



Funktionelle Genomanalyse im tierischen Organismus – FUGATO

## Gen-Marker helfen Tierzüchtern

BMBF fördert die Unterstützung der klassischen Tierzucht durch molekularbiologische Forschungsmethoden

Die klassische Tierzucht erfordert bekanntermaßen Zeit, viel Zeit: Um zu wissen, welches Potential in einer neuen Rasse steckt, sind Jahre der Aufzucht und Vermehrung nötig. Nicht selten müssen die Tierzüchter am Ende allerdings feststellen, dass sie auch unerwünschte Eigenschaften – etwa Anfälligkeit gegen bestimmte Krankheiten – mitgezüchtet haben.

Das kann sich nun ändern, denn die Methoden der modernen Genomforschung ermöglichen inzwischen den unmittelbaren Blick auf die Genome der Lebewesen, ihren „Bauplänen“. Per Gentest werden Züchter damit künftig rasch erbkrankte Tiere erkennen, von der Zucht ausschließen und Träger besonders wertvoller Gene finden können.

Bemerkenswert ist die Kombination der modernen Methoden mit der konventionellen Züchtung. Gentests werden die Züchtung zwar grundlegend verändern. Doch es werden keine durch direkte Gentechnologie veränderte, so genannte transgene Tiere geschaffen. Genomanalyse und Molekularbiologie werden vielmehr die Erkenntnisse der bisherigen Nutztier-Züchtung ergänzen durch Informationen, die den Züchtern bislang verschlossen waren.

Nach der Analyse der Genome von Mensch, Pflanzen und Mikroorganismen entwickelt sich die Genomanalyse bei



Nutztieren zu einem wichtigen Forschungsgebiet. Weltweit werden erhebliche staatliche und private Mittel dafür aufgebracht. Der Entschlüsselung einzelner Abschnitte der Tier-Genome folgen dabei Arbeiten zur Aufklärung von Struktur und Funktion wirtschaftlich interessanter Gene.

Die neuen Forschungen dienen über wissenschaftlichen und wirtschaftlichen Interessen hinaus aber auch dem Wohl und der Gesundheit der Tiere. Allein beim Schwein werden

*Fortsetzung auf Seite 2*

# BIOTECHNOLOGIE

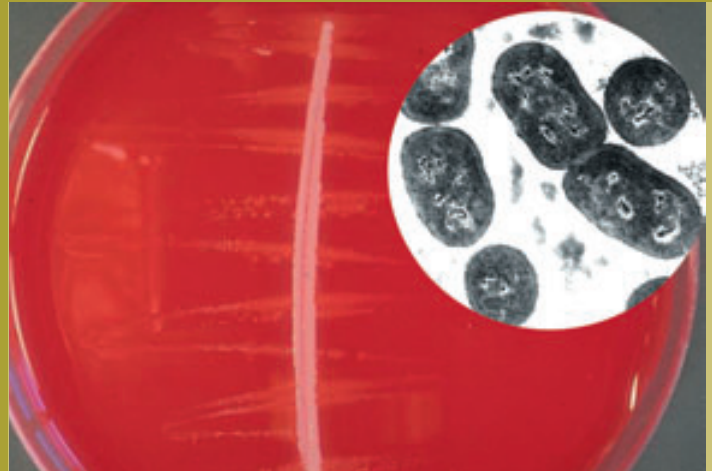
Fortsetzung von Seite 1

die durch genetisch bedingte Erkrankungen weltweit auftretenden Verluste auf 30 Millionen Euro geschätzt.

Um die deutsche Forschung und Wirtschaft im internationalen Wettbewerb auf diesem Gebiet zu unterstützen, hat das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) Anfang 2004 deshalb die Förderung der „Funktionellen Genomanalyse im Tierischen Organismus – FUGATO“ bekannt gegeben. Diese Initiative wird mitgetragen vom Industrieverbund FUGATO e.V. (IVF), dem 33 Verbände und Unternehmen angehören, sowie dem Förderverein Biotechnologieforschung e. V. (FBF).

