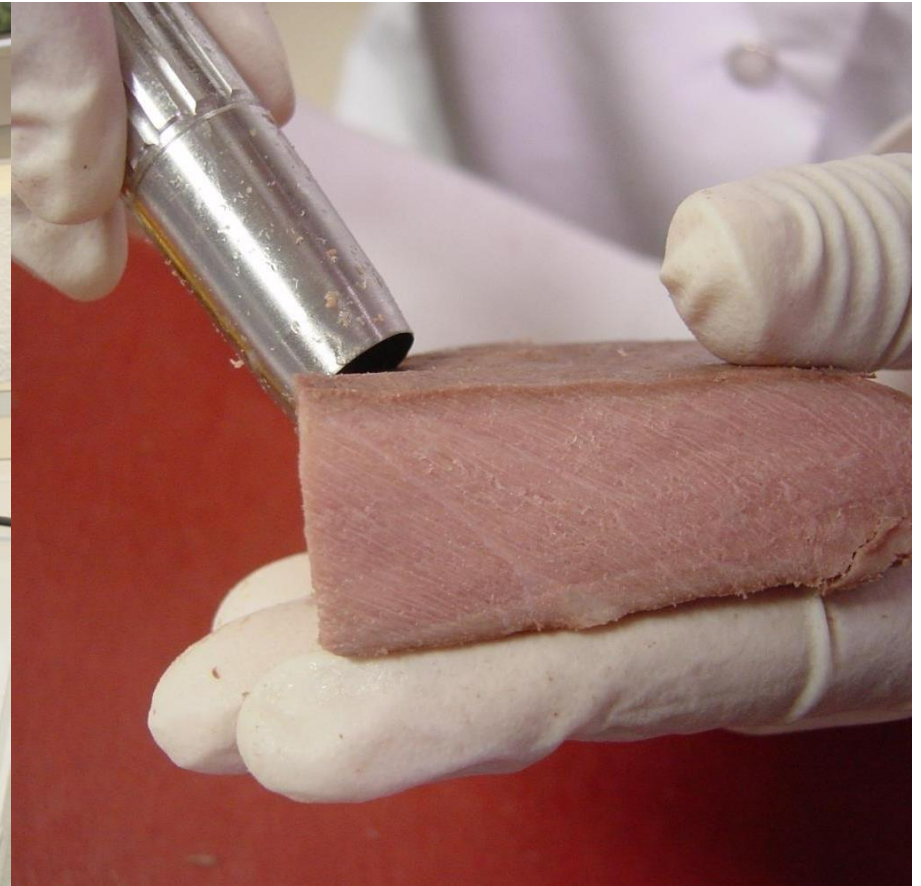
- ▶ **Neue Selektionsmerkmale: Zartheit, Kochverlust**
 - Varianzkomponentenschätzung (REML, bisher VCE)
 - Einbau in Routinezuchtwertschätzung (ssGBLUP, MiX99)
 - Tests mit verschiedenen Gewichtungen im PZW/GZW
 - Bericht intern bzw. zH Fachkommission Zucht



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)



	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 Erbliehkeiten für SKr und KV

