



Service & Daten  
aus einer Quelle



Fachgespräch zur genomischen Selektion in der Pferdezucht  
in Vechta am 29. September 2015

## Berücksichtigung von Gesundheitsdaten in der genomischen Zuchtwertschätzung

**Kathrin F. Stock**

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w. V. (vit), Verden  
(Email: [friederike.katharina.stock@vit.de](mailto:friederike.katharina.stock@vit.de))



### Übersicht

- **Warum Gesundheitsdaten?**  
Rolle der Pferdegesundheit - gestern, heute, morgen
- **Warum genomische Zuchtwertschätzung?**
- **Wie ist vorzugehen, um genomische Selektionsverfahren (auch) für Gesundheitsmerkmale in der Pferdezucht zu etablieren?**

## Pferdegesundheit - gestern & heute

### ■ Zuchtziel-Beschreibungen beim Reitpferd

- Gesundheit
- Widerstandsfähigkeit ("Härte")
- dauerhafte Leistungsfähigkeit
- Langlebigkeit
- Fruchtbarkeit
- (korrektes Fundament, ...)



→ Gesundheit seit jeher  
integraler Bestandteil der Zuchtprogramme

### ■ Gesundheit = Grundvoraussetzung für die Nutzung des Pferdes

→ wertbestimmend, wesentliches Kriterium beim Pferdekauf

## Pferdegesundheit - heute & morgen

### ■ Zuchtfortschritt:

Leistung ↑  
→ körperliche Anforderungen ↑  
→ Stellenwert der Gesundheit ↑



### ■ Erwartungen / Forderungen

(Pferdesektor, d.h. Züchter, Reiter; Gesellschaft, Politik)

- ausgewogene Zuchtprogramme
- (Leistungs-) Sport und Alltagstauglichkeit
- Tiergesundheit und Tierwohl

### ➤ zukunftsfähige Gewichtung in den Zuchtprogrammen:

Leistungsmerkmale (Dressur-, Springsport) =  
funktionale Merkmale (Gesundheit, Verhalten) ↑

## Zuchtziel Gesundheit - heute

- aktuelle Übersicht über Zuchtziele / Zuchtprogramme und deren Entwicklung in der Reitpferdezucht

- erhebliche Bedeutung von Gesundheit und Verhalten

länder- und zuchtverbandsübergreifend, unabhängig von Selektionsschwerpunkten; deutlicher Anstieg gegenüber 2000/2001

Merkmal	N	Mittelwert (Skala 0-3)	Bewertung	
			unwichtig (0)	überaus wichtig (3)
Exterieur	14	2,29	0	5
Gangarten	14	2,29	1	8
Springveranlagung	14	2,57	1	11
Dressur	14	2,21	1	8
Springen	14	2,57	1	11
Vielseitigkeit	13	1,15	4	3
Fahren	13	0	13	0
"Allrounder"-Qualitäten	12	1,42	2	1
Verhalten, Temperament	13	2,62	0	8
Gesundheit, Langlebigkeit	13	2,39	0	7
Fruchtbarkeit	13	1,77	2	4

Quelle: Stock et al. (EAAP 2015). Breeding objectives and practices of sport horse studbooks: results of a worldwide inventory.

## Zuchtziel Gesundheit - heute & morgen

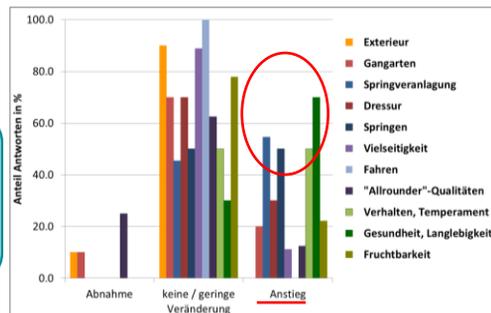
- aktuelle Übersicht über Zuchtziele / Zuchtprogramme und deren Entwicklung in der Reitpferdezucht

- erhebliche Bedeutung von Gesundheit und Verhalten

länder- und zuchtverbandsübergreifend, unabhängig von Selektionsschwerpunkten; deutlicher Anstieg gegenüber 2000/2001

- Bedeutungsentwicklung: höchste Erwartungen hinsichtlich Gesundheit

➤ **Zuchtziel Gesundheit als wesentlicher Faktor für Wettbewerbsfähigkeit der Zuchtverbände**



Quelle: Stock et al. (EAAP 2015). Breeding objectives and practices of sport horse studbooks: results of a worldwide inventory.