Die FUGATO-Forscher können an die Erkenntnisse des Nationalen Genomforschungsnetzes NGFN anknüpfen und insbesondere deren Gen-Datenbanken zur Suche und Identifizierung vergleichbarer Nutztier-Gene nutzen, da sich die Gene von Mensch und Säugetier nur wenig unterscheiden. Sie schließen zugleich eine Lücke in der deutschen Genomforschung.

FUGATO wird vom BMBF in einer ersten Förderphase (2005 bis 2008) mit 5,6 Millionen Euro gefördert. Die Wirtschaft beteiligt sich an den Gesamtkosten mit 2,4 Millionen Euro, wobei sie nicht nur Finanzmittel sondern auch für die Forschungsarbeiten benötigtes Proben- und Datenmaterial zur Verfügung stellt. Für die vom Projektträger Jülich (PtJ) fachlich und administrativ begleitete BMBF-Fördermaßnahme ist eine Laufzeit von acht Jahren vorgesehen. □



Züchtung des Erregers *Actinobacillus pleuropneumoniae* (kleiner Ausschnitt) in einer Nährkultur.

**G**leicher Hof, gleicher Stall, gleiches Futter: Dennoch bekommt manche Kuh über Jahre regelmäßig Kälber, während die Nachbarin seltener Nachwuchs hat. Bei Rindern sterben mehr als 40 Prozent der Embryos zwischen dem achten und 17. Tag der Trächtigkeit. Diese hohe Mortalitätsrate verursacht große ökonomische Verluste.

## Signale Embryo-Mutter

Warum das so ist, ist ein Rätsel, das den Züchtern bis heute zu schaffen macht. Weder sieht man es den Tieren an, noch hilft ein einfacher Blick auf die Chromosomen. Die Lösung lautet vielmehr „embryo-maternale Kommunikation“ – der wechselseitige Austausch von Signalen zwischen Embryo und Muttertier. Diese

**D**ie Qualität tierischer Produkte, d.h. Verarbeitbarkeit, Geschmack oder Nährwert werden wesentlich durch die Quantität und Qualität von Fetten beeinflusst. In Ländern mit einem hohen Fleisch- und Milchverzehr ist z.B. die Fettsäurezusammensetzung der tierischen Produkte sogar ein öffentlicher Gesundheitsaspekt. Im aktuellen Spannungsfeld zwischen „guten“ und „schlechten“ tierischen Fetten müssen sich Tierzüchter und Ernährungsforscher neuen Herausforderungen stellen.

Dies tun Wissenschaftler im Verbundprojekt *QuaLIPID*: Hier geht es um die Qualität von Lipiden, also Fetten – genauer: tierischen Fetten. Ebenso wie der Kohlehydrat- oder Eiweißstoffwechsel wird der Fettstoffwechsel durch Tausende von Genen gesteuert und beeinflusst. In dem *QuaLIPID*-Projekt werden nun u. a. mit Methoden der Bioinformatik in Gen-Datenbanken Gene identifiziert,

\*) ausführliche Bezeichnungen der Verbundprojekte auf der letzten Seite

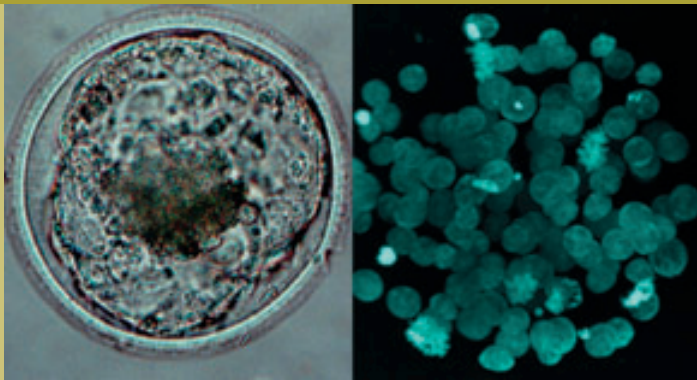
# BMBF-Förderaktivität FUGATO: Aus der Forschung

**A**temwegsinfektionen bei Nutztieren sind nicht nur für die Tiere belastend, sie stellen auch ein ernstes ökonomisches Problem dar. Allein die Schweineproduzenten investieren jedes Jahr über eine Milliarde Euro in die Kontrolle dieser Infektionen in erster Linie durch Behandlung mit Antibiotika und Impfung des Bestands. Die Züchtung widerstandsfähiger Tiere wird

