



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), Verden / Aller; ²Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Institut für Tierzucht und Vererbungsforschung, Hannover; ³Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Institut für Tierzucht und Tierhaltung, Kiel; ⁴Oldenburger Pferdezuchtverband e.V., Vechta; ⁵Werlhof-Institut MVZ, Hannover; ⁶Leibniz-Institut für Nutztierbiologie (FBN), Institut für Genombiologie, Dummerstorf; ⁷Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutztierwissenschaften, Göttingen

Übersicht

- ❖ Potential der genomischen Selektion beim Pferd
- ❖ Voraussetzungen zur Implementierung
- ❖ Datengrundlage (Zielmerkmale)
- ❖ Aufbau einer Lernstichprobe
- ❖ Vergleich zu bisherigen Studien
- ❖ Ausblick



Quelle: St. Georg / ©Kiki Beeltitz

Potential der genomischen Selektion

- ❖ langes Generationsintervall bei Pferden
 - Verkürzung möglich
 - ❖ Merkmale, die wegen geringer Heritabilität und/oder weil sie nur mit hohem Aufwand und/oder erst spät im Leben erfasst werden können, schwer züchterisch zu bearbeiten sind
 - bessere Einbeziehung in Selektionsentscheidungen
- Potential, den Zuchtfortschritt zu beschleunigen und zu steigern



Implementierung

- ❖ Status Quo:
 - geringe Akzeptanz der konventionellen Zuchtwertschätzung
- ❖ Implementierung eines neuen, genomisch unterstützten Verfahrens
 - Chance, die Akzeptanz von Zuchtwerten zu steigern
 - hohe Erwartungshaltung der Verbände
- ❖ Voraussetzungen:
 - geeignete Zielmerkmale
 - aussagekräftige Lernstichprobe (qualitativ hochwertige Phänotypdaten, angemessene Zusammensetzung)



Projektpartner



- ❖ Zuchtverbände (Gründungsmitglieder der International Association of Future Horse Breeding GmbH & Co. KG, IAFH)
 - Verband der Züchter des Oldenburger Pferdes e.V. (OL)
 - Springpferdezuchtverband Oldenburg-International e.V. (OS)
 - Westfälisches Pferdestammbuch e.V. (WESTF)
 - Trakehner Verband e.V. (TRAK)
 - Verband der Züchter des Holsteiner Pferdes e.V. (HOL)
- ❖ Kooperationspartner
 - Christian-Albrechts-Universität zu Kiel (CAU)
 - Georg-August-Universität Göttingen
 - Leibniz-Institut für Nutztierbiologie (FBN), Dummerstorf
 - Werlhof-Institut GmbH, Hannover
 - Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (vit), Verden

Zielmerkmale



- ❖ differenzierte Leistungs- und Exterieurmerkmale
 - lineare Beschreibung
 - Beurteilung unter dem Reiter, zusätzlich freie Bewegung / Freispringen, an der Hand / im Stand
 - ❖ einheitliches System zur mobilen Erfassung von Lineardaten
 - 7-stufige Skala (-3 bis +3) bzw. 4-stufige Skala (0 bis +3) für Besonderheiten / Mängelmerkmale
 - beschreibend → objektiv
 - spezifische, eindeutige Merkmalsdefinition → wesentlich differenzierter
- Linearmerkmale als geeignete Phänotypen für genomische Verfahren

Bewertung/Frei Springen			
Überhöhenmaß	gerade/steil	ausreichend	ausreichend
Übermaß/Untermaß	stark/gerade	ausreichend	ausreichend
Übermaß/Untermaß	stark/gerade	ausreichend	ausreichend
Übermaß/Untermaß	stark/gerade	ausreichend	ausreichend
Übermaß/Untermaß	stark/gerade	ausreichend	ausreichend
Übermaß/Untermaß	stark/gerade	ausreichend	ausreichend
Übermaß/Untermaß	stark/gerade	ausreichend	ausreichend

Bewertung/Frei Bewegung unter dem Reiter			
Übermaß/Untermaß	stark/gerade	ausreichend	ausreichend
Übermaß/Untermaß	stark/gerade	ausreichend	ausreichend
Übermaß/Untermaß	stark/gerade	ausreichend	ausreichend
Übermaß/Untermaß	stark/gerade	ausreichend	ausreichend
Übermaß/Untermaß	stark/gerade	ausreichend	ausreichend
Übermaß/Untermaß	stark/gerade	ausreichend	ausreichend
Übermaß/Untermaß	stark/gerade	ausreichend	ausreichend

Aufbau der Lernstichprobe

- ❖ phänotypische Datengrundlage:
routinemäßige lineare Beschreibung
 - Stuten
 - Hengste
 - Fohlen
- ❖ Kriterien für Lernstichproben-Kandidaten
 - DNA für die SNP-Genotypisierung
 - tiefe Linearprofile (möglichst: Beurteilung unter dem Reiter)
 - möglichst unselektierte, repräsentative Stichprobe
- Stuten mit Leistungsprüfung und/oder Stutbuchaufnahme



For Romance I - Diamond Hit - Landadel

Aufbau der Lernstichprobe: Lineardaten 2015/2016 als Basis

- ❖ Haarproben-Entnahme für das Projekt bei vorgestellten Pferden
 - unmittelbare Probenaufbereitung (DNA-Extraktion)
 - Qualitätskontrolle und Einlagerung