## Gesundheit als Selektionsmerkmal

- etablierte **indirekte Selektion**
  - Hilfsmerkmale: Exterieur, Leistung
  - wenig effizient (niedrige genetische Korrelationen)

Table 1 Heritabilities of additive genetic correlations between radiographic findings in the limbs and selected conformation and performance traits with their standard errors estimated in 26 434 German Warmblood horses

Conformation or performance trait	Osseous fragments in fetlock joints ( $h^2 = 0.15 \pm 0.03$ )	Osseous fragments in hock joints ( $h^2 = 0.35 \pm 0.06$ )	Deforming arthropathy in hock joints ( $h^2 = 0.17 \pm 0.04$ )	Distinct radiographic findings in the navicular bones ( $h^2 = 0.23 \pm 0.03$ )
Front limb conformation ( $h^2 = 0.09 \pm 0.01$ )	-0.286 ± 0.098	-0.052 ± 0.092	-0.273 ± 0.111	-0.006 ± 0.093
Hind limb conformation ( $h^2 = 0.10 \pm 0.01$ )	-0.277 ± 0.099	0.012 ± 0.098	-0.527 ± 0.121	-0.160 ± 0.096
Withers height ( $h^2 = 0.49 \pm 0.02$ )	0.373 ± 0.103	0.520 ± 0.075	-0.194 ± 0.128	-0.116 ± 0.097
Walk under rider ( $h^2 = 0.24 \pm 0.01$ )	-0.004 ± 0.079	-0.088 ± 0.070	-0.083 ± 0.090	-0.030 ± 0.071
Trot under rider ( $h^2 = 0.34 \pm 0.01$ )	-0.040 ± 0.079	-0.062 ± 0.072	-0.103 ± 0.094	0.012 ± 0.071
Canter under rider ( $h^2 = 0.31 \pm 0.02$ )	0.086 ± 0.085	-0.062 ± 0.078	-0.255 ± 0.104	-0.050 ± 0.078
Rideability ( $h^2 = 0.25 \pm 0.01$ )	0.038 ± 0.082	0.008 ± 0.076	-0.168 ± 0.102	0.053 ± 0.080
Free jumping ability and style ( $h^2 = 0.25 \pm 0.01$ )	0.004 ± 0.059	-0.002 ± 0.055	-0.205 ± 0.065	0.037 ± 0.056

Quelle: Stock KF, Distl O, 2008. Multiple-trait selection for radiographic health of the limbs, conformation and performance in Warmblood riding horses. *Animal* 2, 1724-1732.

- Gliedmaßengesundheit (röntg., klin.)
- Selektion auf korrektes Fundament als Unterstützung, nicht Ersatz direkter Selektion auf klinische (Jönsson et al. 2014a,b) und/oder röntgenologische (Stock & Distl 2008) Gliedmaßengesundheit
  - Vorsicht hinsichtlich Größe ↑

## Gesundheit als Selektionsmerkmal

- etablierte **indirekte Selektion**
  - Hilfsmerkmale: Exterieur, Leistung
  - wenig effizient (niedrige genetische Korrelationen)
- kaum **direkte Selektion**
  - gesundheitliche Mindestanforderungen an Körhengste: Ausschluss extremer Phänotypen
  - wenig effizient (vielfach niedrige Heritabilitäten; Stuten?)
  - fehlende Informationsgrundlage = Gesundheitsdaten

- Herausforderung: Erschließung neuer Phänotypen (→ direkte Gesundheitsmerkmale) für die Pferdezucht

~~Warum~~ Wie Gesundheitsdaten?