## Gegen den Schweinehusten

bislang nach äußeren Merkmale bzw. dem Verhalten (nach dem Phänotyp) vorgenommen. Eine genetische Auswahl (nach dem Genotyp) wird bis heute nicht durchgeführt. Dabei sind immerhin etwa 500 von rund 30.000 Genen eines Säugetiergenoms im engeren Sinne an der Immunreaktion gegen Infektionen beteiligt. Im Rahmen des Verbundprojekts IRAS \*) suchen nun For-

scher gezielt nach Genen, die die Tiere anfällig bzw. unempfindlich gegen Atemwegsinfektionen machen. Dazu werden Versuchstiere zunächst mit dem Erreger *Actinobacillus pleuropneumoniae* infiziert, so dass sie für wenige Tage leicht erkranken, und genau beobachtet. Daraus ergibt sich der Phänotyp. Zusätzlich wird im Verlauf der Erkrankung zu unterschiedlichen Zeitpunkten das Genexpressionsmuster der infizierten Tiere ermittelt und schließlich nach Zusammenhängen zwischen Phänotyp und korrelierender Genexpression gesucht. Das lässt Rückschlüsse auf Gene zu, die mit besonders schwerer oder nur auffällig leichter Erkrankung in Verbindung zu bringen sind. Finden sich solche Korrelationen, kann dies genutzt werden, um in der Zucht gezielt zu selektieren. Künftig werden also Gentests wertvolle Informationen liefern, um besonders widerstandsfähige Tiere zu züchten und andere erst gar nicht zu vermehren.



*Rinderblastozyste in verschiedenen Aufnahmetechniken. Eine Blastozyste ist ein werdender Säuger-Organismus in einem frühen Entwicklungsstadium, etwa acht Tage nach der Befruchtung. Es ist dies ein aus 100 bis 150 Zellen bestehender Embryo.*

Verständigung indes hat wieder eine genetische Grundlage.

Grund genug für die FUGATO-Forscher, im Rahmen des Projekts „Fertilink“ \*) die betreffenden Gene ausfindig zu machen, also jene, die durch die Anwesenheit eines Embryos in der Gebärmutter an- bzw. abgeschaltet werden. Ferner wollen die Forscher herausfinden, wie sich die Genaktivitäten unter den wechselnden Hormoneinwirkungen während des Zyklus verändern.

Ziel ist es, die entscheidenden Fruchtbarkeitsgene zu identifizieren und Arrays oder Biochips zu entwickeln, die für die Differentialdiagnostik von Fertilitätsproblemen genutzt werden können. Damit könnte die Häufigkeit von Fehl- und Schweregeburten deutlich reduziert werden. Die Züchter wüssten von vornherein, woran sie mit einer Kuh sind.

die an der Fettbildung bei Schweinen und Rindern beteiligt sind und untersucht, welche Rolle sie dabei spielen. Ziel ist der Vergleich entsprechender Daten von gezüchteten Tieren und die Identifizierung jener Individuen, die über besondere Gene verfügen. Dabei sind solche Genotype gefragt, die für eine bestimmte Produktqualität relevant sind. Bullen z. B. stellen einen

## Gene und Fette

Rinder-Genotyp dar, der das Fett im Fleisch positioniert und nicht als (unerwünschte) Fettschicht außen anlegt.

Derartige Untersuchungen sind die Basis für die Entwicklung diagnostischer Tests zur künftigen Optimierung der Tierzucht und -ernährung, und so letztlich der Nahrungsmittelqualität für den Verbraucher.



*Holstein Friesian Bulle. Bullen sind bezüglich ihres Körperfetts ein besonders interessanter Genotyp.*

# BIOTECHNOLOGIE

## Funktionelle Genomanalyse im tierischen Organismus – FUGATO

### Die sechs Verbundprojekte

Die Verbundprojekte werden vom BMBF im Rahmen von FUGATO gefördert und befassen sich mit den Tierarten Rind, Schwein und Huhn. Sie bilden ein Netzwerk der führenden akademischen Institute unter Beteiligung der Wirtschaft. Forschungsschwerpunkte sind Tiergesundheit sowie Produktqualität und dienen dem Tierschutz wie dem Verbraucher.

