

RECHTS | Für welches Aufzuchtferd lohnt sich eine gute Ausbildung? Kann dies die genomische Selektion vorhersagen?

Illusion oder potenter Weg?

Die internationale Rinderzucht hat die genomische Selektion 2010 erfolgreich eingeführt und größtenteils ihre Zuchtprogramme umgestellt. Aktuelle Zahlen zeigen Fakten, die die Wirtschaftlichkeit der großen Zuchtunternehmen deutlich steigern.

Die Ausgaben für die Vatertieranschaffung und deren Aufzucht konnten auf unter 10% eines konventionellen Zuchtprogramms reduziert werden, bei einer zeitgleichen Steigerung des Zuchtfortschritts über 200% pro Jahr. Diese finanzielle Beflügelung und der genetische Vorteil soll nun die Pferdezucht reformieren und für Züchter, Aufzüchter sowie letztlich die Zuchtorganisationen eine Risikominimierung und größeren Erfolg bringen – so weit die Propaganda oder die Zielsetzung. Aber ist dieses in der Pferdezucht möglich?

Grundlagen und praktische Durchführung: Rinderzucht respektive Pferdezucht

Die Besamungsprogramme der Milchzucht mit Besamungen durch Testbullen und anschließender Zuchtwertschätzung durch Nachkommensprüfung der Töchter sind Grundlage eines konventionellen Rinderzuchtprogramms. Ein für die Pferdezucht nicht denkbares Modell, da die Nutzung eines Junghengstes nach anderen Kriterien erfolgt (z.B. Körergebnis, Hengststation etc.) und somit nur eine vergleichsweise kleine Anzahl von Nachkommen für einen Junghengst zur Verfügung steht. Das bei Jungbullen angewandte System bietet jedoch eine sehr hohe Zuchtwertgenauigkeit mit einem relativ langen Generationsintervall von etwa sechs Jahren (KÖNIG und SIMIANER, 2007). Für funktionelle, gesundheitliche Merkmale, stellt diese Selektionsmethode durch niedrige Heritabilitäten und mäßige phänotypische Datengrundlagen weitere Schwierigkeiten dar. Seit Jahrzehnten wird deswegen an einer Optimierung geforscht. Diese funktionellen Merkmale spielen in der Pferdezucht ebenfalls eine untergeordnete Rolle, zwar werden Hengste z. B. nach röntgenologischen Aspekten zur Körung zugelassen, jedoch erfolgt eine solche Untersuchung auf Stutenbasis nur in Einzelfällen.

Grundlage der genomischen Selektion ist es, bestimmte Abschnitte des Erbguts mit gewissen Merkmalen zu verknüpfen, die sich im äußeren Erscheinungsbild oder Leistungen