## Entwicklungen in der Tierzucht

- technische Fortschritte
  - erleichterter Zugang zu genomischen Informationen
    - genetische Marker-Informationen  
kommerziell verfügbare SNP-Chips (70k / ca. 74.000 SNPs, 670k / ca. 670.000 SNPs), ggf. individuell zusammengestellte SNP-Chips
    - Sequenzdaten  
laufende Arbeiten am verbesserten Referenzgenom (EquCab3.0)
- methodische Fortschritte
  - Routineverfahren zur Nutzung genomischer Informationen
    - genomische Zuchtwertschätzung, genomische Selektion
    - "Hochrechnen" von Marker-Informationen (sog. Imputing)
- **bessere / genauere Einschätzung der Merkmalsgenetik**
  - **Bedarf an qualitativ hochwertigen Phänotypdaten** ↑

## Einsatz genomischer Verfahren (I)

### Voraussetzungen

- repräsentative Stichprobe der Population mit Genotyp-Daten und **zuverlässigen Phänotyp-Daten** (Zuchtzielmerkmale)
- optimierte Vorhersageformel Genotyp → Merkmalsgenetik (genetisches Potenzial bzgl. des jeweiligen Zuchtzielmerkmals)
  - Implementierung (Lernstichprobe)
  - Routineanwendung (Überprüfung und Nachjustieren anhand solider Phänotyp-Datenbasis)

## Einsatz genomischer Verfahren (II)

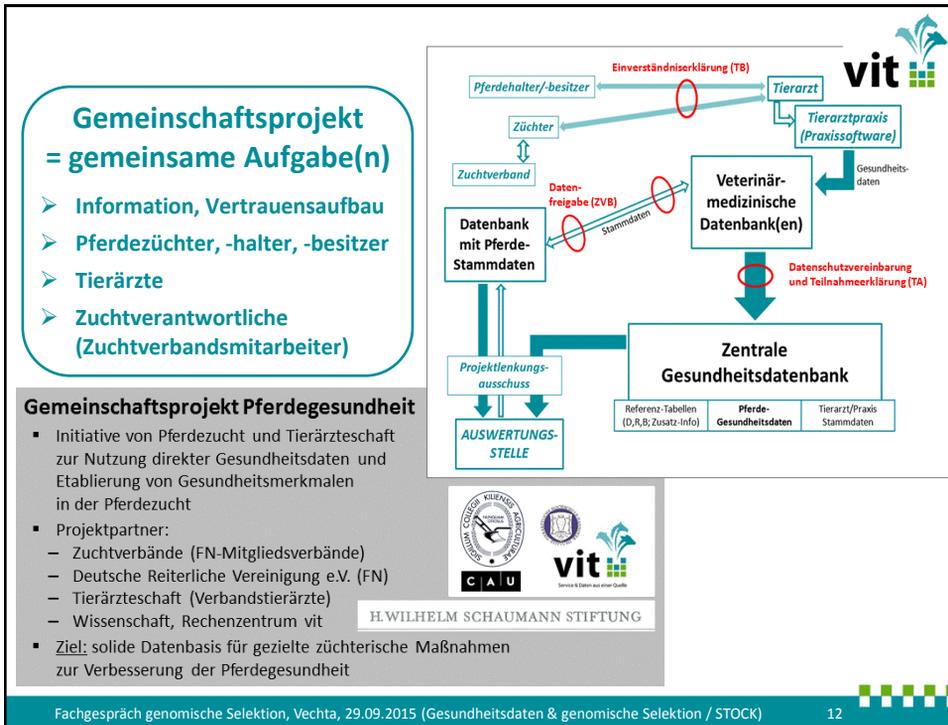
### Wert / Nutzen

- frühe(re) verlässliche Schätzungen des genetischen Potenzials  
→ Verkürzung des langen Generationsintervalls
- mögliche Steigerung der Selektionsintensität  
(und damit des Zuchtfortschrittes) für wichtige Merkmale  
→ besonderes Potenzial / große Chance  
für züchterisch schwierig zu bearbeitende Zuchtzielmerkmale  
niedrige Heritabilität, aufwändige Phänotyp-Erfassung; z.B. Gesundheit
- **genomische Selektion für Gesundheitsmerkmale als Beitrag zur gezielten und nachhaltigen Verbesserung der Pferdegesundheit**

~~Warum~~ Wie genomische Zuchtwertschätzung?

