

**Abteilung 9 – Tierische Erzeugung**

Am Park 3, 04886 Köllitsch

Internet: <http://www.smul.sachsen.de/lfulg>

Bearbeiter: Dr. Roland Klemm, Dr. Ralf Fischer; Dr. Uwe Bergfeld

E-Mail: [roland.klemm@smul.sachsen.de](mailto:roland.klemm@smul.sachsen.de)

Tel.: 034222 46 2100

Redaktionsschluss: 20.08.2010

## **Genomische Selektion in der Tierzucht ist praxisreif!**

Erstmals offizielle genomisch verbesserte Zuchtwerte für Milchrindbullen veröffentlicht!

### ***Fakten – Hintergründe - Rechtslage***

#### **Inhalt**

<b>0</b>	<b>Zusammenfassung</b>	<b>1</b>
<b>1</b>	<b>Einleitung</b>	<b>1</b>
<b>2</b>	<b>Grundlagen genomischer Selektion</b>	<b>2</b>
<b>3</b>	<b>Praktische Umsetzung in der Rinderzucht</b>	<b>3</b>
<b>4</b>	<b>Stand bei anderen Nutztierarten</b>	<b>4</b>
<b>5</b>	<b>Tierzuchtrechtliche Relevanz</b>	<b>6</b>

#### **Zusammenfassung**

Der alte Traum der Tierzüchter, den genetischen Wert eines Tieres direkt bestimmen zu können, beginnt mit den genomischen Zuchtwerten ein Stück wahr zu werden. Die in den letzten Jahren rasante biotechnologische Entwicklung der DNA Analytik ermöglicht es, quasi aus einer Blut- oder Spermaprobe, Zuchtwerte mit für die praktische Zuchtarbeit hinreichender Genauigkeit zu schätzen. Beginnend mit der Milchrindzucht, deren 1. offizielle genomische Zuchtwerte im August 2010 veröffentlicht wurden, wird dies auch für andere Tierarten Relevanz gewinnen. Die Nutzung genomischer Informationen eröffnet völlig neue Möglichkeiten zur Gestaltung der Zuchtprogramme. Gerade durch die Verkürzung des Generationsintervalles sind höhere Zuchtfortschritte zu erwarten. Auswirkungen wird es mit Sicherheit auch bei der Gestaltung der Prüfsysteme geben. Tierzuchtrechtliche Relevanz ergibt sich v.a. bezüglich der Verwendung des Samens von Milchrindbullen mit „nur“ genomischen Zuchtwerten.

## 1 Einleitung

Die Einführung der genomischen Selektion in die praktische Zuchtarbeit wird mit Begriffen wie „Quantensprung“ oder „Revolution“ bezeichnet, die selbstredend sind. In der Tat gehen die Experten davon aus, dass die Nutzung dieser biotechnologischen Erkenntnisse, vergleichbar mit der Einführung der Künstlichen Besamung in der 2. Hälfte des 20. Jahrhunderts, gravierende Veränderungen in der gesamten Tierzuchtpraxis nach sich ziehen werden. Beginnend mit der praktischen Einführung in der Rinderzucht im Jahr 2010 wird dies auch für andere Tierarten nach und nach praktische Relevanz erlangen.

Dem tierzüchterischen Grundanliegen, Kenntnisse der Erbanlagen von Zuchttieren möglichst früh, möglichst genau und möglichst kostengünstig zu erlangen, wird die Nutzung genomischer Zuchtwerte insbesondere durch den frühen Zeitpunkt (quasi kurz nach der Geburt, theoretisch auch schon während der Trächtigkeit) gerecht. Die rasante Entwicklung sogenannter SNP-Chips (siehe unten) ermöglicht es, einerseits die Technologie einzusetzen und andererseits durch die Vielzahl der Marker in Verbindung mit der seit einigen Jahren geleisteten Forschungsarbeit in der Tierzucht eine Genauigkeit von Zuchtwerten zu erreichen, die die praktische Einführung in der Milchrindzucht mit den daraus folgenden Veränderungen in Leistungsprüfung und Selektion ermöglicht.

Am 17. August 2010 wurden vom deutschen Rechenzentrum VIT erstmals offizielle genomische Zuchtwerte für deutsche Milchrindbullen der Rasse Holstein-Friesian veröffentlicht.<sup>1</sup> Daraus ergeben sich auch entsprechende Konsequenzen in Umsetzung des Tierzuchtrechtes.

