

Aufbau einer Lernstichprobe zur genomischen Selektion beim Pferd

*M. Wobbe^{1,2}, K. F. Stock^{1,2}, S. Neigenfind³, N. Krattenmacher³, W. Schulze-Schleppinghoff⁴,
M. von Depka Prondzinski⁵, E. Kalm³, R. Reents¹, C. Kühn⁶, J. Tetens⁷, G. Thaller³*

¹Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (vit), 27283 Verden / Aller

²Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Institut für Tierzucht und Vererbungsforschung, 30559 Hannover

³Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Institut für Tierzucht und Tierhaltung, 24118 Kiel

⁴Oldenburger Pferdezuchtverband e.V., 49377 Vechta

⁵Werlhof-Institut MVZ, 30159 Hannover

⁶Leibniz-Institut für Nutztierbiologie (FBN), Institut für Genombiologie 18196 Dummerstorf

⁷Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutztierwissenschaften, 37077 Göttingen

1 Einleitung

Die genomische Selektion birgt großes Potential für die Pferdezucht (Haberland et al. 2012), da nicht nur das lange Generationsintervall deutlich verkürzt werden könnte. Vielmehr könnten auch Merkmale mit geringer Heritabilität und solche, die nur schwer oder erst sehr spät im Leben zu erfassen sind, wesentlich besser in Selektionsentscheidungen einbezogen werden (Knaap 2017). Während die konventionelle Zuchtwertschätzung unter den Pferdezüchtern eine eher geringe Akzeptanz hat und sich viele Entscheidungen weiterhin in erster Linie am Phänotyp orientieren, bietet sich mit der Implementierung eines neuen, genomisch unterstützten Verfahrens zudem die Chance, die Nutzung von Zuchtwerten durch die Züchterschaft insgesamt zu stärken. Durch die zum Zeitpunkt zu treffender Selektions- und Anpaarungsentscheidungen und insbesondere auch auf Seite der Stuten verbesserte Informationsgrundlage bieten sich Möglichkeiten, den Zuchtfortschritt maßgeblich zu beschleunigen und gezielt zu steigern (Grønegård Favrelle 2017). Entsprechend hoch sind die Erwartungen der Zuchtverbände hinsichtlich des Merkmalspektrums und der Aussagekraft einer genomischen Zuchtwertschätzung für Reit- und Sportpferde. Große Bedeutung kommt in diesem Zusammenhang der Lernstichprobe (Größe, Zusammensetzung) zu, deren Aufbau im Mittelpunkt dieses Beitrages steht. Dargestellt werden Ansatzpunkte sowie phänotypbezogene Auswahl- und Monitoring-Kriterien, wie sie im Rahmen eines 2017 gestarteten Gemeinschaftsprojektes mehrerer Zuchtverbände zur Implementierung der genomischen Selektion beim Pferd zur Anwendung kommen.

2 Material und Methoden

Als phänotypische Datengrundlage standen Ergebnisse der linearen Beschreibung der projektbeteiligten Zuchtverbände zur Verfügung: Verband der Züchter des Oldenburger Pferdes e.V. (OL), Oldenburger Springpferdezuchtverband e.V. (OS), Verband der Züchter des Holsteiner Pferdes e.V. (HOL), Westfälisches Pferdestammbuch e.V. (WESTF) und Trakehner Verband e.V. (TRAK). Um eine möglichst hohe Aussagekraft und Genauigkeit der Phänotypen gewährleisten zu können, wurden ausschließlich Linearmerkmale der Leistung und des Exterieurs berücksichtigt, die mittels eines differenzierten Linearschemas an adulten Pferden erhoben worden waren. Bei der linearen Beschreibung der Leistungsmerkmale ging generell mit ein, ob die Beurteilung bei der Vorstellung an der Hand (H), in der freien Bewegung (F) oder unter dem Reiter (R) erfolgt war. Dies ermöglichte, die vorliegenden Lineardaten zu Bewegung und Springen gemäß ihrer Nähe zum Zuchtziel abgestuft zu betrachten (Priorisierung von R gegenüber F und H) und die Pferde entsprechend der Tiefe ihrer Linearprofile zu rangieren.