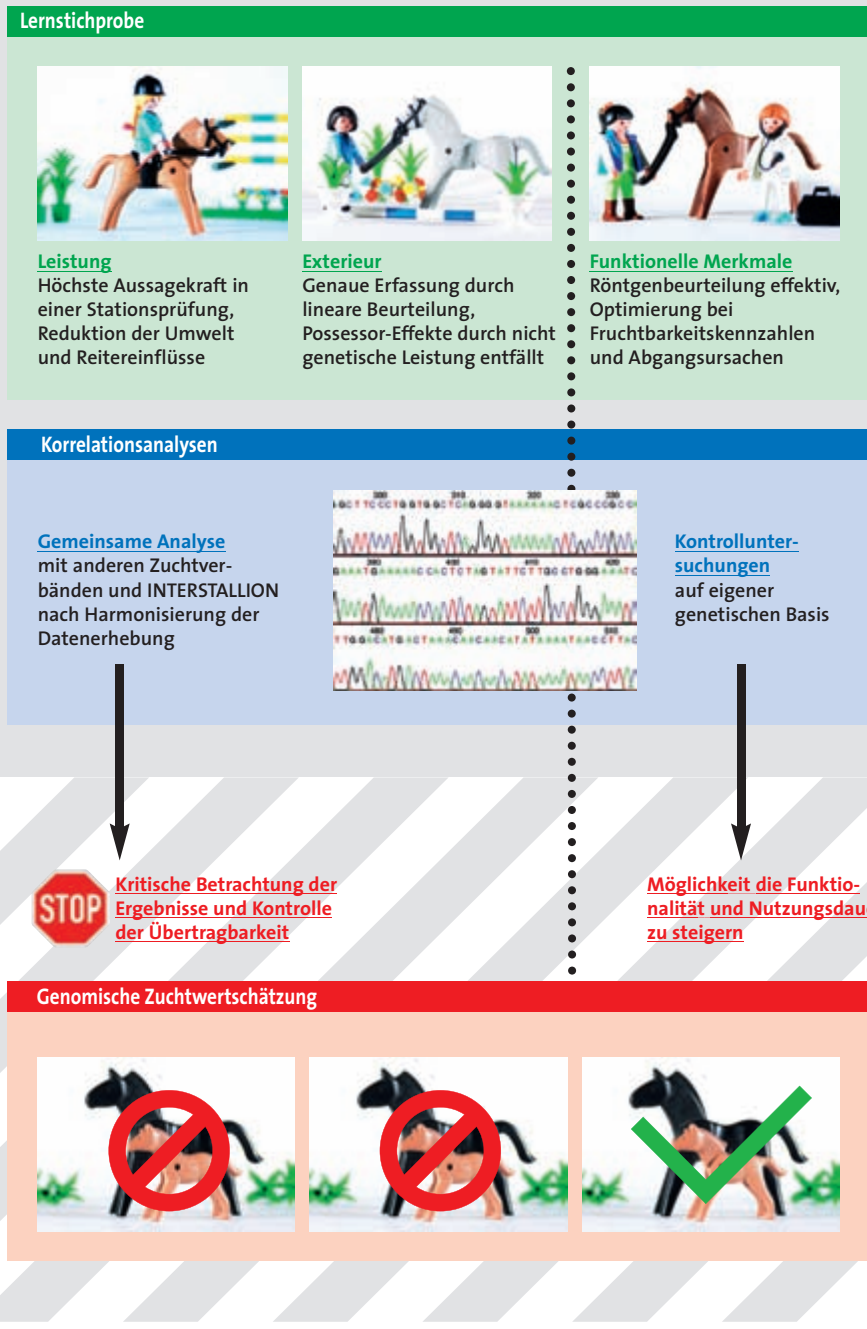
widerspiegeln – alles mit dem Ziel, über eine Analyse der genetischen Information Rückschlüsse auf den zu erwartenden Phänotyp zu erhalten.

Hierzu bedient man sich eines so genannten quantitativen trait locus (QTL; quantitativer Merkmalsassoziierter Genort). Dieser Genabschnitt beschreibt ein quantitativ-genetisch vererbtes Merkmal, der jedoch wegen seiner Größe nur in wenigen Fällen eine signifikante Verbindung zu relevanten Merkmalen zulässt. Daraufhin wurden genetische Marker beschrieben, welche sich gut lokalisieren lassen und in unmittelbarer Nähe zu den gesuchten Merkmalsgenen liegen und die Suche vereinfachen. Allerdings konnten hierfür in der Rinderzucht nur kleine Effekte beschrieben werden, so dass hierüber nur eine limitierte Selektion erfolgen konnte (HAYES und GODDARD, 2001), häufig wurden Familienabhängigkeiten beobachtet (DEKKERS, 2004) oder die QTLs waren unkorrekt positioniert (SPELMAN und VAN ARENDONK, 1997). Genomische Untersuchungen von GU et al. (2009) an Englischen Vollblütern haben im Vergleich zu Achal Tekkinern, Connemaras, und einem züchterisch wenig bearbeiteten Landrassenpferd im Ponytyp zahlreiche Markergene für z. B. den Stoffwechsel und die Muskelentwicklung gefunden: Eine Übertragungsmöglichkeit auf die Pferdepopulation ist jedoch fraglich und würde mehrerer langjähriger Forschungsprojekte bedürfen.