## 2 Grundlagen genomischer Selektion

Die Verwertung genetischer Informationen auf molekularer Ebene, welche durch biotechnologische Verfahren in den letzten Jahrzehnten zunehmend ermöglicht wurde, griff die Tierzuchtforschung stets auf und begleitete damit die klassischen Methoden der Populationsgenetik. Zu nennen wären hier u.a. die Erfassung qualitäts- und quantitätsbeeinflussender Gene (Milchproteinvarianten), Diagnose von Erbfehlern, Identitätssicherung, Markergestützte Selektion oder Erfassung genetischer Distanzen zur Bewertung der Diversität von Populationen. Hierbei spielen aber immer einzelne kausale Genorte eine Rolle.

Der Hintergrund der genomischen Selektion besteht im Gegensatz dazu darin, dass gesamte Genom als Informationsquelle zu nutzen. Aus Kostengründen wird bisher allerdings nicht das gesamte Genom genotypisiert, man beschränkt sich auf einige 10.000 bis 100.000 genetische Marker. Diese SNP's (Single Nucleotide Polymorphisms) sind DNA-Varianten, die über alle Chromosomen über das gesamte Genom mehr oder weniger gleichmäßig verteilt sind. Der z.B. derzeit eingesetzte *BovineSNP50 Beadchip* der Firma Illumina<sup>2</sup> basiert auf 54.000 SNP's und gewährleistet damit eine genomweite Abdeckung. Inzwischen werden aber auch Chip's mit mehreren 100.000 SNP's, ähnlich der Humanforschung für Rinder offeriert, so der *BovineHD Genotyping BeadChip* von Illumina mit 777.000 SNP's.

---

<sup>1</sup> <http://www.vit.de/index.php?id=zuchtwertschaetzung>

<sup>2</sup> [http://www.illumina.com/services/genome\\_network.ilmn](http://www.illumina.com/services/genome_network.ilmn)

Voraussetzung für die Nutzung der genomischen Selektion ist zwar einerseits die Genotypisierung von Zuchttieren, die nach Entnahme einer Gewebe-, Blut- oder Spermaprobe und anschließender DNA-Isolation mittels genannter SNP Chip's und biotechnologischen Verfahren (Hochdurchsatztypisierung) erfolgt. Andererseits ist es aber notwendig, mittels statistisch – mathematischer Verfahren für jeden einzelnen SNP an einer Referenzpopulation den Einfluss jedes SNP-Allels auf die gewünschten Merkmale zu berechnen. Die Summe der Alleleffekte an allen SNP Orten über das gesamte Genom ergibt dann, vergleichbar mit der Berechnung herkömmlicher Zuchtwerte, das genetische Potential eines Tieres, geschätzt auf Basis dieser genomischen Informationen.

Neben den klassischen Pedigree- und leistungsbasierten Zuchtwerten stellt der auf geschätzten Markereffekten basierte genomische Zuchtwert damit eine völlig neue Informationsquelle dar. Es kommt quasi zu einer Entkopplung von Tier- und Leistungsinformation. Der aus Sicht des Zuchtfortschrittes größte Effekt entsteht durch die Verkürzung des Generationsintervalles. Für Tierarten mit langem Generationsintervall (Bullen sind 5-7 Jahre alt, wenn deren gesicherte töchtergeprüfte herkömmliche Zuchtwerte vorliegen) sind genomische Zuchtwerte daher besonders relevant, zumal auch ökonomische Vorteile durch den Wegfall der „unproduktiven„ Wartebullenhaltung entstehen.

Voraussetzung bleibt allerdings die hinreichende Genauigkeit genomischer Zuchtwerte. In der Holstein-Population ist die Entwicklung in den letzten Jahren soweit vorangeschritten, dass eine offizielle Einführung im August 2010 erfolgen konnte.