Da Analysen der Lineardaten aus den Jahren 2015 und 2016 deutliche Hinweise auf Vorselektionseffekte innerhalb der Gruppe der Hengste (lineare Beschreibung bei Terminen zur Körvorauswahl) ergeben hatten, wurden für den Datenpool zur Auswahl der Pferde für die Lernstichprobe nur Stuten berücksichtigt. Diese mussten zudem nicht nur im Exterieur, sondern auch in mindestens einem Teil der Leistungsmerkmale linear beschrieben worden sein. Ein weiteres Einschlusskriterium war die Verfügbarkeit genetischen Materials für das Projekt, und dies in für die genomweite SNP-Genotypisierung ausreichender Menge und Qualität.

Durch die Zuchtverbände waren für alle linear beschriebenen Pferde Abstammungsinformationen bereitgestellt worden, die drei Generationen zurückreichten. Anhand dieser Pedigreedaten wurden die verwandtschaftlichen Beziehungen zwischen den Kandidaten für die Lernstichprobe mittels des Programmpaketes Pedig (Boichard 2002) untersucht. Hierbei diente der Inzuchtkoeffizient fiktiver Nachkommen je zweier Pferde als Maß für den Verwandtschaftsgrad der Pferde untereinander. Entsprechende Kalkulationen auf Ebene der Teilpopulationen OL/OS, WESTF, HOL und TRAK gaben Hinweise auf ihre genetische Ähnlichkeit.

3 Ergebnisse und Diskussion

Im Projekt wird auf eine 5000 Pferde umfassende Lernstichprobe hingearbeitet; eine erste Kohorte von 1000 Pferden soll unter Berücksichtigung der vorgenannten Kriterien ausgewählt und noch 2017 genotypisiert werden, um so die Basis für erste Forschungs- und Entwicklungs-

arbeiten zu schaffen. Unter Berücksichtigung der bis Ende 2016 erhobenen Linearprofile erfüllten insgesamt 976 Stuten die an die Lernstichproben-Kandidaten gestellten Anforderungen hinsichtlich Phänotyp und Probenverfügbarkeit für die genomischen Analysen. Die Verbände OL/OS stellten dabei einen Anteil von rund 60 Prozent, da hier früher als bei den anderen Verbänden, nämlich bereits 2015, mit der systematischen Haarprobenentnahme in Verbindung mit der Erstellung differenzierter Linearprofile begonnen worden war.

Im Datenmaterial waren 377 Hengste mit 1 - 32 Nachkommen (Mittelwert 2,6) und 942 Stuten mit 1 - 3 Nachkommen (32 Stuten mit 2 Nachkommen, eine Stute mit 3 Nachkommen) vertreten, so dass 909 der 976 Stuten ohne mütterliche Halbgeschwister, aber nur 202 Stuten ohne väterliche Halbgeschwister im Datenpool waren. Unter den 976 Kandidaten für die Lernstichprobe waren 13 Vollgeschwister. Die auf Pedigreedatenbasis ermittelten Kennzahlen zur Verwandtschaft der Pferde untereinander unterstützen die Optimierung der Zusammensetzung der Lernstichprobe, indem gezielt innerhalb der Paare mit der größten genetischen Ähnlichkeit nach der phänotypischen Informationsdichte selektiert werden kann (Mark et al. 2014).

Tabelle 1: Verteilung ausgewählter Linearmerkmale der Leistung bei insgesamt 976 Stuten nach Art der Vorstellung (H = an der Hand / $N_{Lin}=749$, F = im Freilaufen / $N_{Lin}=891$, R = unter dem Reiter / $N_{Lin}=784$).