- Züchterische Bearbeitung möglich



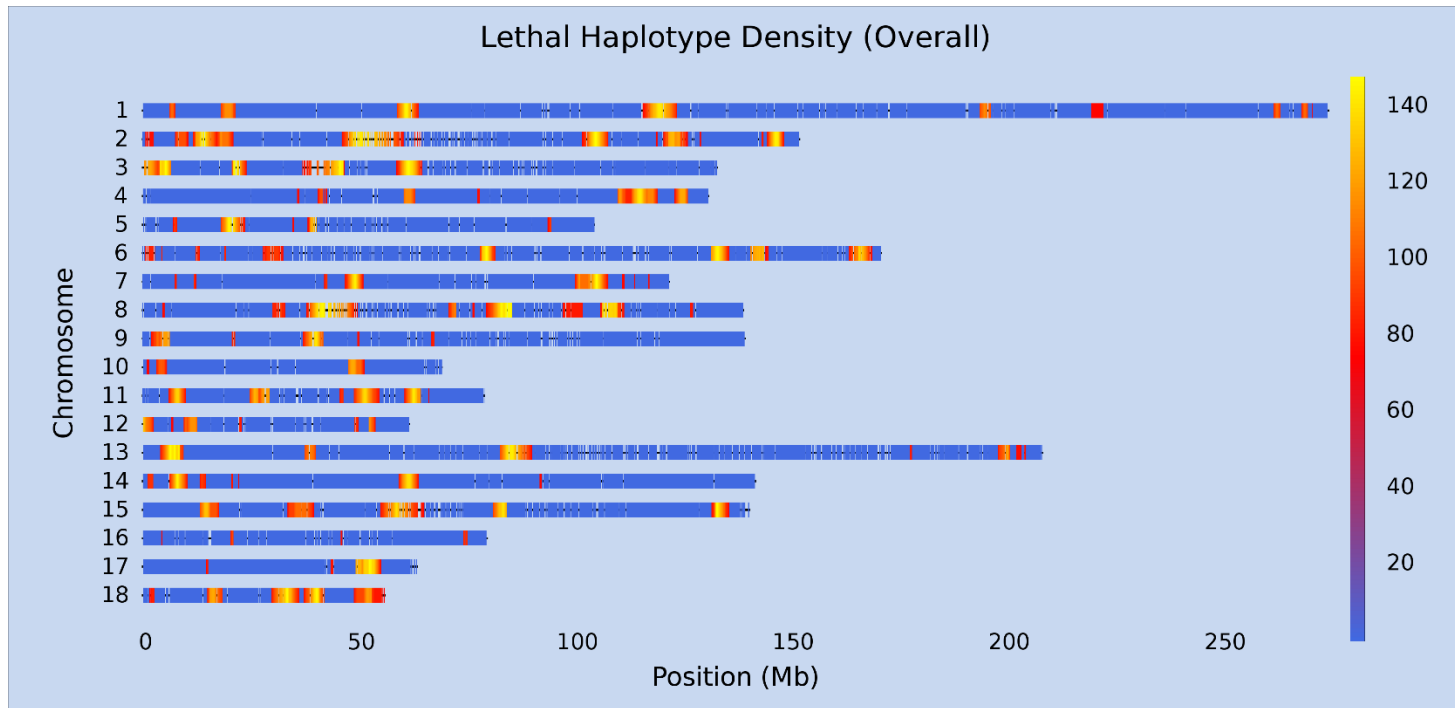
	L	a	PigM	SKr	DL	KV	pH1K	pH1S	pH24K	pH24S
L	0.18	-0.04	-0.81	-0.33	0.24	-0.05	-0.06	-0.08	-0.52	-0.11
a	-0.46	0.52	0.56	-0.10	0.08	-0.02	-0.07	-0.06	-0.13	-0.02
PigM	-0.82	0.87	0.38	0.22	-0.12	0.01	-0.03	0.01	0.36	0.07
SKr	-0.28	-0.14	0.22	0.35	-0.06	0.12	-0.04	0.00	0.38	0.04
DL	0.36	0.07	-0.12	-0.24	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 Erbliehkeiten für SKr und KV
 - Züchterische Bearbeitung möglich
- ▶ KV korreliert kaum mit DL (bekannt aus vorangegangenen Analysen)

- ▶ 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 deregressierte Zuchtwerte an (HAFL)
 - Wenige bis keine Peaks, Grund unklar.
- ▶ Varianzkom.p.schätzung mit Samenqualitätsdaten
 - Daten an Alexander Burren (HAFL)
 - Selektion auf Volumen, Konzentration, Motilität wäre möglich
 - Poster an EAAP in Dubrovnik 2018

- ▶ 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)

- ▶ Berücksichtigung von Erbfehlern (missing haplotypes) bei Selektion und Anpaarung
 - SNP-Datensatz für Drögemüller (UniBE) und Seefried (Qualitas)
 - Verdächtige Regionen, aber Power wohl zu gering.