## Genomische Selektion auf Gesundheit

- **Bedarf an qualitativ hochwertigen Phänotyp-Daten!**
- erforderlicher Wissenszuwachs im Bereich Pferdegesundheit
  - populationsweite Häufigkeit und Bedeutung verschiedener Veränderungen und Erkrankungen
  - Beziehungen zwischen verschiedenen (Zuchtziel-) Merkmalen
- **Schlüsselrolle des Gemeinschaftsprojektes Pferdegesundheit: zentrale Gesundheitsdatenbank → Gesundheitsphänotypen**



- 
- ## Gesundheitsdaten - Rahmenbedingungen
- Tierärzte als primäre Informationsquelle
  - umfangreiche Datenerhebung in Tierarzt-Praxen
    - Kauf-, Routineuntersuchungen, umfangreiche Diagnostik
    - umfassende Dokumentationspflichten des Tierarztes
  - **Informations- / Datenmenge zur Pferdegesundheit** ✓
  - besondere Anforderungen (Gesundheitsdaten / Tierarzt)
    - rechtlich - restriktiver Datenzugriff !
    - praktisch - angemessene Dokumentation des Einzelfalles (✓)
    - fachlich - angemessener Umgang mit den Gesundheitsdaten !  
sachgerechte Interpretation und Nutzung von Auswertungsergebnissen
  - **keine standardisierte Erfassung und zentrale Verfügbarkeit** !
- Fachgespräch genomische Selektion, Vechta, 29.09.2015 (Gesundheitsdaten & genomische Selektion / STOCK) 13

## Gesundheitsdaten - Neuerungen

- umfassender Erfassungsstandards für Pferdegesundheitsdaten
  - einheitliche und eindeutige Codierung (Diagnosen, Befunde)
  - Ziel: Ablösung der gängigen Freitext-Dokumentation als Voraussetzung für (Routine-) Auswertungen
- zentrale Gesundheitsdatenbank für Pferde
  - Schnittstellen und gesicherte Verbindungen zur Anbindung an bestehende und bewährte Infrastruktur
  - erster wesentlicher Schritt zur systematischen Erfassung und Nutzung von Pferdegesundheitsdaten

## Gesundheitsdaten - Aufgaben

- breite Öffentlichkeitsarbeit: Information, Vertrauensaufbau
  - Pferdezüchter, -halter, -besitzer als Datenverfügungsberechtigte
  - Tierärzte als primäre Informationsquelle
    - systematische und standardisierte Datenerfassung
    - Aufklärung (Einholung der Einverständniserklärung)
    - Datenübermittlung
  - Zuchtverantwortliche als Ansprechpartner und künftige Nutzer
- praxistaugliche Umsetzung
  - Datenschutz, Datensicherheit
  - klare Regelungen zur "neuen Transparenz"
  - elektronische Datenerfassung (Veterinärsoftware, mobile Systeme)
  - umsichtige Datennutzung (→ Projektlenkungsausschuss)

## Schlussfolgerungen

- Berücksichtigung von Gesundheitsdaten in der genomischen Zuchtwertschätzung
  - erhebliches Potenzial
  - nicht "Warum?", sondern "Wie?"
- Bedarf an neuen Konzepten zur Erschließung qualitativ hochwertiger Phänotyp-Daten
  - interdisziplinär
  - verbandsübergreifend
  - umfassend (Zucht und Haltung, Fütterung, Management, ...)

➤ **Gesundheitsdaten und Genomprofile zur Gesundheit als Faktoren zur Stärkung der Wettbewerbs- und Zukunftsfähigkeit der Pferdezucht und des gesamten Pferdesektors**

## Vielen Dank !

**Gemeinschaftsprojekt  
= gemeinsame Aufgabe(n)**

- Information, Vertrauensaufbau
- Pferdezüchter, -halter, -besitzer
- Tierärzte
- Zuchtverantwortliche (Zuchtverbandsmitarbeiter)

Ihr Ansprechpartner im vit (Abteilung Biometrie / ZWS):

