



Vortragstagung der DGfZ und GfT
am 18./19. September 2024 in Göttingen

Pedigreebasierte und genomische Verwandtschaftsanalysen zur deutschen Reitpferdepopulation

M. Wobbe^{1,2}, H. Alkhoder¹, C. Schmidtman¹, W. Nolte³, N. Krattenmacher⁴, E. Kalm⁴,
R. Reents¹, J. Tetens⁵, G. Thaller⁴, K. F. Stock^{1,2}

¹Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (vit), Verden / Aller; ²Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Institut für Tiergenomik, Hannover; ³Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie, Moritzburg; ⁴Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Institut für Tierzucht und Tierhaltung, Kiel; ⁵Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutztierwissenschaften, Göttingen

Übersicht



- ❖ Inzuchtanalysen
 - Datengrundlage
 - Methode (pedigreebasiert, genomisch)
- ❖ mittlere Inzuchtkoeffizienten und Einflussfaktoren
- ❖ aktuelle Inzuchtentwicklung
- ❖ mögliche Anwendungen auf Basis genomischer Verwandtschaftsanalysen
- ❖ Fazit und Ausblick



Quelle: St-Georg / © Kiki Beelitz

Datengrundlage Verwandtschaftsanalysen (I)



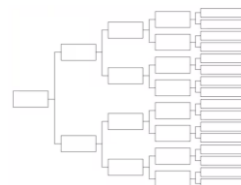
❖ deutsche Warmblutpferde

- Pedigreedaten (Tiere ab 1950)
- SNP-Genotypdaten (Equine80select Genotyping Array, Illumina)



❖ Pferdezuchtverbände mit SNP-Genotypisierung (N=7):

- Deutsches Sportpferd GmbH
- Hannoveraner Verband e.V.
- Holsteiner Verband e.V.
- Verband der Züchter des Oldenburger Pferdes e.V.
- Springpferdezuchtverband Oldenburg International e.V.
- Trakehner Verband e.V.
- Westfälisches Pferdestammbuch e.V.



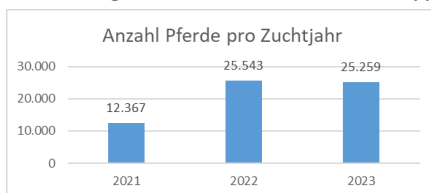
❖ Geburtsjahrgänge 2021-2023

Datengrundlage Verwandtschaftsanalysen (II)



❖ Stichprobe / Studienpopulation (Zuchtjahr 2021-2023): N=86.033 Pferde

- davon mit vollständiger 5. Ahnengeneration: N=75.744 Pferde
- davon mit genomweiten SNP-Genotypen: **N=63.169 Pferde**, aufgeteilt nach:



❖ Genotyp-Daten (N=85.401 SNPs)

- N=57.286 autosomale, qualitätskontrollierte SNPs
 - Callrate (0,05), Callfrequency (0,1), Minor Allele Frequency (0,01), Hardy-Weinberg Equilibrium (<0,001), Mendelian Sampling Error (0,003)



Inzuchtanalysen: Methodik

- ❖ pedigreebasierte Inzucht (F_{Ped})
 - Software Pedig (Boichard et al. 2002), Programm *meuw.f* (Meuwissen et al. 1992): Nutzung des Cholesky-Faktors der Verwandtschaftsmatrix (gebildet durch Zurückverfolgung des gesamten Pedigrees jedes Individuums)
- ❖ genomische Inzucht basierend auf „Runs of Homozygosity“ (F_{ROH})
 - ROH-Ermittlung mittels Software PLINK (Version 1.9, Purcell et al. 2007)
 - Methode nach McQuillan et al. (2008):

$$F_{ROH} = \frac{\text{Gesamtlänge aller ROH}}{\text{durch SNPs abgedeckte autosomale Genomlänge}}$$

➤ Mittelwerte, Streuung und Spannweiten der Inzuchtkoeffizienten (F_{Ped} und F_{ROH} mit unterschiedlichen ROH-Längen) für gesamte Stichprobe und pro Geburtsjahr



