

## **Entwicklung und Umsetzung der genomischen Selektion für das Stockmaß**

*Mirell Wobbe<sup>1,2</sup>, Hatem Alkhoder<sup>1</sup>, Zengting Liu<sup>1</sup>, Nina Krattenmacher<sup>3</sup>, Reinhardt Reents<sup>1</sup>, Wietje Nolte<sup>4</sup>, Jens Tetens<sup>5</sup>, Georg Thaller<sup>3</sup>, Kathrin F. Stock<sup>1,2</sup>*

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

### **1. Einleitung**

In der Reitpferdezucht stehen meist Leistungseigenschaften des Pferdes, die den erfolgreichen Einsatz im Sport bzw. spezifisch die Gangarten oder das Springen beschreiben, im Vordergrund. Darüber hinaus haben aber auch Exterieurmerkmale züchterische Bedeutung und werden demgemäß im Rahmen der Zuchtprogramme erfasst. Die Größe des Pferdes nimmt hierbei eine gewisse Sonderstellung ein, da sie im Gegensatz zu den übrigen eintragungsrelevanten Merkmalen objektiv erfasst, nämlich üblicherweise als Stockmaß gemessen, wird. Neben der objektiven Erfassung handelt es sich bei der Größe des Pferdes zudem um ein Merkmal mit einer hohen Erbllichkeit (0,49-0,53 für Warmblutpferde; STOCK u. DISTL 2006, TETENS et al. 2013), zu dem bereits Ergebnisse etlicher Forschungsarbeiten vorliegen (u.a. SIGNER HASLER et al. 2012, METZGER et al. 2013, REICH et al. 2024).

In einer Initiative der deutschen Warmblutpferdezucht zur Etablierung genomisch unterstützter Verfahren wurde das Merkmal Stockmaß / Größe aus genau diesen Gründen als geeignetes Referenzmerkmal eingestuft und ausgewählt, um nachfolgend als Bezugspunkt für die Evaluierung der Arbeiten mit einer gemeinsamen, gemischten Lernstichprobe zu dienen. Nach Vervollständigung der in der Projektphase 5.000 Pferde umfassenden Lernstichprobe Ende 2020, stellten VOSGERAU et al. (2022) erste Ansätze für ein genomisches Zuchtwertschätzverfahren für das Referenzmerkmal Widerristhöhe vor. Diese erfolgreichen Arbeiten lieferten den Beleg für die grundsätzliche Eignung einer verbandsübergreifenden Lernstichprobe als Basis für genomisch unterstützte Anwendungen. Nach Umstellung der Abstammungsüberprüfung von einem Mikrosatelliten- hin zu einem SNP-basierten Verfahren, welche mehrere Zuchtverbände ab der Zuchtsaison 2021 vornahmen (NOLTE et al. 2022), stieg zum einen die Anzahl an Pferden mit verfügbaren genomweiten Single Nucleotide Polymorphism (SNP)-Genotypen stetig. Zum anderen konnte auch die genomische Lernstichprobe weiter anwachsen, da jede Datenerfassung zu züchterisch relevanten Merkmalen an Pferden der aktuellen Geburtsjahrgänge verbandsseitig nun bei Bedarf mit SNP-Genotypdaten verknüpft werden und so zur Stärkung der Informationsgrundlage für genomisch unterstützte Anwendungen herangezogen werden kann.