### **3 Praktische Umsetzung in der Rinderzucht**

Bereits seit einem Jahr stehen den Zuchtorganisationen genomische Zuchtwerte informell zur Verfügung. Die vor etwa 10 Jahren entwickelte Theorie von Prof. Meuwissen aus Norwegen ging zunächst davon aus, dass auf Basis von 1.000 sicher Nachkommen geprüfter und zusätzlich genomisch untersuchter Bullen (der sog. Lernstichprobe) die Beziehung zwischen Genmuster und Zuchtwert ausreichend genau abgeleitet werden kann. Inzwischen ist klar, dass selbst bei einer Lernstichprobe von > 10.000 Bullen die Schätzformel immer noch verbessert werden kann. Die im August 2010 erstmals offiziell veröffentlichten Zuchtwerte basieren auf einer Lernstichprobe in welcher im Rahmen des *EuroGenomics-Projektes* eine europäische Referenzpopulation von 16.000 Bullen zugrunde liegt. Entscheidend für die Qualität der genomischen Formeln ist neben der Größe der Lernstichprobe, gerade für funktionale Merkmale, die Sicherheit der Zuchtwerte der Lernstichproben-Bullen und wie gut die später zu schätzenden Tiere durch die Stichprobe repräsentiert werden. Von daher wird auch mittelfristig weiterhin parallel eine exakte Leistungserfassung (z.B. für Gesundheitsmerkmale) notwendig sein. Perspektivisch werden jedoch gerade für funktionale Merkmale größere Zuchtfortschritte bei Nutzung genomischer Zuchtwerte erwartet.

In der Tierzuchtwissenschaft sowie innerhalb der Zuchtorganisationen werden seit längerem Fragen des Potenzials der genomischen Selektion im Hinblick auf den Zuchtfortschritt und die praktische Umsetzung in den Zuchtprogrammen (z.B. Testbullen-, Bullenmütter- und Bullenväterselektion) diskutiert. Dieser Prozess wird sich durch die fortschreitende Entwicklung in der Qualität der genomischen Zuchtwerte, weiterer Kostensenkung und zunehmender Rechtssicherheit beschleunigen und zur praktischen Umsetzung führen.

Mit der August-Schätzung 2010 durch die nationale Zuchtwertschätzstelle beim VIT in Verden wurden sog. genomisch verbesserte Zuchtwerte (gZW) erstmals als offizielle Zuchtwerte für HF Schwarzbunt und HF Rotbunt veröffentlicht. Hierbei handelt es sich nicht nur um den direkten genomischen Zuchtwert (ausschließlich aus Markerinformationen), sondern um einen kombinierten Zuchtwert. Neben den genomischen Informationen gehen die klassischen Pedigreeinformationen sowie schon vorhandene Töchterleistungen mit ein. Ein wesentliches Kriterium für die Güte der geschätzten Zuchtwerte ist die sog. Sicherheit, ein Maß für die erwartete Schwankung des geschätzten Zuchtwertes. Die Sicherheiten der deutschen gZW sind realisierte Sicherheiten (d.h. direkt an Bullen mit konventionellen ZW überprüft) und sind nach derzeitigem Wissensstand nicht überschätzt. Im Relativzuchtwert Milch werden Sicherheiten bis 75% erreicht, welches der Sicherheit eines konventionellen Zuchtwertes, geprüft an 50 Töchterleistungen, entspricht.

Im August 2010 wurden in Deutschland daher erstmals 2 Toplisten veröffentlicht.

1.) *Bullenliste mit „töchter-basierten“ Zuchtwerten*: In die „töchter-basierte“ Liste kommen nur Bullen, die bereits ausreichend Töchterinformationen für Milch/Zellzahl und Exterieur und damit einen Gesamtzuchtwert RZG in der klassischen Zuchtwertschätzung haben.

2) *Bullenliste „nur genomisch“ geprüft*: Die „nur genomische“ Liste enthält Bullen ganz ohne Töchterinformationen und solche mit ersten, wenigen Töchterinformationen. Bei Bullen ohne Töchterinformationen ist der klassische Teil im genomisch verbesserten Zuchtwert der väterliche Pedigree-Index. Die „nur genomische“ Liste enthält alle jüngeren KB-Bullen mit ihren gZW, die bereits eingesetzt wurden oder werden sollen. Sie umfasst also aktuell auch die Wartebullen noch ohne Töchter in Milch (seinerzeit als Testbullen eingesetzt).