Eine Weiterentwicklung der Suche nach genetischen Merkmalen ist die genomische Selektion mittels SNP (single nucleotide polymorphism), sie wurde bereits in der letzten Ausgabe erläutert. Da jeder SNP eine punktuelle Veränderung darstellt, besteht einerseits weniger Information als bei einem Genmarker (KÖNIG und SIMIANER, 2007), jedoch sind sie durch ihre höhere Frequenz im Genom aussagekräftiger. Diese SNP können in der molekularbiologischen Forschung mittels so genannter Arrays (spezielle Untersuchungsplatten), die auch für das Pferd schon entwickelt wurden, detektiert werden.



DIE GENOMISCHE SELEKTION



LINKS | Schematische Darstellung und kritische Betrachtung der Schwach- und Stolperstellen.

nicht erreicht werden, jedoch liegt die Sicherheit je nach Merkmal mit 15 – 43 % über der von Pedigreeindizes (VAN RADEN et al., 2008; THALLER, 2009).

Und genau die Verbindung zwischen der genomischen Variation und der Leistungsfähigkeit der Lernstichproben stellt das Problem in der Pferdezucht da.

Datenerhebung und Lernstichproben in der Pferdezucht

Populationsgröße: Die Größe der Pferdepopulation, die aktiv in einem Zuchtprogramm teilnimmt, ist im Vergleich zu der Rinderpopulation geringer. Beachtet man, dass durch den weltweiten Handel mit TG-Sperma von Bullen die Population kontinentübergreifend genetisch ähnlich aufgebaut ist, können Lernstichproben für eine genetische Selektion aus der gesamten Welt aussagekräftiger aufgestellt werden. Die Pferdezucht hat sich in den letzten Jahrzehnten auch an einem genetischen Austausch für den Zuchtfortschritt bedient, jedoch sind einzelne Zuchtgebiete mehr oder weniger stark durch ihre Eigen-genetik geprägt. Hier ist vor allem die Genetik des Trakehners, des Holsteiner Pferdes und bedingt des Hannoveraners zu nennen. Für eine übergreifende genetische Analyse hat aber vor allem der Trakehner, durch sein geschlossenes Stutbuch, einen schweren Stand. Die Gesamtheit aller Ergebnisse aus der Pferdezucht kann nicht ohne Weiteres auf die Trakehner übertragen werden, da zwar genetisches Material aus der Trakehner Zucht in die Landes-pferdezucht ausgeführt

FOTOS: DR. PETER RICHTERICH, MIT FREUNDLICHER GENEHMIGUNG DER GDBRA BRANDSTÄTTE GMBH & CO. KG, ZIRNDORF

Im nächsten Schritt zum Aufbau der genomischen Selektion muss eine Vatertiergruppe mit gesicherten Zuchtwerten auf ihre SNPs getestet werden. Der genomische Zuchtwert eines Tieres ist somit die Summe der SNP-Effekte. Daraus folgt, dass die Selektion nicht mehr für das Tier, sondern für die Chromosomenabschnitte getroffen wird. Mit diesem Verfahren ist eine Zuchtwertgenauigkeit von bis zu 75% erreichbar. Nun können auch die Zuchtwerte von weiblichen Tieren mit einer sehr hohen Sicherheit vorhergesagt werden, was in der konventionellen Zucht nur schwer zu erreichen ist. Weiterhin ist die Sicherheit der Vatertiere viel schneller vorherzusagen, als es im Moment über die Nachkommenleistung möglich wäre. Die Sicherheit (über 95 %) von nachkommenbasierenden Zuchtwerten mit ausreichend geprüften Nachkommen kann

wird, aber nach dem Prinzip einer Einbahnstraße kein neues Material eingeführt wird. SNPs, welche in den Zuchtprogrammen Hannover, Oldenburg oder Westfalen zu einer positiven Selektion führen könnten, könnten durch eine mangelnde genetische Gemeinsamkeit zu einem negativen Effekt bei den Trakehnern führen. Aus diesem Grund werden z. B. bei den Milchviehrassen Holstein-Friesian und Brown Swiss eigenständige genetische Selektionsmuster erstellt. Wenn für die Trakehner Population eigene Selektionsmasken erarbeitet werden müssten, ist nach FALCONER (1984) zu beachten, dass für eine kleine Population oder eine stark selektierte Population eine besondere Gefahr der Inzucht und deren negativen Auswirkungen besteht. So würde bei der Einhaltung eines fiktiv festgesetzten Relativenzuchtwerts die Anzahl der ein-