Ergebnisse: Inzuchtanalyse pedigreebasiert



- ❖ mittlere Inzuchtkoeffizienten, aufgeteilt nach Pedigree-Vollständigkeit und SNP-Verfügbarkeit

| Stichprobe Pferde | Anzahl Pferde | F_{Ped} | Std. |
|--|---------------|-----------|--------|
| Studienpopulation gesamt | 86.033 | 1,53 % | 1,50 % |
| Studienpopulation genotypisiert | 63.169 | 1,57 % | 1,50 % |
| Pferde mit vollständiger 5. Ahnengeneration | 75.744 | 1,58 % | 1,50 % |
| genotypisierte Pferde mit vollständiger 5. Ahnengeneration | 56.425 | 1,62 % | 1,51 % |
| Pferde mit < 5 Ahnengenerationen | 10.289 | 1,11 % | 1,45 % |
| genotypisierte Pferde mit < 5 Ahnengenerationen | 6.744 | 1,17 % | 1,39 % |





Ergebnisse: Inzuchtanalysen genomisch

- ❖ mittlere Inzuchtkoeffizienten und weitere Verteilungskennzahlen der 63.169 Pferde, aufgeteilt nach Definition der ROH-Länge in kb

| ROH-Länge | Mittelwert | Std. | Minimum | P10 | P90 | Maximum |
|-----------|------------|--------|---------|--------|---------|---------|
| ≥ 500 | 7,83 % | 2,29 % | 0,05 % | 5,31 % | 10,76 % | 54,24 % |
| ≥ 1.000 | 7,77 % | 2,28 % | 0,05 % | 5,26 % | 10,69 % | 52,56 % |
| ≥ 1.500 | 7,48 % | 2,24 % | 0,00 % | 5,01 % | 10,35 % | 44,78 % |
| ≥ 2.000 | 6,79 % | 2,19 % | 0,00 % | 4,40 % | 9,59 % | 35,55 % |
| ≥ 3.000 | 5,11 % | 2,03 % | 0,00 % | 2,92 % | 7,70 % | 31,40 % |
| ≥ 4.000 | 3,88 % | 1,85 % | 0,00 % | 1,90 % | 6,24 % | 28,99 % |
| ≥ 5.000 | 2,98 % | 1,69 % | 0,00 % | 1,21 % | 5,14 % | 27,22 % |
| ≥ 6.000 | 2,29 % | 1,53 % | 0,00 % | 0,69 % | 4,24 % | 26,28 % |
| ≥ 10.000 | 0,90 % | 1,01 % | 0,00 % | 0,00 % | 2,15 % | 23,06 % |



Ergebnisse: Inzuchtanalysen genomisch

- ❖ mittlere Inzuchtkoeffizienten und weitere Verteilungskennzahlen der 63.169 Pferde, aufgeteilt nach Definition der ROH-Länge in kb

| ROH-Länge | Mittelwert | Std. | Minimum | P10 | P90 | Maximum |
|-----------|------------|--------|---------|--------|---------|---------|
| ≥ 500 | 7,83 % | 2,29 % | 0,05 % | 5,31 % | 10,76 % | 54,24 % |
| ≥ 1.000 | 7,77 % | 2,28 % | 0,05 % | 5,26 % | 10,69 % | 52,56 % |
| ≥ 1.500 | 7,48 % | 2,24 % | 0,00 % | 5,01 % | 10,35 % | 44,78 % |
| ≥ 2.000 | 6,79 % | 2,19 % | 0,00 % | 4,40 % | 9,59 % | 35,55 % |
| ≥ 3.000 | 5,11 % | 2,03 % | 0,00 % | 2,92 % | 7,70 % | 31,40 % |
| ≥ 4.000 | 3,88 % | 1,85 % | 0,00 % | 1,90 % | 6,24 % | 28,99 % |
| ≥ 5.000 | 2,98 % | 1,69 % | 0,00 % | 1,21 % | 5,14 % | 27,22 % |
| ≥ 6.000 | 2,29 % | 1,53 % | 0,00 % | 0,69 % | 4,24 % | 26,28 % |
| ≥ 10.000 | 0,90 % | 1,01 % | 0,00 % | 0,00 % | 2,15 % | 23,06 % |