PD Dr. habil. Kathrin F. Stock

Email: friederike.katharina.stock@vit.de

Tel.: +49 - 4231 - 955 623 oder +49 - 176 - 60931357; Fax: +49 - 4231 - 9559 623



H. WILHELM SCHAUMANN STIFTUNG



Gesundheitsdatenbank für Pferde

Projekt der Abteilung von Biometrie und ZWS

Das Projekt ist ein gemeinsames Projekt von Biometrie und ZWS

Das Projekt ist ein gemeinsames Projekt von Biometrie und ZWS

## Zusatzfolien



## Systematisierung & Harmonisierung

### Standardprotokoll

≠ standardisierte Dokumentation

Protokoll über die klinische Untersuchung eines Hengstes	
interne ID-Nr.:	
1. Eigentümer	
2. Name des Pferdes	geb.
3. Lebensnummer	Chipnummer
Untersuchung	
8. Pflege und Ernährungszustand	<input type="checkbox"/> o.b.B. Bsh:
9. Haut und Nerven (z.B. OP-Narben, Nabelbruch etc.)	<input type="checkbox"/> o.b.B. Bsh:
10. Rücken appetitorisch und palpatorisch	<input type="checkbox"/> o.b.B. Bsh:
11. Schneidezähne	<input type="checkbox"/> o.b.B. Bsh:
Überbild (weniger als 50% in Reihung (bei physiologischer Kopfhaltung))	<input type="checkbox"/> nein <input type="checkbox"/> ja
12. Augen (abgedunkelter Raum)	<input type="checkbox"/> o.b.B. Bsh:
13. Hoden	<input type="checkbox"/> prall-elastisch <input type="checkbox"/> weich
rechts	<input type="checkbox"/> prall-elastisch <input type="checkbox"/> weich
links	<input type="checkbox"/> prall-elastisch <input type="checkbox"/> weich
Größe	<input type="checkbox"/> gänseei <input type="checkbox"/> entenei <input type="checkbox"/> hühnerel <input type="checkbox"/> kleiner als hühnerel
rechts	<input type="checkbox"/> gänseei <input type="checkbox"/> entenei <input type="checkbox"/> hühnerel <input type="checkbox"/> kleiner als hühnerel
links	<input type="checkbox"/> gänseei <input type="checkbox"/> entenei <input type="checkbox"/> hühnerel <input type="checkbox"/> kleiner als hühnerel
Besonderheiten	
14. Präputium, Hodensack	<input type="checkbox"/> o.b.B. Bsh:
15. Kreislauf- und Atmungsapparat in Ruhe (inkl. Auskultation)	<input type="checkbox"/> o.b.B. Bsh:

### Erfassungsstandard für Pferde-Gesundheitsdaten:

- eindeutige Definitionen, eindeutige Zuordnungen
- Diagnose - Diagnosecode, Befund - Befundcode
- Praxistauglichkeit
- grobe bis detaillierte Erfassungsoptionen, umfassend (Diagnoseschlüssel: ca. 2500 Diagnosen)

Diagnoseschlüssel	Diagnosebezeichnung [weitere Bezeichnungen, Erläuterungen]
1.	Krankheiten nach Organsystemen
1.01.	Erkrankung der Haut, Unterhaut und Haare
1.01.01.	angeborene Erkrankung der Haut
1.01.02.	Immunvermittelte Erkrankung der Haut
1.01.03.	Hauttumor
1.01.04.	Entzündung der Haut (Dermatitis)
1.01.04.07.	Mauke / Raspe [Dermatitis in der Fesselbeuge (Fessel-Ekzem, Mauke) bzw. weiter proximal reichend, überwiegend an den Beugeflächen der Gliedmaßen (Raspe)]
1.01.04.07.06.	Warzenmauke [Dermatitis verrucosa in der Fesselbeuge]
1.02.	Erkrankung der Körperwand und Körperhöhlen
1.03.	Erkrankung des Herz-Kreislauf-Systems
1.04.	Erkrankung des Blutes und der blutbildenden Organe
1.05.	Erkrankung der Atmungsorgane
1.14.	Erkrankung des Bewegungsapparates
1.14.16.	Erkrankung des Fesselgelenks und der Fessel
1.14.16.08.	Knochen- und Gelenkerkrankung im Fesselbereich
1.14.16.08.09.	Osteochondrose (OC) im Fesselgelenk [Fesselgelenk-OC]
1.14.16.08.09.01.	Osteochondritis dissecans (OCD) im Fesselgelenk [Fesselgelenk-OCD, osteochondrales Fragment im Fesselgelenk]
1.14.17.	Erkrankung im Bereich der distalen Zehe
1.14.18.	Erkrankung des Hufes
2.	Infektionskrankheiten (außer Lokalinfectionen der Haut)
3.	Parasitosen
4.	Vergiftungen
5.	Verhaltensauffälligkeiten



# Exterieur, Gesundheit & Leistung

## Multiple-trait selection for radiographic health of the limbs, conformation and performance in Warmblood riding horses