Merkmal [Extremausprägungen]	VoA	Mw.	Std.	pAbw	Min.	Max.
TRAB Raumgriff der Vorhand [begrenzt - raumgreifend]	H	0,11	0,78	39	-2	+3
	F	0,24	0,90	45	-3	+3
	R	0,36	0,92	56	-2	+3
TRAB Vorderhand-Mechanik [gerades Vorderbein - viel Knieaktion]	H	0,35	0,88	49	-2	+3
	F	0,37	1,05	55	-3	+3
	R	0,32	0,97	57	-3	+3
TRAB Schwung und Elastizität [wenig - viel]	H	0,37	0,92	53	-3	+3
	F	0,22	0,89	42	-3	+3
	R	0,13	0,94	51	-2	+3
TRAB Schub / Hinterhandaktivität [kraftlos, schleppend - energisch, aktiv]	H	0,46	0,96	56	-3	+3
	F	0,54	1,07	63	-2	+3
	R	0,32	0,93	50	-2	+3

N_{Lin} = Anzahl Linearprofile (= Anzahl linear beschriebener Pferde), VoA = Vorstellungsart, Mw. = Mittelwert, Std. = Standardabweichung, pAbw = prozentualer Anteil von Linearwert 0 abweichender Werte, Min. = Minimum, Max. = Maximum

Die Analyse der Linearprofile der Stuten bestätigte die Ergebnisse früherer Studien dahingehend, dass die Art der Vorstellung der Pferde entscheidenden Einfluss auf die Verteilung der Linear-
daten nimmt und die Beurteilung der Leistungsmerkmale unter dem Reiter nicht nur der Nähe
zum Zuchtziel wegen eine Priorisierung verdient. Wie beispielhaft in Tabelle 1 für Einzelaspekte
des Trabes dargestellt, erfolgte hier vielfach auch die deutlichste individuelle Differenzierung.
Das hohe Gewicht auf der linearen Beschreibung unter dem Reiter impliziert eine Fokussierung
auf leistungsgeprüfte Stuten. Inwieweit sich dies im Sinne von Vorselektionseffekten auf die
Datenverteilung auswirkt und wie letztlich die Repräsentativität der Lernstichprobe für die
Gesamtpopulation zu sichern ist, wird Gegenstand weiterer Untersuchungen auf Basis des
wachsenden Datenpools zum Aufbau der Lernstichprobe zur genomischen Selektion beim Reit-
und Sportpferd sein.

Damit die deutsche Pferdezucht im internationalen Wettbewerb langfristig konkurrenzfähig
bleibt, sollten vorhandene Ressourcen verbandsübergreifend und somit effizient erschlossen und
genutzt werden. Die mittlerweile routinemäßig und nach einheitlichem Schema erstellten
differenzierten Linearprofile stellen eine geeignete Grundlage für Forschungs- und Entwicklungs-
arbeiten zur genomischen Selektion beim Reit- und Sportpferd dar (Eriksson et al. 2016), die es
in enger Zusammenarbeit von Praxis und Wissenschaft voranzutreiben gilt.

4 Danksagung

Die Autoren danken der H. Wilhelm Schaumann Stiftung für die finanzielle Förderung.

5 Literatur

Boichard, D. (2002): Pedig – A fortran package for pedigree analysis suited to large populations. 7th World
Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 19. - 23. August 2002, Montpellier, Frankreich;
Beitrag 28-13.

Eriksson, S., Viklund, Å. & Mikko, S. (2016): A genome-wide association study of young horse test traits in
Swedish Warmblood. 67. Jahrestagung der Europäischen Vereinigung für Tierproduktion (EAAP), 29. August
- 2. September 2016, Belfast, UK; S63.05.

Grønegård Favrelle, S.A. (2017): Implementing genomic information in the breeding schemes of Danish
Warmblood horses. Masterarbeit Agrobiologie, Universität Aarhus.

Haberland, A.M., König von Borstel, U., Simianer, H. & König, S. (2012): Integration of genomic information
into sport horse breeding programs for optimization of accuracy of selection. *Animal* 6: 1369-1376.

Knaap, J. (2017): Genomic selection against osteochondrosis in KWPN breeding program. 8. Pferde-
Workshop, 14. - 15. Februar 2017, Bad Bevensen; S. 119-120.

Mark, T., Jönsson, L., Holm, M. & Christiansen, K. (2014): Towards genomic selection in Danish Warmblood
horses: Expected impacts and selective genotyping strategy. 10th World Congress of Genetics Applied to
Livestock Production (WCGALP), 18. - 23. August 2014, Vancouver, Kanada.