Diese Entwicklung ermöglichte Anfang des Jahres 2024 den Übergang vom Stadium fortgeschrittener Forschungs- und Entwicklungsarbeit zur Auswertungsroutine zur genetischen Größe, für die mittlerweile eine gut 6.500 Pferde umfassende Lernstichprobe zur Verfügung steht. Im folgenden Beitrag wird das Verfahren und damit die Grundlage des seit Ende Februar 2024 verfügbaren genomischen Zuchtwertes Größe (gZW Größe) vorgestellt. Als „genetische Größe (Warmblut)“ können Züchter bzw. Zuchtverbandsmitglieder seitdem für ihre eigenen Pferde das Merkmal innerhalb der bestehenden Infrastruktur der genomischen Services Pferd auswählen, die Ermittlung beauftragen und schließlich den gZW Größe ihres Pferdes individuell abrufen. Die bereits im System bereitgestellten Informationen zur Einordnung des Ergebnisses sollen durch die folgenden Ausführungen ergänzt werden. Diese umfassen insbesondere auch die zuletzt vorgenommenen Anpassungen des Schätzsystems, die der Modelloptimierung im Hinblick auf den verbandsübergreifenden Ansatz dienen und zur Zuchtsaison 2025 umgesetzt werden bzw. wurden.

## **2. Material und Methode**

### 2.1 Datengrundlage

Für die Entwicklung eines gZWS-Routineverfahrens für das Merkmal Größe / Stockmaß standen die Ergebnisse von Messungen der Widerristhöhe von deutschen Warmblutzuchtverbänden zur Verfügung, die unter dem Dach der International Association of Future Horse Breeding GmbH & Co KG (IAFH) mit dem Ziel der Förderung des Einsatzes genomisch unterstützter Verfahren zusammenarbeiten. Daten folgender Verbände gingen in die Auswertungen ein: Verband der Züchter des Oldenburger Pferdes e.V. (OL), Springpferdezuchtverband Oldenburg International e.V. (OS), Trakehner Verband e.V. (TRAK), Verband der Züchter des Holsteiner Pferdes e.V. (HOL), Westfälisches Pferdestammbuch e.V. (WESTF), Hannoveraner Verband e.V. (HAN) und Mitgliedsverbänden der Arbeitsgemeinschaft Deutsches Sportpferd GmbH (DSP). Die Messungen waren im Rahmen der routinemäßigen Pferdebeurteilung auf Zuchtveranstaltungen der beteiligten Verbände erfolgt und die Messwerte in cm in die elektronische Zuchtbuchführung übernommen worden. Über diese wurden die Daten für die in diesem Beitrag dargestellten Arbeiten bereitgestellt.

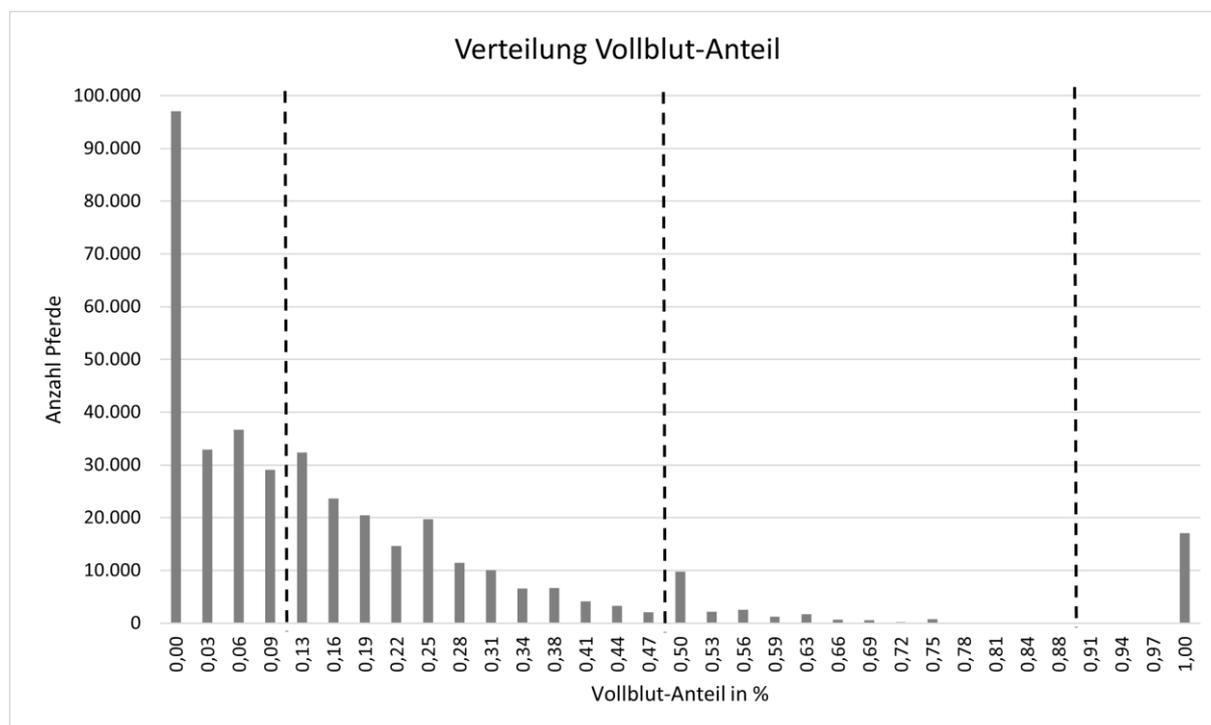
Unter Bezugnahme auf den Datenstand, anhand dessen mögliche Optionen einer Modelloptimierung geprüft wurden, standen insgesamt gut 59.000 Phänotypen (erfasst zwischen 2013 und 2022) für die Auswertungen zur Verfügung. SNP-Genotypdaten lagen einerseits für die IAFH-Lernstichprobenpferde und andererseits für Pferde vor, die im Kontext der routinemäßigen Abstammungsüberprüfung auf Veranlassung der IAFH-Gesellschafterverbände untersucht worden waren. Die SNP-Genotypisierung war dementsprechend mit verschiedenen, kommerziell verfügbaren SNP-Chips

