

GENOMISCHE SELEKTION, DEMNÄCHST AUCH IN DER PFERDEZUCHT?

Dr. Reinhard Reents
vit Verden, Heideweg 1, 27383 Verden

DAS THEMA GENOMISCHE SELEKTION STAND IN DIESEM JAHR BEI EINIGEN ZÜCHTERVERSAMMLUNGEN AUF DER TAGESORDNUNG UND WURDE IN MEHREREN FACHARTIKELN BELEUCHTET

Neue Erkenntnisse in der Erforschung des Genoms erlauben es heute, die Vererbung von Eigenschaften besser zu verstehen und daraus systematisch züchterischen Nutzen in der Selektion zu ziehen – das soll im Nachgang illustriert werden. Abschließend soll die Frage beantwortet werden, was man in der praktischen Pferdezucht von dieser Methodik erwarten kann.

EINIGE GRUNDLAGEN

Seit vielen Jahrzehnten wissen wir, dass das Erbmateriale (oft auch Genom genannt) im Zellkern auf den Chromosomen vorliegt. Ein Chromosom kann man sich am einfachsten als eine gedrehte Strickleiter vorstellen. Darauf finden sich in unregelmäßigen Abständen dann Abschnitte, die die genetischen Unterschiede zwischen einzelnen Tieren verursachen (Abbildung 1). Seit einigen Jahren gibt es technische Verfahren, die automatisiert und innerhalb kürzester Zeit die Bestimmung von den züchterisch interessanten Regionen ermöglichen.

Dieses Verfahren bezeichnet man auch als SNP Genotypisierung. Damit ist dann die Basis gelegt, mit diesen neuen Informationen auch züchterisch zu arbeiten und in der sogenannten **Genomischen Selektion** zu nutzen. Hiermit wollen wir die technischen Aspekte auch schon verlassen und uns mit der praktischen Nutzung in der Selektion auseinandersetzen.

EINIGE ALTE ZÜCHTERWEISHEITEN:

- 1. OHNE EINEN DURCHGEZÜCHTETEN STUTENSTAMM KEIN ERFOLG**
- 2. HENGST XY MACHT EINZELNE GUTE NACHKOMMEN, STREUT ABER ENORM**
- 3. PASSERPAARUNGEN ERSPAREN VIEL LEHRGELD (D AUF W BLUT RAT ICH DIR...).**

STECKBRIEF



Dr. Reinhard Reents ist als Leiter des vit in Verden beruflich intensiv mit der Züchtung von Rindern und Pferden befasst.

Er vertritt z.B. die gesamte deutsche Rinderzucht im Vorstand von Interbull, dessen Vorsitzender er ist.

Privat betreibt er seit vielen Jahren eine kleine Pferdezucht, die z.B. den HLP Sieger Don Index hervorgebracht hat. Insofern kann er unmittelbar Theorie und Praxis verknüpfen.

Erfahrene Züchter wissen, dass diese Aussagen generell zutreffen, bei der einzelnen jungen Stute oder jungem Hengst ist man sich aber naturgemäß unsicher, ob diese dann die außergewöhnlich guten Nachkommen bringen, auf die wir Pferdezüchter alle hoffen.

WAS KANN UNS WEITERHELFFEN?

In *Abbildung 2a* ist schematisch eines von 32 Chromosomenpaaren mit den Erbanlagen des Pferdes dargestellt. Die Chromosomen liegen immer in doppelter Ausfertigung vor, einen Strang hat das Tier

vom Vater erhalten und einen von der Mutter. Die Beobachtung, dass Vollgeschwister relativ unterschiedlich sein können rührt daher, dass sich bei jeder Bildung einer neuen Eizelle in der Stute oder eines Spermiums beim Hengst die elterlichen Chromosomenstränge neu mischen und damit auch unterschiedliche

Gene (in dem Schema in *Abbildung 2b* durch unterschiedliche Farben symbolisiert) von den Eltern an die Nachkommen weitergegeben werden. Damit lassen sich dann einige der o.g. alten Züchterweisheiten auch am Einzeltier nachvollziehen und so die Selektion viel effizienter gestalten.