K. F. Stock<sup>†</sup> and O. Distl

*Institute for Animal Breeding and Genetics, University of Veterinary Medicine Hannover (Foundation), Bünteweg 17j, D-30559 Hannover, Germany*

*Animal* (2008), 2:12, pp 1724–1732 © The Animal Consortium 2008  
doi:10.1017/S1751731108003091



## Conformation traits and their genetic and phenotypic associations with health status in young Swedish warmblood riding horses

Lina Jönsson<sup>a,\*</sup>, Anna Näsholm<sup>a</sup>, Lars Roepstorff<sup>b</sup>, Agneta Egenvall<sup>c</sup>, Göran Dalin<sup>b</sup>, Jan Philipsson<sup>a</sup>

<sup>a</sup> Department of Animal Breeding and Genetics, Swedish University of Agricultural Sciences, PO Box 7023, SE-750 07 Uppsala, Sweden

<sup>b</sup> Department of Equine Studies, Swedish University of Agricultural Sciences, PO Box 7046, SE-750 07 Uppsala, Sweden

<sup>c</sup> Department of Clinical Sciences, Swedish University of Agricultural Sciences, PO Box 7054, SE-750 07 Uppsala, Sweden

*Livestock Science* 163 (2014) 12–25



## Associations of health status and conformation with longevity and lifetime competition performance in young Swedish Warmblood riding horses: 8,238 cases (1983–2005)

Lina Jönsson, PhD; Agneta Egenvall, DVM, PhD; Lars Roepstorff, DVM, PhD; Anna Näsholm, PhD; Göran Dalin, DVM, PhD; Jan Philipsson, PhD

*JAVMA*, Vol 244, No. 12, June 15, 2014



Fachgespräch genomische Selektion, Vechta, 29.09.2015 (Gesundheitsdaten & genomische Selektion / STOCK)

Suppl.2

# Genomische Selektion beim Pferd: DWB / DK, BWP / BEL, ... – F&E-Projekte

UNIVERSITY OF COPENHAGEN

**Genomic Selection**  
for Performance and Health

**Sponsors:**

- The Danish Advanced Technology Foundation
- Asta og Jul. P. Justesen Fond
- Dansk Varmblod
- Dept. Veterinary Clinical and Animal Sciences

**Dr. Lina Jönsson**  
Animal Breeding, Quantitative Genetics and Systems Biology Dept., Veterinary Clinical and Animal Sciences  
Faculty of Health and Medicine  
University of Copenhagen (UO)  
E-mail: Lina.Jonsson@vet.ku.dk

**In cooperation with:**  
**Thomas Mark**  
Assistant professor, University of Copenhagen  
**Karina Christiansen**  
Breeding manager of the Danish Warmblood

**Horsegene**  
Genomic tools for breeding against heritable diseases

This project has received funding from the European Union's Horizon research and innovation programme under grant agreement 101019142.

**KU LEUVEN** **SLU** **The University of Nottingham** **HEINRICH HEINE UNIVERSITY**

- British Equestrian Federation
- Koninklijke Friesche Stambok
- Svenska Islandhästförbundet
- Belgisch Warmbloed Paard
- Swedish Horse Board
- Koninklijke Maatschappij Belgisch Trekpaard
- Stuifform De Broomseisen
- Stal Groenweg B.V.
- Ostra Grede Islandhåstgård
- Van Haeringen Laboratoires

Inset Bite Hypersensitivity, Chronic Progressive Lymphedema, Osteochondritis

2013 - 2016

Fachgespräch genomische Selektion, Vechta, 29.09.2015 (Gesundheitsdaten & genomische Selektion / STOCK)

Suppl.3a

# Genomische Selektion beim Pferd: DWB / DK – Vorstudien, Öffentlichkeitsarbeit



UNIVERSITY OF COPENHAGEN

**Genomic Selection**  
for Performance and Health

**Dr. Lina Jönsson**  
Animal Breeding, Quantitative Genetics and Systems Biology  
Dept. Veterinary, Clinical and Animal Sciences  
University of Copenhagen (KU)  
E-mail: Lina.Jonsson@ sund.ku.dk

**In cooperation with:**  
**Thomas Mark**  
Assistant professor, University of Copenhagen  
Faculty of Health and Medicine  
**Karina Christiansen**  
Breeding manager of the Danish Warmblood