Abb. 1



Abb. 2

ABB. 1 UND 2 | Zwei Prämienanwärterinnen der Eintragungssaison 2011 mit identischer Trabnote – eine erkennbar unharmonische Grundlage, die zur Ermittlung genetischer Korrelationen nicht funktionell ist, da verschiedene Richter nach GRUNDER und PIRCHNER (1991) potentiell unterschiedliche Noten bei Einhaltung der Rangierung vergeben.

gesetzten Hengste abfallen (NIEMANN et al., 2009), jedoch nur wenn die Anpaarungsentscheidungen nach diesen Kriterien getroffen werden und relative vage definierte Merkmale oder optische Einflüsse nicht berücksichtigt werden, was in der Pferdezucht allerdings schwer zu realisieren ist.

Exterieur: Genetische Marker für eine Exterieurselektion sind aus der aktuellen Beurteilung innerhalb des Deutschen Reitpferdes schwer zu erarbeiten. Grund sind die uneinheitlichen Beurteilungsmodelle. Der Trakehner Verband beurteilt Typ (Rasse und Geschlechtstyp), Körper, Fundament, Schritt, Trab, Galopp und zusätzlich den Gesamteindruck in dem zusätzliche Kriterien einbezogen werden. Dem gegenüber beurteilt der Hannoveraner und auch der Verband Mecklenburger Pferde den Typ (Rasse- und Geschlechtstyp), die Körperbauqualität unterteilt in Kopf, Hals, Sattellage, Rahmen, Vordergliedmaßen, Hintergliedmaßen gefolgt von Korrektheit des Ganges sowie Elastizität (Trab und Galopp), Schritt, einem Gesamteindruck und einer Gesamtnote, die sich aus den Einzelnoten ergibt, sowie zusätzlich die Benotung der Reitpferdepunkte (Körper- und Typnoten) und des Fundaments (Gliedmaßen- und Bewegungsnoten). Beide Beurteilungssysteme haben ihre Vor- und Nachteile. Klar wird aber, dass andere Zuchtverbände eine genauere Datenerhebung durchführen. Hierdurch können Zuchtprogramme einfacher geführt werden und für eine Lernstichprobe stünden aussagefähigere Werte zur Verfügung.

Nach dem gleichen Bewertungsschema wie für die erwachsenen Pferde werden bei den Trakehnern auch Fohlen bewertet, um eine frühzeitige Information über die Vererbungstendenzen eines Vätertiers zu erhalten. Zahlreiche Untersuchungen in unterschiedlichen Zuchtgebieten (z.B. DIETL et al., 2004; PREISINGER et al., 1991) zeigen jedoch eine schwache bis nicht vorhandene Korrelation zwischen der Fohlenbeurteilung und der Beurteilung anlässlich der Stuteneintragung auf. Allerdings gibt es hier auch gegensätzliche Aussagen. Das bedeutet, dass einzelne Merkmale der Fohlenbewertung statistisch nicht gesichert herangezogen werden können bzw. dürften.

Eine zusätzliche Schwierigkeit, neben den nicht identisch

verteilten Bewertungskriterien, sind die teilweise subjektiven Bewertungen. So sind nach einer Studie von GRUNDER und PIRCHNER (1991) signifikante Unterschiede in der Bewertung von Richtern zu finden bei einer zeitgleichen Übereinstimmung der Rangierung. Somit sind die besten Pferde an die Tete gestellt, nur sind „exakte“ Noten nicht vorhanden: Diese sind für Korrelationsanalysen jedoch von größter Wichtigkeit, da nur so aussagefähige Ergebnisse erzielt werden können. Die Rinderzucht hat aus Gründen der Objektivierung eine lineare Beurteilung zur Exterieurbeurteilung eingeführt. Eine funktionelle, jedoch auch zeitaufwändigere Beurteilung für die Pferdezucht (HARTMANN, 1993; HARTMANN et al, 1994; KOENEN et al, 1995; FISCHER et al., 1995). Der Zuchtverband KWPN verwendet für seine lineare Beurteilung 26 Einzelmerkmale zur objektiven Beschreibung von Pferden bei Körperveranstaltungen. Eine Klassifizierung in ein Prämiensystem zur Qualitätsdokumentation der Hengste und Stuten müsste jedoch hierzu für das Trakehner Pferd erarbeitet werden. Durch ein solches System können auch Possessor-Effekte reduziert werden, da jedes Pferd unabhängig seiner nicht genetisch fixierten Vorleistung beurteilbar ist.