Abbildung 1

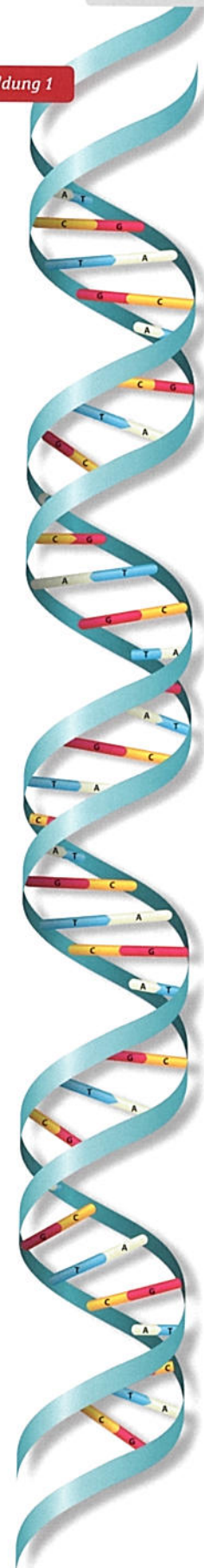


Abbildung 2a

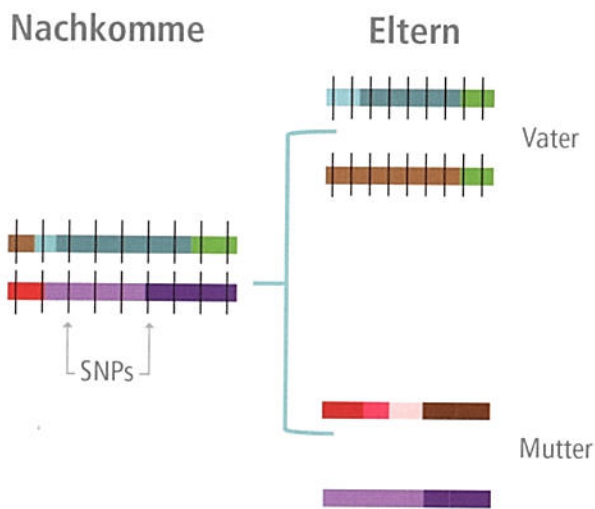
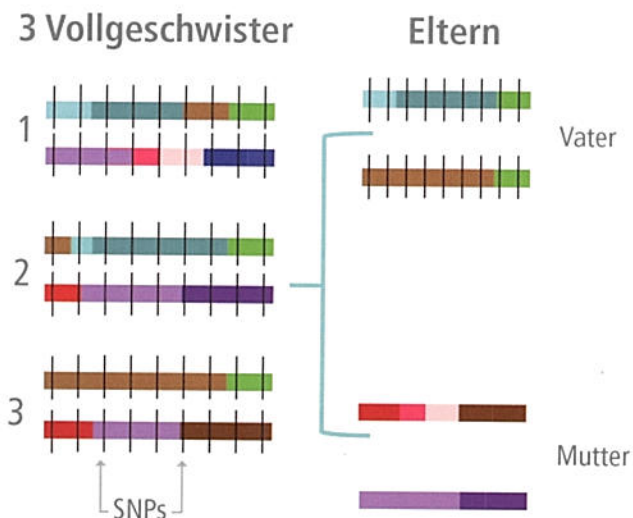


Abbildung 2b



WIE KANN MAN SICH DAS PRAKTISCH VORSTELLEN?

Wir unterstellen einmal, dass die Vererbung eines guten Trabes von wenigen benachbarten Genen bestimmt wird. Ein (→ durchgezüchteter) Hengst, der sowohl von der Mutter als auch vom Vater die positiven Gene geerbt hat, wird an alle seine Nachkommen diese weitergeben, egal welche Spermienzelle zur Befruchtung der Eizelle zum Zuge kommt (in Abb. 2a und 2b grüner Bereich rechts auf den waagerechten Chromosomensträngen beim Vater). Alle seine Nachkommen werden wahrscheinlich eine gute bis sehr gute Trabveranlagung haben. Wird einer der Nachkommen ein gekörter Hengst, der aus der Anpaarung mit einer Stute mit mittlerem Trabvermögen stammt, kann dieser trotz vielleicht eigener toller Trabaktion viele Nachkommen haben, wo sich z.B. die mittelmäßige Trabaktion seiner Mutter wiederfindet (→ Hengst streut). Mit diesem Konzept lassen sich auch die altbekannten Passerpaarungen erklären. Werden beispielsweise Zuchttiere, die durchgezüchtet (in Abb. 2 gleiche Farben auf dem Chromosomenabschnitt haben) für einen guten Schritt sind, an Zuchttiere angepaart, die durchgängig einen guten Trab haben, dann werden die Nachkommen wahrscheinlich beides gut können, weil sie von einem Elterntier in jedem Fall einen positiven Genabschnitt für Trab haben und vom andern Elterntier einen positiven Genabschnitt für Schritt erhalten.