**Sponsors:**

The Danish Advanced Technology Foundation  
Acta og Jul. P. Justesen Fond  
Dansk Vernebid  
Dept. Veterinary Clinical and Animal Sciences

**Vet**  
34th NCVT Symposium 28 - 29 April 2010, Copenhagen  
DATABASES IN VETERINARY MEDICINE  
- Publications, notifications and applications

**Danish Equine Health Monitoring**  
An investigation of the scientific foundation and stakeholder needs

Wendy Hartig<sup>1</sup>, Hans Houe<sup>2</sup>, Pia Haaibo Andersen<sup>3</sup>  
Faculty of Life Sciences, University of Copenhagen, Copenhagen, Denmark

UNIVERSITY OF COPENHAGEN

**Genomic Selection**  
can Revolutionize Horse Breeding

**Dr. Thomas Mark**  
Animal Breeding, Quantitative Genetics and Systems Biology  
Dept. Veterinary, Clinical and Animal Sciences  
Faculty of Health and Medicine  
University of Copenhagen  
E-mail: thom@sund.ku.dk

Preventive Veterinary Medicine  
Monitoring of equine health in Denmark: A survey of the attitudes and concerns of potential database participants  
Wendy Hartig<sup>1</sup>, Hans Houe<sup>2</sup>, Pia Haaibo Andersen<sup>3</sup>  
Faculty of Life Sciences, University of Copenhagen, Copenhagen, Denmark

Preventive Veterinary Medicine  
Monitoring of equine health in Denmark: The importance, purpose, research areas and content of a future database  
Wendy Hartig<sup>1</sup>, Hans Houe<sup>2</sup>, Pia Haaibo Andersen<sup>3</sup>  
Faculty of Life Sciences, University of Copenhagen, Copenhagen, Denmark

seit 2010

Fachgespräch genomische Selektion, Vechta, 29.09.2015 (Gesundheitsdaten & genomische Selektion / STOCK) Suppl.3b

# Genomische Selektion beim Pferd: SF / FRA – Vorstudien



EAAP 2012

**First results on genomic selection in French show-jumping horses**

A. Ricard<sup>1,2</sup>, S. Danvy<sup>3</sup>, A. Legarra<sup>2</sup>  
<sup>1</sup>Biologie Intégrative et Génétique Equine, UMR 1313 GABE, INRA  
<sup>2</sup>Station d'amélioration génétique des animaux, UR 631, INRA  
<sup>3</sup>Institut français du cheval et de l'équitation, recherche et développement

SCOLE NATIONALE ÉQUINATION  
Le Cadre Noir de Saumur  
INRA  
ALIMENTATION  
AGRICULTURE  
ENVIRONNEMENT

**Book of Abstracts of the 64th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science**

QTL mapping for performances in sport horses  
S. Brani<sup>1</sup> and A. Ricard<sup>2,3</sup>  
<sup>1</sup>Institut National de la Recherche Agronomique, UR 631, Association BP 12007, 31200 Castanet Tolosan  
Cedex, France; <sup>2</sup>Institut Français du Cheval et de l'Équitation, Recherche et Innovation, Amonterie du Pin, 61310 Bonnes, France; <sup>3</sup>Institut National de la Recherche Agronomique, UMR 1313, Allée de l'Évent, 78352 Jouy-en-Josas, France; sbrani@brni@inra.fr

Book of abstracts No. 18 (2010)  
Paris, France  
16 - 18 August 2012

**Computation of deregressed proofs for genomic selection when own phenotypes exist with an application in French show-jumping horses<sup>1</sup>**

A. Ricard,<sup>1,2</sup> S. Danvy,<sup>3</sup> and A. Legarra<sup>4</sup>

<sup>1</sup>INRA, UMR 1313, 78352 Jouy-en-Josas, France; <sup>2</sup>IFCE, Recherche et Innovation, 61310 Exmes, France; and <sup>3</sup>INRA, UR 631, 31200 Castanet-Tolosan, France

© 2013 American Society of Animal Science. All rights reserved. J. Anim. Sci. 2013.91:1076-1085 doi:10.2527/jas2012-5256

<sup>1</sup>The JUMPSNP program was funded by grants from the Institut National de la Recherche Agronomique (INRA, Paris, France), the Fonds Eperon (Paris, France), and the Institut Français du Cheval et de l'Équitation (IFCE, Saumur, France).