Werlhof  Institut



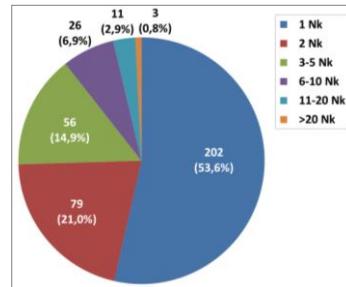
- ❖ Lernstichproben-Kandidaten (erste Genotypisierungskohorte):
 - insgesamt 976 Stuten
mit SNP-Chip-tauglicher DNA-Probe und Linearprofil
 - Verteilung gemäß verbandsinterner Organisation von Datenerfassung und Probenentnahme (rund 60% OL / OS)

Aufbau der Lernstichprobe: Datenverteilung



❖ Abstammung der Lernstichproben-Kandidaten

- 377 Hengste mit 2,6 (1-32) Nachkommen
- 942 Stuten mit 1-3 Nachkommen (33 Stuten mit >1 Nk)



❖ verwandtschaftliche Beziehungen

- Pedigree-Informationen über 3 Ahnengenerationen
- Inzuchtkoeffizienten fiktiver Nachkommen je zweier Pferde (Software-Paket PEDIG)
- ➔ Grundlage für mögliche Optimierung der Zusammensetzung der Lernstichprobe

Genotypisierung I



- ❖ insgesamt 5.000 Pferde
 - Fokus auf linearen Leistungsmerkmalen
 - repräsentative Stichprobe, Berücksichtigung des Verwandtschaftsgrades
- ❖ genomweite SNP-Genotypisierung in mittlerer Dichte (70k+)
- ➔ erste Kohorte (2017): 1.000 Pferde



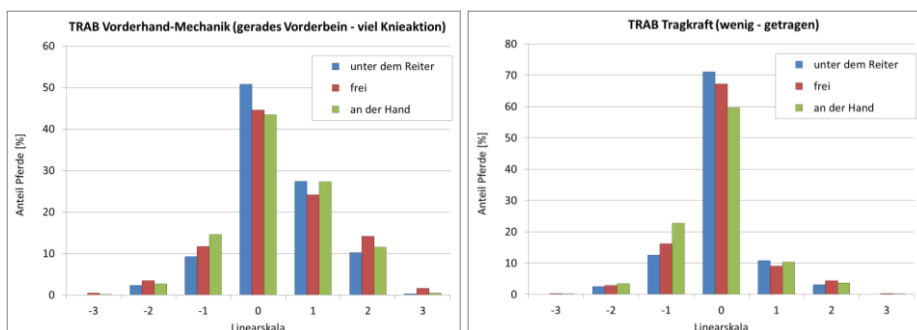
Genotypisierung II

- ❖ insgesamt 5.000 Pferde
 - Fokus auf linearen Leistungsmerkmalen
 - repräsentative Stichprobe, Berücksichtigung des Verwandtschaftsgrades
- ❖ genomweite SNP-Genotypisierung in mittlerer Dichte (70k+)
 - ➔ erste Kohorte (2017): 1.000 Pferde

Quelle	Anzahl genotypisierter Pferde (Lernstichprobe)	Phänotypgrundlage
Mark et al. 2014	500 Hengste	Zuchtwerte für Leistung im Dressur- und Springssport, Zuchtwerte aus Jungpferdeprüfungen
Brard & Ricard 2015	999 Hengste	deregressierte Zuchtwerte für Leistung im Springssport
Knaap 2017	3.000 Jährlinge	Röntgenstatus bzgl. Osteochondrose

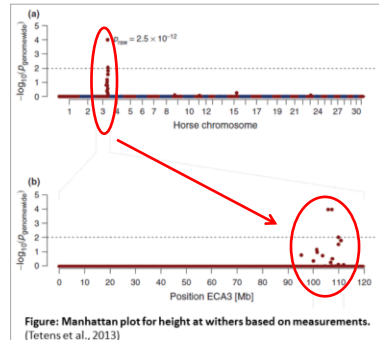
Ausblick I

- ❖ Datenqualitätsmanagement
 - Einsatz der linearen Beschreibung
 - Monitoring der Linearphänotypen (insgesamt, Lernstichprobe)



Ausblick II

- ❖ Datenqualitätsmanagement
 - Einsatz der linearen Beschreibung
 - Monitoring der Linearphänotypen (insgesamt, Lernstichprobe)
- ❖ Forschungs- und Entwicklungsarbeiten zur genomischen Zuchtwertschätzung
 - Leistung, Exterieur (Referenzmerkmal Größe / Widerristhöhe)
 - ab 2018



Perspektiven

- ❖ routinemäßige Arbeit mit differenzierten Linearprofilen
 - ➔ Grundlage (auch) für genomische Analysen: F&E, Routine
- ❖ Verfügbarkeit genomischer Anwendungen für Reit- und Sportpferde als wichtiger Faktor zur Sicherung der langfristigen Wettbewerbsfähigkeit der Zuchtverbände
 - wesentliche Zuchtzielmerkmale
 - maximale Aussagekraft
 - ➔ enge Zusammenarbeit in der Praxis (Zuchtverbände) und von Praxis und Wissenschaft zur erfolgreichen Etablierung der genomischen Selektion beim Pferd



Service & Daten
aus einer Quelle

Ihre Ansprechpartner im vit

(GB Biometrie & Zuchtwertschätzung):

PD Dr. habil. Kathrin F. Stock E-Mail: friederike.katharina.stock@vit.de; Tel.: 04231-955623

Tierärztin Mirell Wobbe E-Mail: mirell.wobbe@vit.de; Tel.: 04231-955185



Vielen Dank !



→ enge Zusammenarbeit in der Praxis (Zuchtverbände) und von Praxis und Wissenschaft zur erfolgreichen Etablierung der genomischen Selektion beim Pferd

H. WILHELM SCHAUMANN STIFTUNG



Christian-Albrechts-Universität zu Kiel



GEORG-AUGUST-UNIVERSITÄT
GÖTTINGEN



Werlhof Institut



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