- ▶ 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.

► Gesundheitsdaten in der Zucht nutzen

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

► Vatoreinfluss 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 eingegeben

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

Danke für die Aufmerksamkeit

Fragen?













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

Verwaltung in SuisInfo

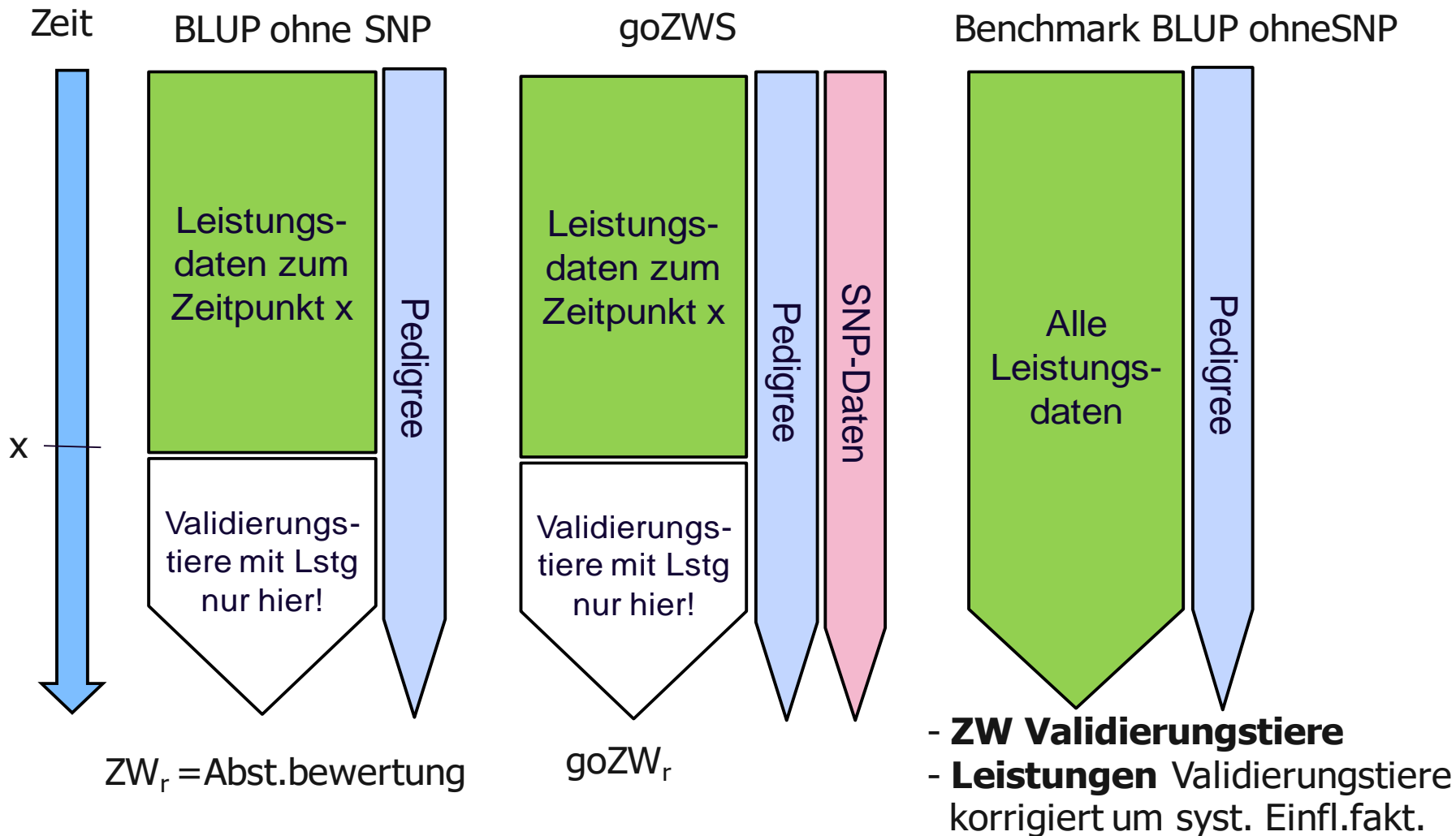
Proben		Proben-Detail			Gentypisierungen		Mutationen																																								
Tier-ID	Sex	Geburt	Stc.	Abgang	Tier-Name	Standort	Stall	Name Standortbetrieb	Vater-ID	Betriebs-ID	Mutter-ID																																				
1	9625	EB3	M	09.09.2015		0000	34	Suisag MLP	1	6517	EB3																																				
<table border="1"> <thead> <tr> <th colspan="2">Probe</th> <th colspan="2">Rest-</th> <th colspan="2"></th> <th colspan="2"></th> <th colspan="2"></th> <th colspan="2"></th> </tr> <tr> <th>Probenart</th> <th>Eingang</th> <th>Probe</th> <th>Lagerort</th> <th>Probeentnahme</th> <th>Probenehmer</th> <th colspan="2">Bemerkung</th> <th colspan="2"></th> <th colspan="2">Status Probe</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Haare</td> <td>18.11.2015</td> <td><input type="checkbox"/></td> <td></td> <td>17.11.2015</td> <td>PBU</td> <td colspan="2"></td> <td colspan="2"></td> <td colspan="2">Versendet</td> </tr> </tbody> </table>												Probe		Rest-										Probenart	Eingang	Probe	Lagerort	Probeentnahme	Probenehmer	Bemerkung				Status Probe		Haare	18.11.2015	<input type="checkbox"/>		17.11.2015	PBU					Versendet	
Probe		Rest-																																													
Probenart	Eingang	Probe	Lagerort	Probeentnahme	Probenehmer	Bemerkung				Status Probe																																					
Haare	18.11.2015	<input type="checkbox"/>		17.11.2015	PBU					Versendet																																					