seit 2011

Fachgespräch genomische Selektion, Vechta, 29.09.2015 (Gesundheitsdaten & genomische Selektion / STOCK) Suppl.3c

# Genomische Selektion beim Pferd: KWPN / NL – Vorstudien



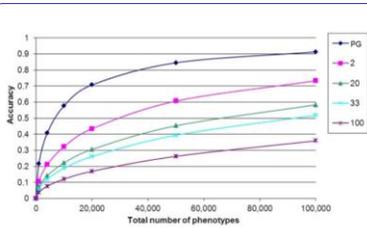
RESEARCH

Open Access

## Response to genomic selection: The Bulmer effect and the potential of genomic selection when the number of phenotypic records is limiting

Elizabeth M Van Grevenhof, Johan AM Van Arendonk and Piter Bijma\*

Van Grevenhof et al. *Genetics Selection Evolution* 2012, 44:26  
http://www.gsejournal.org/content/44/1/26



**Figure 1**  
Accuracy of genomic EBV for reference populations with different progeny group sizes. Different lines indicate different progeny group sizes: PG = genotyped individuals in the reference population have an own performance records (same individuals phenotyped and genotyped); when the progeny group size is, e.g., 20, the number of genotyped individuals in the reference population ( $n$ ) equals the total number of phenotypes divided by the size of the progeny group; accuracy  $r_{a|g}$  is calculated from Equations 2a-d, for  $N_g = 100$ ,  $L = 30$ , and  $\eta^2 = 0.3$ .

### Abstract

**Background:** Over the last ten years, genomic selection has developed enormously. Simulations and results on real data suggest that breeding values can be predicted with high accuracy using genetic markers alone. However, to reach high accuracies, large reference populations are needed. In many livestock populations or even species, such populations cannot be established when traits are difficult or expensive to record, or when the population size is small. The value of genomic selection is then questionable.

**Methods:** In this study, we compare traditional breeding schemes based on own performance or progeny information to genomic selection schemes, for which the number of phenotypic records is limiting. Deterministic simulations were performed using selection index theory. Our focus was on the equilibrium response obtained after a few generations of selection. Therefore, we first investigated the magnitude of the Bulmer effect with genomic selection.

**Results:** Results showed that the reduction in response due to the Bulmer effect is the same for genomic selection as for selection based on traditional BLUP estimated breeding values, and is independent of the accuracy of selection. The reduction in response with genomic selection is greater than with selection based directly on phenotypes without the use of pedigree information, such as mass selection. To maximize the accuracy of genomic estimated breeding values when the number of phenotypic records is limiting, the same individuals should be phenotyped and genotyped, rather than genotyping parents and phenotyping their progeny. When the generation interval cannot be reduced with genomic selection, large reference populations are required to obtain a similar response to that with selection based on BLUP estimated breeding values based on own performance or progeny information. However, when a genomic selection scheme has a moderate decrease in generation interval, relatively small reference population sizes are needed to obtain a similar response to that with selection on traditional BLUP estimated breeding values.

**Conclusions:** When the trait of interest cannot be recorded on the selection candidate, genomic selection schemes are very attractive even when the number of phenotypic records is limited, because traditional breeding requires progeny testing schemes with long generation intervals in those cases.

seit 2011

Fachgespräch genomische Selektion, Vechta, 29.09.2015 (Gesundheitsdaten & genomische Selektion / STOCK) Suppl.3d

# Genomische Selektion beim Pferd: KWPN / NL – Öffentlichkeitsarbeit



- Agenda Ledenraadsvergadering woensdag 10 april 2013, te houden in PostBil in Hotels Amersfoort Veluwemeer te Nulde – Putten
- Aanvang 19.30 uur
1. opening
  2. ingekomen stukken en mededelingen
  3. genomische selectie
  4. jaarverslag / jaarrapportage 2012
  5. (jaar)planningen
  6. vaststelling aanpassing reglementen
  7. verslag vorige vergadering
  8. mededelingen door de Vertouwingscommissie
  9. rondvraag / afscheid LIR-leden
  10. sluiting



seit 2013

Fachgespräch genomische Selektion, Vechta, 29.09.2015 (Gesundheitsdaten & genomische Selektion / STOCK) Suppl.3e