#### International:

Vom 31. Mai bis 4. Juni 2010 fand in Riga, Lettland eine gemeinsame Tagung von ICAR und Interbull<sup>3</sup> mit ca. 370 Teilnehmern aus mehr als 40 Ländern statt. Die Schwerpunkte der Interbull Tagung mit ca. 150 Teilnehmern lagen in der Einführung der genomischen Zuchtwertschätzung aber auch in der Verfeinerung von nationalen und internationalen Zuchtwertschätzverfahren. Um genomische Zuchtwerte international vergleichbar zu machen, sind noch weitere Schritte (Validierung der Zuchtwerte) notwendig. Interbull hat einen Stufenplan entwickelt, wie genomische Zuchtwertschätzsysteme eine Qualitätssicherung durchlaufen können.

Eine offizielle Verwendung genomischer Zuchtwertung erfolgt nach Anerkennung der Schätzstelle durch ICAR/Interbull. Dies ist für Deutschland und andere Länder mittlerweile erfolgt. Weitere Zuchtwertschätzstellen werden diese Validierung durchlaufen. Damit steht dann der weltweiten Vermarktung von Sperma solcher Bullen nichts mehr im Wege (tierzuchtrechtliche Konsequenzen siehe Punkt 5). Eine andere Frage ist die gemeinsame Verrechnung der genomischen Zuchtwerte. Nach Klärung weiterer methodischer Fragen werden wahrscheinlich im Jahr 2011 auch internationale Toplisten mit genomischen Zuchtwerten vorliegen.

---

<sup>3</sup> ICAR= Internationales Komitee für Leistungsprüfungen in der Tierproduktion mit Sitz in Rom <http://www.icar.org/>; Interbull= Unterorganisation von ICAR mit Sitz in Uppsala, <http://www.interbull.org/>

Zusammenfassend kann eingeschätzt werden, dass die genomische Selektion ein hohes Potential besitzt, welches vielversprechend für die Etablierung innovativer Zuchtverfahren ist. Es wird in kurzer Zeit zu einer Optimierung der Leistungsprüfsysteme kommen. Aufgabe der Zuchtorganisationen wird es sein, die durch wissenschaftlichen Vorlauf erarbeiteten Strategien umzusetzen und die Akzeptanz der Züchterschaft zu gewinnen.

#### **4 Stand bei anderen Nutztierarten**

Die aufgezeigten, z.T. rasanten Entwicklungen in der Analytik, verbunden mit sinkenden Kosten werden dazu führen, dass auch bei anderen Nutztierarten die genomische Selektion Einzug in die Zuchtarbeit halten wird. Aufgrund der wirtschaftlichen Bedeutung wird dies am ehesten für die Schweinezucht gelten (s.u.).

Auch in der Legehennen- und Broilerzucht werden inzwischen firmeneigene SNP-Chips zum Einsatz gebracht. Der praktische Nutzen konnte aber bisher noch nicht in kommerziellen Geflügelzuchtprogrammen nachgewiesen werden. Es ist bereits jetzt offensichtlich, dass den steigenden Kosten unmittelbar keine Einsparungen in der Leistungsprüfung gegenübergestellt werden können. Erste praktische Ergebnisse werden für 2010 erwartet. Es wird eine Verkürzung des Generationsintervalls und eine Selektion innerhalb männlicher Vollgeschwistergruppen bei geschlechtsbegrenzter Leistungsprüfung angestrebt. Ergänzend werden anhand von Fall-Kontroll-Studien Tiere mit extremen Abweichungen im Phänotyp als Grundlage für die Etablierung von SNP-Markern zur Selektion auf bessere Vitalität herangezogen<sup>4</sup>.

Im Bereich der Pferdezucht wird zwar die Nutzung genomischer Information auf Grundlage des sequenzierten Genoms weiter an Bedeutung gewinnen, eine genomische Selektion ähnlich der Rinderzucht dürfte auch mittelfristig nicht relevant sein.

Das gleiche dürfte für die Schafzucht, zumindest in Mitteleuropa, gelten. Andererseits liegt aber für Schafe ein SNP Chip mit 54.000 SNP's vor, welcher maßgeblich in Australien und Neuseeland mit der Firma Illumina entwickelt wurde. Dieser *OvineSNP50 Genotyping Bead Chip* soll nach Aussage des Herstellers für die Mehrzahl der weltweit bedeutenden Schafrassen anwendbar sein.