<table border="1"> <thead> <tr> <th colspan="2">Versand</th> <th colspan="2">Rest-</th> <th colspan="2"></th> <th colspan="2"></th> <th colspan="2"></th> <th colspan="2"></th> </tr> <tr> <th>Empfänger</th> <th>Ausgang</th> <th>Probe</th> <th>Auftraggeber</th> <th colspan="2">Bemerkung</th> <th colspan="2"></th> <th colspan="2"></th> <th colspan="2">Status Versand</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Van Haeringen, PW Wageningen, NL</td> <td>18.11.2015</td> <td><input type="checkbox"/></td> <td>SUISAG Zuchtprogramm</td> <td colspan="2"></td> <td colspan="2"></td> <td colspan="2"></td> <td colspan="2">Versendet</td> </tr> </tbody> </table>												Versand		Rest-										Empfänger	Ausgang	Probe	Auftraggeber	Bemerkung						Status Versand		Van Haeringen, PW Wageningen, NL	18.11.2015	<input type="checkbox"/>	SUISAG Zuchtprogramm							Versendet	
Versand		Rest-																																													
Empfänger	Ausgang	Probe	Auftraggeber	Bemerkung						Status Versand																																					
Van Haeringen, PW Wageningen, NL	18.11.2015	<input type="checkbox"/>	SUISAG Zuchtprogramm							Versendet																																					
<table border="1"> <thead> <tr> <th colspan="2">Gentypisierung</th> <th colspan="2"></th> <th colspan="2"></th> <th colspan="2"></th> <th colspan="2"></th> <th colspan="2"></th> </tr> <tr> <th>angeforderte Typisierung</th> <th>angefordert am</th> <th>durch</th> <th>Labor-Nr.</th> <th colspan="2">Bemerkung</th> <th colspan="2"></th> <th colspan="2"></th> <th colspan="2">Status Typisierung</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>SD Chip Typisierung</td> <td>18.11.2015</td> <td>MEH</td> <td></td> <td colspan="2"></td> <td colspan="2"></td> <td colspan="2"></td> <td colspan="2">Pendent</td> </tr> </tbody> </table>												Gentypisierung												angeforderte Typisierung	angefordert am	durch	Labor-Nr.	Bemerkung						Status Typisierung		SD Chip Typisierung	18.11.2015	MEH								Pendent	
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