mittlerer Dichte von Illumina / Neogen (Hersteller Illumina Inc.) durchgeführt worden: Equine 70k BeadChip® (65.157 SNPs), GGP Equine Plus BeadChip® (71.947 SNPs, ab 2018), sowie Equine80selectPL BeadChip® Version 1 (85.401 SNPs) und Version 2 (86.138 SNPs).

## 2.2 Modellierung

Auswertungen im Rahmen der IAFH-Projektarbeiten hatten 2023 einen Heritabilitäts-schätzwert von 0,58 für die Größe innerhalb der deutschen Reitpferdepopulation ergeben. Die Routineimplementierung der gZWS Größe war in Bezugnahme auf diesen Wert erfolgt. Für die gZWS wurden für alle Pferde mit Phänotypdaten Abstammungsinformationen über vier Ahnengenerationen berücksichtigt, so dass die Verwandtschaftsmatrix insgesamt 251.739 Pferde umfasste.

Die jüngste Überprüfung und Anpassung des gZWS- Modelles steht in Beziehung zum fixen Effekt des Vollblutanteils. Dessen Modellierung dient der Absicherung der zuverlässigen Einschätzung der genetischen Größe bei Pferden mit einem hohen Anteil englischer Vollblutpferde unter seinen Ahnen. Die Ermittlung des prozentualen Anteils englischen Vollblutes erfolgt unter Bezugnahme auf das auch für die gZWS genutzte, insgesamt fünf Generationen umfassende Pedigrees. **Abbildung 1** zeigt die Verteilung der sich ergebenden Vollblutanteile für alle Pferde, die in das gZWS-System eingehen. Die daraus abgeleitete Einteilung in vier Klassen ist durch die gestrichelten senkrechten Linien gekennzeichnet.