Leistungsvermögen: Verfügbare nationale und internationale Informationen stammen aus der Leistungsprüfung von Stuten und Hengsten, Turnierergebnissen und zum Teil aus geschätzten Daten. Eine effektive Selektion kann jedoch nur erfolgen, wenn die verfügbaren Informationen transparent sind (KOENEN, 2002). Da eine internationale Harmonisierung der Zuchtwertschätzung schwierig ist, wurde 1998, konform der aus der Rinderzucht stammenden Arbeitsgruppe INTERBULL, ein Arbeitskreis namens INTERSTALLION gegründet, der genau diese Problematik verbessern sollte. Leistungstests können auf drei unterschiedlichen Wegen durchgeführt werden: Sport bzw. Turnier mit der größten Kapazität, Ein-Tagesprüfungen (Feldtest) und Stationsprüfungen mit der höchsten Genauigkeit. Im Turniersport unterliegen die Daten einer sehr großen Variation und sie können erst in einem höheren Nachkommensalter erhoben werden, was das Generationsintervall

verlängert und nur eine relativ niedrige Heritabilität aufweist (h^2 etwa 0,1 – 0,3; KOENEN, 2002). Grund für die niedrigen Erblichkeitswerte sind eine Vorselektion des Pferdmaterials und das unterschiedliche Leistungsniveau der Reiter, so dass auch hier Possessor-Effekte zu beobachten sind. Aus diesem Grund werden Turnierergebnisse unterschiedlich und teilweise gar nicht in die Zuchtwertschätzung einbezogen. Die höchsten Heritabilitäten (h^2 etwa 0,2 – 0,9; WILLMS et al., 1999; KOENEN, 2002) und Genauigkeiten können auf einer Stationsprüfung erzielt werden. Es bestehen einheitliche Bedingungen und es werden Noten aus der Trainingseinheit vergeben, die nach DIETL et al. (2005) besser die Veranlagung eines Pferdes beschreiben als eine einmalige Richterbeurteilung. Zusätzlich ist das Alter der Nachkommen für einen schnellen Zuchtfortschritt optimal. Nach VIKLUND et al. (2008) sind die Ergebnisse von dreijährigen Pferden in der Heritabilität höher einzuschätzen als erhobene Daten von älteren Pferden.

Demnach ist auch in der Datenerhebung des Leistungsniveaus eine Varianz zu finden, die eine Lernstichprobe angreifbar macht und für eine Reinzucht eventuell zu wenig gesicherte Daten liefert.

Funktionelle Merkmale: Sie betreffen vor allem veterinärmedizinische Aspekte. STOCK und DISTL (2006) fanden genetische Korrelationen zwischen röntgenologischen Daten und Ergebnissen der Stuteneintragung und den Leistungsprüfungen bei hannoveranischen Auktionskandidaten. In einer molekularbiologischen Untersuchung an hannoveranischen Stutenstämmen konnten QTLs gefunden werden, die für eine genomische Selektion von Nutzen wären. Jedoch ist auch hier zu bedenken, dass diese Daten an Nicht-Trakehnern erhoben wurden und eine spezifische Analyse in der Trakehner Population notwendig wäre, um die Übertragbarkeit zu prüfen.

Die Fruchtbarkeit von Stuten und Hengsten ist ein weiteres

funktionelles Merkmal, jedoch ist auch hier die Datengrundlage schwammig. Stutenhalter senden die Abfohlmeldungen bei lebend geborenen Fohlen an den Verband, eventuelle Totgeburten, Verfohlungen oder Resorptionen werden selten gemeldet. Hierdurch sinkt die Aussagekraft der registrierten Daten, auch vorkommende Missbildungen werden nicht erfasst. Non-Return-Raten von Hengsten, wie sie in der Rinderzucht üblich sind und für die Bullen angegeben werden, sind nicht existent, würden aber für eine vollständige Lernstichprobe benötigt.