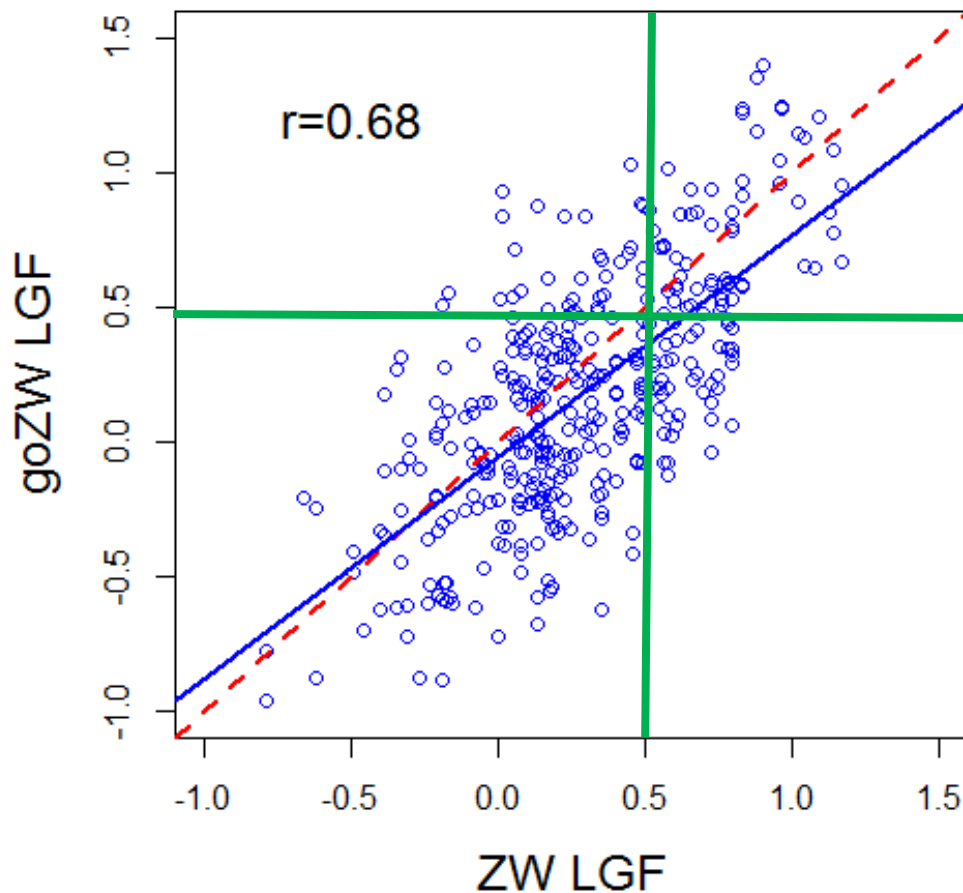


Ergebnisse letzte Validierung

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**