Bei Althengsten mit vielen Nachkommen sind die Vererbungsschwerpunkte gut bekannt, allerdings erst dann, wenn die Hengste relativ alt sind. Aus Abbildung 1 und 2 folgt aber auch, dass die Hälfte der Gene von der Mutter stammt. Deshalb

kann man den Selektionserfolg auf der Stutenseite mit Hilfe der genomischen Selektion deutlich erhöhen, weil man mit einer Kombination der Eigenleistung der Stute und der Erbinformation sehr viel genauer selektieren kann, als das heutzutage auf der weiblichen Seite der Fall ist.



ERFAHRUNGEN AUS DER RINDERZUCHT

In der Rinderzucht ist das Verfahren der genomischen Selektion inzwischen in die Praxis eingeführt worden und anerkannt. Dort war es bisher so, dass der Züchterfolg hauptsächlich über stark selektierte Bullen im breiten Besamungseinsatz generiert wurde.

Inzwischen werden überwiegend genomisch selektierte Bullen (Negativvarianten kommen nicht mehr in den Einsatz) verwendet, und es erfolgt eine intensive Selektion auf der weiblichen Seite. Man sollte allerdings nicht erwarten, dass sich diese Erfolgsraten 1:1 auch auf andere Tierarten übertragen lassen, weil in der Rinderzucht Genomdaten von einigen 10.000 Bullen UND Leistungsdaten von mehreren Millionen Kühen vorliegen und so die Beziehungen zwischen den Genomdaten (SNP Informationen) und den Leistungsdaten sehr sicher abgeleitet werden können. Diese Sicherheiten wird man in naher Zukunft beim Reitpferd allein deshalb nicht erreichen, weil

sehr viel weniger Reitpferde (die Daten liefern könnten) vorhanden sind als z.B. Milchkühe. Trotzdem wird die Methodik auch in der Pferdezucht funktionieren, und andere Pferdezüchtungen arbeiten bereits konkret an Forschungsprojekten, um die erforderliche Grundlage für die genomische Selektion zu schaffen.

PILOTPROJEKT FÜR GESUNDHEITSDATEN

In Deutschland hat man sich auf Ebene der FN mit allen Zuchtverbänden und in enger Abstimmung mit der Tierärzteschaft darauf geeinigt, diese Methodik zunächst zur züchterischen Bearbeitung von Gesundheitsmerkmalen einzusetzen. Dieses macht auch sehr viel Sinn, weil die Vermarktungshemmnisse bei ungünstigen Befunden und daraus abgeleiteten Diagnosen aus der Ankaufsuntersuchung bereits jetzt den Züchtern bzw. Aufzüchtern sehr viel Geld kosten.

Bei der Frage, wie viele von diesen Problemen von den Eltern ererbt wurden und wie viele durch die Umwelt erworben wurden, tapen wir sehr oft noch im Dunkeln. Außerdem fehlt noch eine breite Datenbasis, um validieren zu können, welche Diagnosen und Befunde tatsächlich Jahre später zu den vermuteten Ausfallraten im Reitsport führen.

Die Ankaufsuntersuchungen werden inzwischen in großem Umfang durchgeführt, und die wissenschaftliche Auswertung dieser Daten könnte endlich dringend benötigte Erkenntnisse bringen. Deshalb sollen jetzt die Ergebnisse z.B. der Ankaufsuntersuchungen standardisiert dokumentiert und in einer Gesundheitsdatenbank zusammengeführt werden. Da die Zuchtverbände in

enger Abstimmung mit den Tierärzten in die Speicherung und Auswertung dieser Daten eingebunden sind, ist auch sichergestellt, dass die berechtigten Anforderungen des Datenschutzes vom Einzelzüchter umfassend gewährt werden und die Daten der gewünschten züchterischen Entwicklung der Gesamtpopulation dienen.

Der Autor möchte alle Pferdezüchter ermuntern, sich intensiv mit diesen neuen technischen Möglichkeiten auseinanderzusetzen, um das technisch Machbare mit dem züchterisch Wünschenswerten in Einklang zu bringen. Die Einführung der künstlichen Besamung beim Pferd hat auch eine gewisse Zeit gedauert – heute ist sie zu einem Standardverfahren geworden. Ähnlich wird es sich mit der genomischen Selektion verhalten. 