Ergebnisse: Inzuchtanalysen im Vergleich

- ❖ Mittlere pedigreebasierte (F_{Ped}) und genomische (F_{ROH}) Inzuchtkoeffizienten pro Geburtsjahr und deren Korrelation untereinander (Pearson) im Vergleich, N= 63.169 deutsche Warmblutpferde

| Geburtsjahr | F_{Ped} | | | | F_{ROH} (ROH-Länge \geq 2.000 kb) | | | | |
|-------------|-----------|--------|--------|---------|---------------------------------------|--------|--------|---------|-------|
| | Mw. | Std. | Min. | Max. | Mw. | Std. | Min. | Max. | Korr. |
| 2021 | 1,79 % | 1,67 % | 0,00 % | 25,27 % | 7,08 % | 2,35 % | 0,00 % | 33,22 % | 0,63 |
| 2022 | 1,51 % | 1,49 % | 0,00 % | 26,81 % | 6,74 % | 2,18 % | 0,00 % | 35,56 % | 0,61 |
| 2023 | 1,52 % | 1,41 % | 0,00 % | 27,03 % | 6,71 % | 2,10 % | 0,00 % | 33,60 % | 0,59 |



Fazit

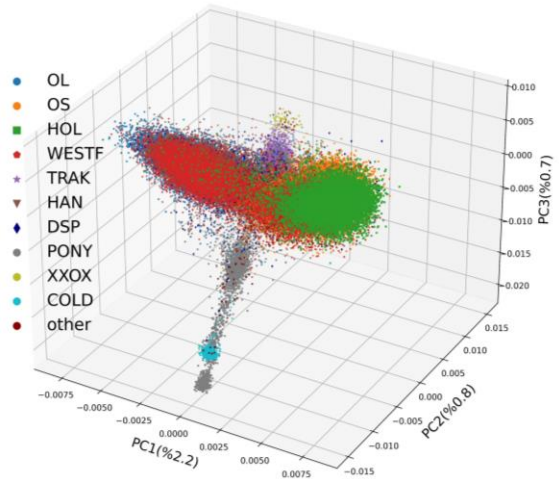
- ❖ moderate Inzucht in der aktuellen deutschen Warmblutpferdepopulation
 - erwartungsgemäß $F_{ROH} > F_{Ped}$
 - kein Hinweis auf Anstieg der mittleren Inzucht in den aktuellen Geburtsjahrgängen
- ❖ längere ROH nur bei knapp 70% der Pferde (mittlerer F_{ROH} 0,9%)
 - geringere Rolle der jüngeren als der historischen Inzucht
- ❖ Vorteile genomischer Inzuchtanalysen
 - Unabhängigkeit von Pedigreetiefe und -qualität
 - präzisere Abbildung der Verwandtschaftsverhältnisse
 - mögliche Aussagen über Zeitpunkt des Inzuchtereignisses



Mögliche Anwendungen auf Basis genomischer Verwandtschaftsanalysen



- ❖ Anzahl Pferde in der zentralen Genomdatenbank ↑
- ❖ Principal Component Analysis (Hauptkomponentenanalyse) anhand von SNP-Genotypen



| | |
|----------------------|--|
| OL = Oldenburg | PONY = unterschiedliche Ponyrassen |
| OS = Oldenburg Int. | XXOX = Engl. u. Arab. Vollblut |
| HOL = Holstein | COLD = unterschiedliche Kaltblutrassen |
| WESTF = Westfalen | other = Warmblutpferde mit ausländischer ID und Pferde unbekannter Rasse |
| TRAK = Trakehner | |
| HAN = Hannover | |
| DSP = Dt. Sportpferd | |

Grafik der Hauptkomponenten aller Pferde in der zentralen Genomdatenbank (N=78.779, Stand Februar 2024); PC1 (PC2, PC3) = Vektor der 1. (2., 3.) Hauptkomponente

Ausblick



- ❖ zunehmend bessere Voraussetzungen für genomische Verwandtschaftsanalysen
 - wachsende Anzahl Pferde mit genomweiten SNP-Genotypen (Abstammungskontrolle)
- ❖ Einbindung genomischer Parameter zur Populationsstruktur in neue Anwendungen
 - Unterstützung bei Selektions- und Anpaarungsentscheidungen
- ❖ Monitoring genetischer Diversität (auch) beim deutschen Warmblut
 - Stärkung der deutschen Pferdezucht





Vielen Dank!



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

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