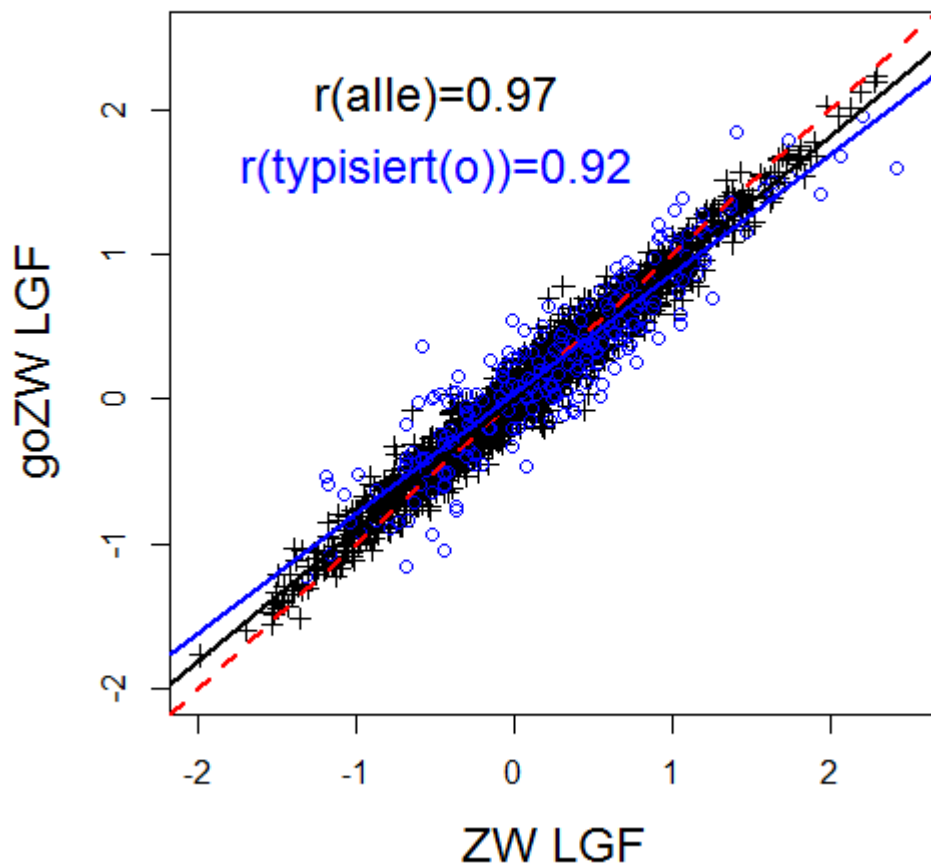
Vergleich goZW zu traditionellem ZW LGF von typisierten Jungebern