#### Schweinezucht:

Ein Grund für die Etablierung dieses Verfahrens aus ökonomischer Sicht ist v.a. der „Einzelwert“ des Tieres und dessen Vermehrungspotentials. Dies ist beim Rind (Wert des Bullen, Tiefgefriersperma welches 100.000fach weltweit vermarktet werden kann) ungleich anders als beim Schwein. Da aber abzusehen ist, dass die Genotypisierungen pro Tier zukünftig preiswerter werden, wird sich diese Technik in Zukunft auch beim Schwein lohnen.

Nach BUSKE UND GENGLER (2009)<sup>5</sup> ist die genomische Charakterisierung der Tiere in der praktischen Schweinezucht aus mehreren Gründen interessant:

- Zuchtsauenbetriebe könnten alle weiblichen Nachkommen genotypisieren lassen, und aufgrund der Ergebnisse entscheiden, welche Sau für die Zucht in Frage kommt. Besonders interessant ist die Auswahl von Zuchtebermüttern.

<sup>4</sup> Zitat aus Züchtungskunde Band 82, Heft 4 (2010)

<sup>5</sup> Schweinezucht aktuell 35 (2009), 28ff., Zeitschrift des Mitteldeutschen Schweinezuchtverbandes e.V.

- Ebenso könnten männliche Nachkommen von Zuchtebermutter und Zuchtebervater genotypisiert werden, um sofort entscheiden zu können, welcher „Kandidat“ am besten für die Weiterzucht geeignet ist.

Wie beim Rind läuft es auch in der Schweinezucht darauf hinaus, den Zuchtfortschritt durch Verminderung der Wartezeit und der Reduzierung von kostspieligen Anpaarungen zu beschleunigen.

Nach Ansicht dieser Autoren besteht aber noch erheblicher Forschungsbedarf bis zur Implementierung der genomischen Selektion. So ist zum Beispiel noch nicht geklärt, mit welcher mathematischen Methode jeder einzelne SNP Effekt geschätzt werden soll, wenn man davon ausgeht, dass einige 10.000 SNP Effekte an Referenzpopulationen, die, besonders beim Schwein nur aus vergleichsweise wenigen Tieren bestehen, bestimmt werden müssen. Schwierig könnte auch werden, einen zunächst kombinierten Zuchtwert aus genomischen und Pedigreedaten zu entwickeln. Eine weitere Frage ist die der Referenzpopulation, an der die SNP Effekte bestimmt werden sollen. Die bisherige Situation beim Rind hat gezeigt, dass der Vorteil der genomischen Selektion bei den Rassen nicht gleich groß ist. Rassen, die aus vergleichsweise weniger Individuen bestehen, profitieren weniger. Es ist davon auszugehen, dass dies beim Schwein nicht anders ist.

Nichts desto trotz ist die Einführung der genomischen Selektion auch beim Schwein vielversprechend, Es wird vor allem auch darauf ankommen, ob die genomische Selektion profitabel ist und ob Schweinezüchter bereit sind, genomischen Informationen zu vertrauen und altes, traditionelles Denken über Bord zu werfen.

Innerhalb der Reihe **Köllitscher Fachgespräche wird am 8.12.2010** diese Thematik aufgegriffen und von Experten diskutiert. Dabei werden auch erste Ergebnisse eines Forschungsvorhabens des LfULG vorgestellt. Grundlage dieses in Zusammenarbeit mit der Humboldt-Universität zu Berlin realisierten Vorhabens waren Landrasseeber der Prüfstation in Köllitsch, welche mit dem *PorcinenSNP60 Bead Chip* der Firma Illumina genotypisiert wurden.

## **5 Tierzuchtrechtliche Relevanz**

Tierzuchtrechtliche Relevanz hat die genomische Selektion momentan ausschließlich in der Milchrindzucht. Für den Einsatz und die Vermarktung von Bullensperma gilt § 13 (3) Satz 2 des Tierzuchtgesetzes vom 21.12.2006 (TierZG).

*(3) Der Samen muss, vorbehaltlich besonderer Bestimmungen, a) von einem Zuchttier stammen, das einer Leistungsprüfung und einer Zuchtwertschätzung unterzogen worden ist, die den Anforderungen der in Anlage 3 Spalten 2 und 3 genannten Rechtsakte der Europäischen Gemeinschaft entspricht, oder b) zur Verwendung im Rahmen eines Prüfeinsatzes bestimmt ist.*

In der unter a) genannten EU-Richtlinie vom 20.6.2006 über Methoden der Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung bei reinrassigen Rindern heißt es in Abschnitt III, Punkt 2 a).