#### **E. coli-Chick**

**Wirt-Erreger-Interaktion der E. coli-Resistenz beim Geflügel und seine Anwendung in Zuchtprogrammen**

Koordination: Prof. Dr. Rudolf Preisinger, Lohmann Tierzucht GmbH, Cuxhaven

#### **Fertilink**

**Funktionale Genomforschung zur Verbesserung der Fruchtbarkeit von Nutztieren**

Koordination: Prof. Dr. Eckhard Wolf, Institut für Molekulare Tierzucht und Biotechnologie, LMU München

#### **IRAS**

**Entwicklung von genetischen Markern zur Infektabwehr und Resistenz im Atemtrakt des Schweins**

Koordination: Prof. Dr. Gerald-F. Gerlach, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

#### **M.A.S.-Net**

**Funktionale Analyse der genetischen Mechanismen, welche die Variabilität der Erregerabwehr in der Milchdrüse des Rindes determinieren**

Koordination: Prof. Dr. Manfred Schwerin, Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere (FBN), Dummerstorf

#### **QualIPID**

**Funktionelle Untersuchung von Genen des Lipidstoffwechsels bei Rind und Schwein zur Identifizierung von produktqualitätsrelevanter DNA-Variation**

Koordination: Prof. Dr. Hans-Rudolf Fries, Lehrstuhl für Tierzucht, Technische Universität München

#### **HeDiPig**

**Identifizierung der ursächlich an Erbdefekten beteiligten Gene beim Schwein durch Integration struktureller und funktioneller Genomik**

Koordination: PD Dr. Klaus Wimmers, Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere (FBN), Dummerstorf

Aktuelle Telefonnummern usw. siehe im Internet unter [www.fugato-forschung.de](http://www.fugato-forschung.de)

### KONTAKTADRESSEN

Forschungszentrum Jülich GmbH  
Projekträger Jülich (PtJ)  
52425 Jülich  
Dr. Georg Ostermann  
Tel: 02461-61-1479  
[g.ostermann@fz-juelich.de](mailto:g.ostermann@fz-juelich.de)

Industrieverbund FUGATO e.V. (IVF)  
Adenauerallee 174, 53113 Bonn  
Tel. 0228-91447-40  
[info@fugato-forschung.de](mailto:info@fugato-forschung.de)

FUGATO-Sekretariat:  
Adenauerallee 174, 53113 Bonn  
Dr. Kirsten Sanders  
Tel. 0228-91447-54  
[ksanders@fugato-sekretariat.de](mailto:ksanders@fugato-sekretariat.de)

Internet: [www.fz-juelich.de/ptj/Fugato](http://www.fz-juelich.de/ptj/Fugato)  
[www.fugato-forschung.de](http://www.fugato-forschung.de)

Rahmenprogramm Biotechnologie -  
Chancen nutzen und gestalten:  
[www.bmbf.de/pub/rahmenprogramm\\_biotechnologie.pdf](http://www.bmbf.de/pub/rahmenprogramm_biotechnologie.pdf)



### I M P R E S S U M

#### Herausgeber:

Forschungszentrum Jülich GmbH  
Projekträger Jülich (PtJ)  
PtJ-Außenstelle Berlin  
Wallstraße 18  
10179 Berlin

Telefon: 0 30/2 01 99-4 31  
Telefax: 0 30/2 01 99-4 70  
E-Mail: [beo11.beo@fz-juelich.de](mailto:beo11.beo@fz-juelich.de)  
Info: [www.fz-juelich.de/ptj](http://www.fz-juelich.de/ptj)

#### Redaktion:

Dr. Michael Ochel (PtJ)

#### Fotos:

Vereinigung ökol. Landbau e.V (Gää), VIB, Agro Concept, Stift. Tierärztl. Hochschule Hannover, Universität München, Deutscher Holstein Verband (DHV), Archiv, Fotomontage: PtJ

#### Lithografie und Druck:

Forschungszentrum Jülich GmbH  
Grafische Medien

#### Stand: Februar 2006

Gedruckt auf Recyclingpapier

Dieses Infoblatt wird kostenlos abgegeben und ist nicht zum Verkauf bestimmt.