- ▶ 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



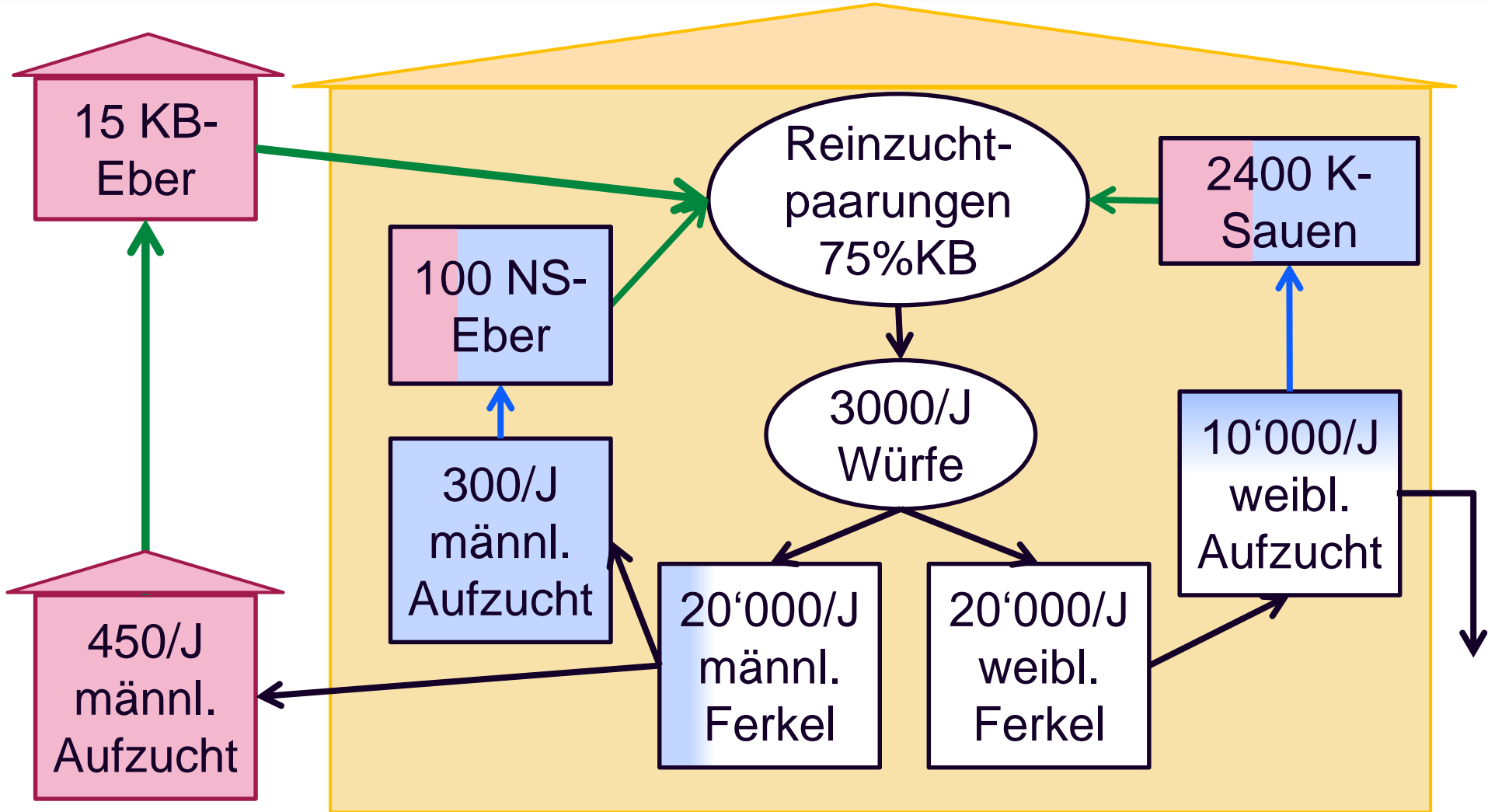
+ nicht typisiert

o typisiert

► Hohe Übereinstimmung

► Grössere Differenzen bei typisierten Sauen

Ausblick: Stärkere Nutzung beim ES





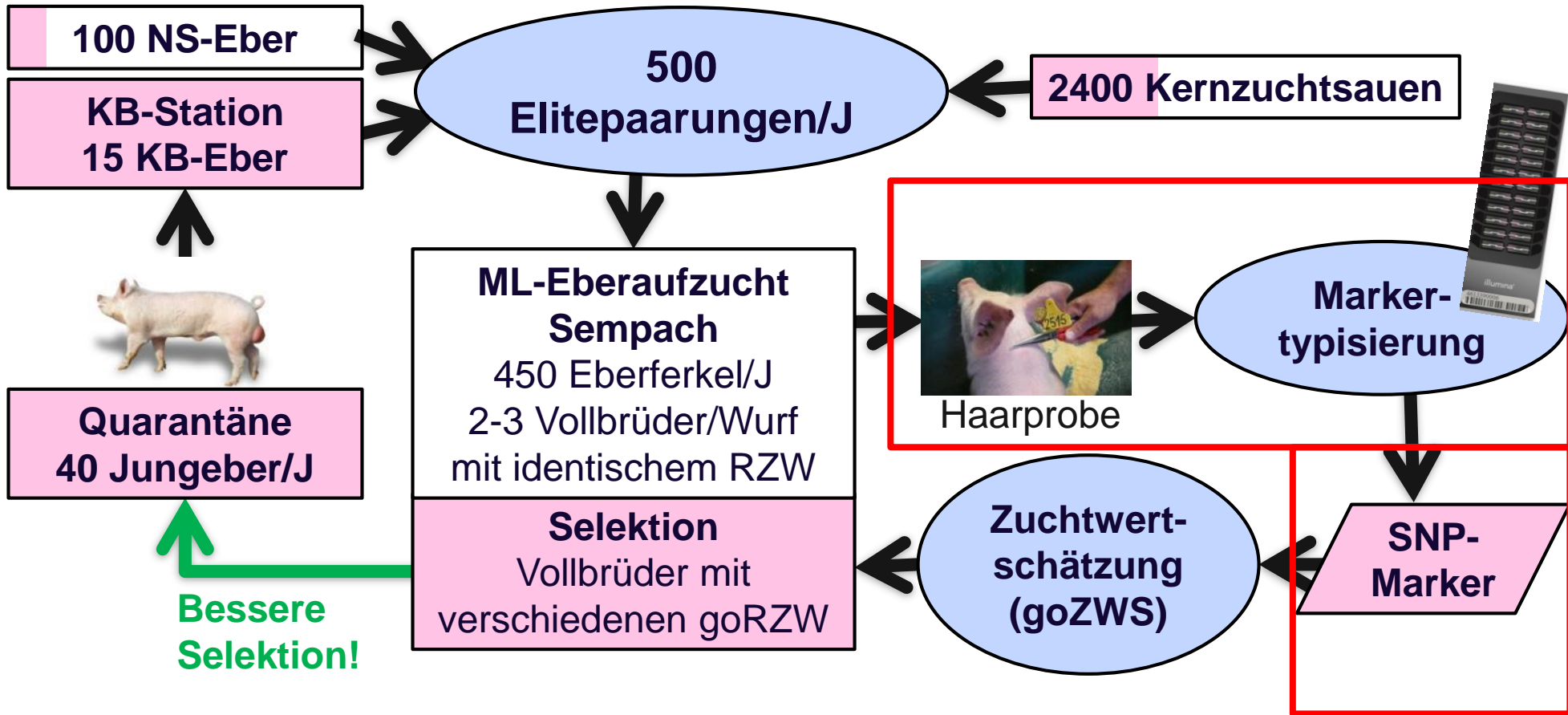
DIE BESTE WAHL



Vorstellung des DNA-Systems

Patrick Stratz
SUISAG

Zuchtprogramm für Large White Mutterlinie



Für 60'000 SNP-Marker typisierte Tiere



- ▶ 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 weibliche Tiere 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 Einstallung 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 betrachtet → SD-Versand der Referenzproben

Von welchen Tieren werden DNA-Proben genommen?

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

► 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