*Die Sicherheit der Zuchtwertschätzung von KB-Bullen der Milchrassen muss bei den Hauptleistungsmerkmalen gemäß den vom ICAR IKLT anerkannten Grundsätzen und unter Einbeziehung aller Verwandten Informatiken **mindestens 0,5 betragen.***

Diese Forderung ist erfüllt und war die Voraussetzung für die offizielle Veröffentlichung der Zuchtwerte.

Weiterhin war zu klären, inwieweit die Genotypisierung und die Ermittlung genomischer Zuchtwerte eine Form der Leistungsprüfung bzw. Zuchtwertschätzung im Sinne dieses § sind. Nach § 2 Punkt 7 (Begriffsdefinition Leistungsprüfung) des „Neuen“ Tierzuchtgesetzes ist dies gegeben. Zu beachten ist aber, dass bezüglich der Durchführung von Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung nach § 7 TierZG bis 31.12.2013 Übergangsbestimmungen nach § 22 für diejenigen Zuchtorganisationen gelten, die keine Neuankennung nach TierZG vom Dezember 2006 haben. Für diese gilt bezüglich Durchführung von Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung weiterhin das TierzG alter Fassung.<sup>6</sup>

Nach Auffassung des BMELV steht jedoch die „*genomische Selektion*“ – also die genomische Leistungsprüfung **und** die genomische Zuchtwertschätzung – mit diesen Bestimmungen des TierZG a.F. nicht im Widerspruch, da es als Weiterentwicklung der Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung ausgelegt werden kann. Die zuständige Behörde kann also nach § 4 Abs. 3 des TierZG a.F. die Ergebnisse aus der genomischen Zuchtwertschätzung als „Ergebnisse anderer Prüfungen“ für die „Zuchtwertfeststellung“ zugrunde legen.

In beiden Fällen gilt, dass die verlangte Sicherstellung der objektiven und sachgerechten Ermittlung dieser Ergebnisse durch das angewandte Prüfverfahren erst mit der Akkreditierung der jeweiligen Rechenstelle durch ICAR gegeben ist. Dies erfolgte am 9.8.2010. Eine Liste aller akkreditierten Rechenstellen findet sich auf der Internetseite von Interbull<sup>7</sup>.

Entsprechend den Maßgaben zur Veröffentlichung von genomischen Zuchtwerte gelten damit die jetzt erstmals offiziell veröffentlichten Zuchtwerte als voll gültig im Sinne des TierZG. Da ab sofort für alle relevanten Jungbullen genomische Zuchtwerte vorliegen werden, entfällt damit defacto der im Tierzuchtgesetz und Folgeverordnungen geregelte Prüfeinsatz und damit die Maßgaben des § 9 (Prüfeinsatz) der Samenverordnung (SamEnV) vom 14.10.2008.

Insofern Samen von Spendertieren (mit „nur“ genomischen Zuchtwerten) aus anderen Staaten abgegeben bzw. eingesetzt wird, ist dies mit dem TierZG konform, wenn es sich um Bullen mit einem genomischen Zuchtwert handelt, der von einer von Interbull anerkannten Rechenstelle (s.o.) ermittelt wurde.

#### **weiter verwendete, nicht speziell zitierte Literatur:**

ADR Ausschuss Zuchtwertschätzung, Dezember 2009 Kassel: Niederschriften und Präsentationen, unveröffentlicht

Rensing, Stefan: Genomische Zuchtwerte bald offiziell, Milchrind 2/2010, 16ff.

---

<sup>6</sup> Detailfragen zur Neuankennung und damit verbunden die Aufnahme der genomischen Selektion in die Zuchtbuchordnung soll hier nicht im Detail erörtert werden, das Ref. Tierzucht des LfULG gibt darüber auf Anfrage Auskunft

<sup>7</sup> [http://www.interbull.org/index.php?option=com\\_content&view=article&id=80&Itemid=114](http://www.interbull.org/index.php?option=com_content&view=article&id=80&Itemid=114)

Thaller, Georg: Genomische Selektion – Revolution in der Tierzucht, Vortrag am 29.10.2009 anlässlich 11. Jahrestagung Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft, Präsentation im Internetangebot der TLL

div. Schreiben des vit und BMELV, unveröffentlicht

Tierzuchtgesetz und Folgeverordnungen