Abgangsursachen oder Merzungsgründe von Zuchttieren oder Reitpferden werden in den meisten Fällen nicht angegeben. Ein Kriterium, welches in der Rinderzucht allerdings ein wichtiges Merkmal zur Errechnung des relativen Zuchtwerts Nutzungsdauer ist. Eine Optimierung in diesem Bereich wäre von Nöten, um die Gesundheit in einer Reitpferdepopulation zu steigern. Allerdings könnten auch hier Possessor-Effekte und Umwelteinflüsse zu Tage treten, die eine Nutzung dieser Daten verhindern.

Fazit für die Pferdezucht

Die genomische Selektion zur Erlangung eines gesicherten und schnellen Zuchtfortschritts in einer züchterisch bearbeiteten Population ist das zur Zeit modernste Verfahren, von dem man sich nicht abwenden, aber das man auch nicht unkritisch anwenden sollte. Neuerungen in der Tierzucht hat es immer gegeben und sie haben die Pferdezucht bis heute züchterisch weitergebracht. Die Einführung von Leistungsprüfungen junger Hengste 1926 in Zwion ist einer dieser Meilensteine der Selektion, der mit zahlreichen Modifikationen bis heute eines der wichtigsten Kriterien in einer Reitpferdezucht darstellt. Um die genomische Selektion in der Pferdezucht einzusetzen, benötigt man eine harmonische Datengrundlage zur Korrelationsanalyse, die ohne eine Überarbeitung und Sanierung der

Bewertungskriterien und Selektionsstufen nicht erzielt werden kann. Wenn dieses Fundament nicht geschaffen wird, braucht eine Diskussion über die Einführung der genomischen Selektion nicht geführt zu werden.

Dr. Peter Richterich

Literaturverzeichnis beim Autor

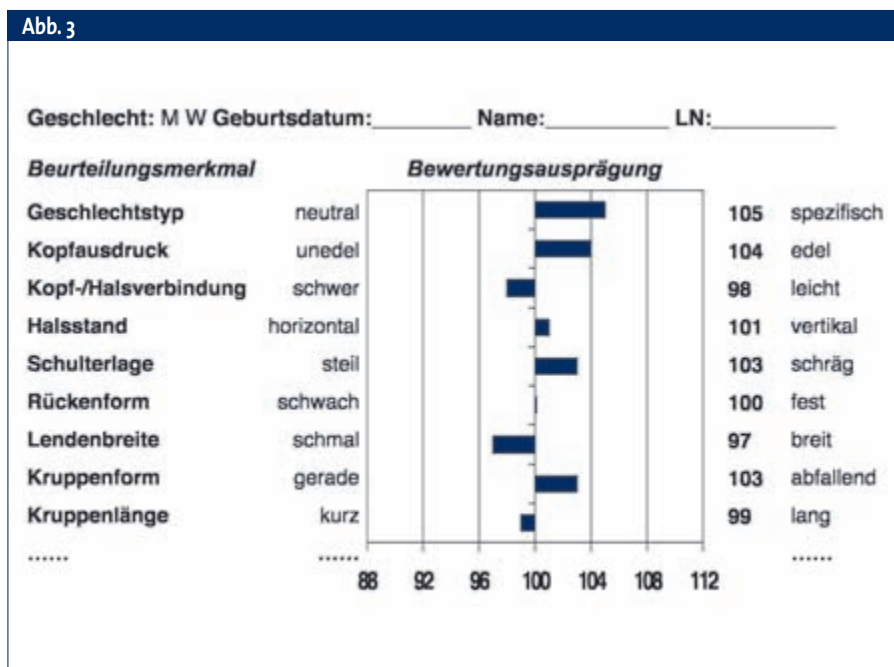


ABB. 3 | Beispielhafte Darstellung einer Linearen Beurteilung nur der beiden Kriterien Typ (Note 8) und Körper (Note 7). Abweichungen in die eine oder andere Richtung sind eindeutig und nachvollziehbar.