Probenart	Eingang	Lagerort	Status Probe
Haare	18.02.2019	Haarlager	Unplausiblistiert

Standort Probeentnahme	Entnommen	durch	Bemerkung
0000 34 Suisag MLP, 62		ZÜCHTER	

Versände mit Typisierung +

► Lagerung in Sempach



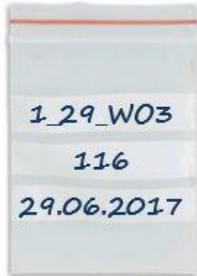


Wie werden Proben erfasst und gelagert?

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



Anleitung zum Haarprobenziehen



Probenbeutel beschriften

- ← TierID: Rasse_Nummer_Zeichen des Tiers
- ← Betrieb: Standortbetrieb des Tiers (Name oder Betriebsnr.)
- ← Datum: Tag der Probenziehung



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



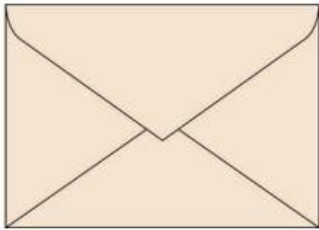
Mindestens 8 Mal mit einer Flachzange Haare ausreissen!
Ziel: mind. 80 Haare mit Haarwurzeln

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.



- 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)