**Abbildung 1: Verteilung des Anteils englischer Vollblutahnen bei allen Pferden im gZWS-System für Größe (N = 251.739 Pferde).**

Das Merkmal Größe / Stockmaß wurde unter Verwendung des folgenden linearen Tiermodelles analysiert:

$$y_{ijmnoq} = \mu + VB_i + ZJ_j + ALTER_m + SEX_n + pXX_o + tier_p + pe_q + e_{ijmnoq}$$

Dabei ist  $y$  der Phänotyp und  $\mu$  der Gesamtmittelwert.  $VB$  ist der fixe Effekt des  $i$ -ten Zuchtverbandes ( $i = 1-7$ ),  $ZJ$  der fixe Effekt für das Zuchtjahr, unterteilt in Klassen ( $j = 1-6$ ; 2001-2006, 2007-2009, 2010-2011, 2012-2013, 2014-2015, >2015),  $ALTER$  der fixe Effekt für das Alter, unterteilt in drei Klassen nach Monaten ( $m = 1-3$ ; >39M, 40-60M, >60M),  $SEX$  der fixe Effekt für das Geschlecht ( $n = 1-2$ ; männlich, weiblich) und  $pXX$  der fixe Effekt des Vollblutanteils ( $o = 1-4$ ; < 12 %, 12 - < 50%, 50 - 90 %,  $\geq 90$  % englisches Vollblut).  $tier$  ist der zufällige additiv-genetische Effekt ( $p = 1-251.739$ ),  $pe$  der zufällige permanente Umwelteffekt und  $e$  der zufällige Resteffekt.

Für die Lösung des Gleichungssystems kam das Softwarepaket MiX99, X/2023 Version 23.1026 (VUORI et al. 2006), zum Einsatz. Die Datenaufbereitung einschließlich Qualitätskontrolle, die Ergebnisverarbeitung und die Datenanalysen erfolgten mit der Software Python Version 3.10.4 (PYTHON CORE TEAM, 2015).

### 2.3 Ergebnisaufbereitung

Die Standardisierung der geschätzten genomischen Zuchtwerte (gZW) erfolgte auf ein Mittel von 100 mit einer genetischen Standardabweichung von 20. Als Basis (gZW 100) wurde die Gruppe von 5- bis 7-jährigen Pferden mit Phänotyp definiert. Aktuell umfasst diese 9.075 Pferde, die zwischen 2017 und 2019 geboren sind und für die sich ein mittleres Stockmaß von 167,5 cm ergibt.

Die Implementierung der genomischen Zuchtwertschätzung als Routineverfahren erfolgte Ende Februar 2024. Züchter bzw. sonstige Zuchtverbandsmitglieder können seitdem das Merkmal „genetische Größe“ für eigene Pferde im individuellen online-Account (ZüchterOnline) beauftragen. Als Alternative zur selbstständigen Antragstellung können berechtigte Personen sich auch an ihren Zuchtverband wenden, der dann im Auftrag die Freischaltung der genetischen Größe für das betreffende Pferd veranlasst. Sollte für das jeweilige Pferd noch keine SNP-Genotypisierung vorliegen, wird diese automatisch mit beauftragt und zunächst veranlasst. Nach Rücklieferung der SNP-Genotypdaten aus dem Labor erfolgt dann deren Berücksichtigung im nächsten Routinelauf der genomischen Zuchtwertschätzung. Ein Ergebnis erhält der Anwender in Form eines Zahlenwertes (gZW Größe) und einer individuellen Interpretation zuzüglich einer allgemeinen Einordnung (PDF in deutsch- und englischsprachiger Form). Desweiteren steht ein im online-Account ein Merkblatt mit weiteren Erläuterungen zur Verfügung, auf das im Bedarfsfall zurückgegriffen werden kann.

### 3. Ergebnisse und Diskussion

#### 3.1 Modellierung des Vollblutanteils

Englische Vollblüter zeichnen sich durch ein eher mittleres Stockmaß aus (z. B. TOZAKI et al. 2016). Im vorliegenden Datenmaterial konnte dies anhand von N = 814 reinen englischen Vollblutpferden mit bekannter Größe bestätigt werden: Für sie ergab sich ein mittleres Stockmaß von 163,9 cm, das damit deutlich niedriger lag als das innerhalb der Basispopulation von Warmblutpferden (s. o.; mittleres Stockmaß von 167,5 cm). Die folgende Tabelle zeigt die Ergebnisse der Analyse der Größe in Abhängigkeit vom Vollblutanteil (**Tab. 1**).

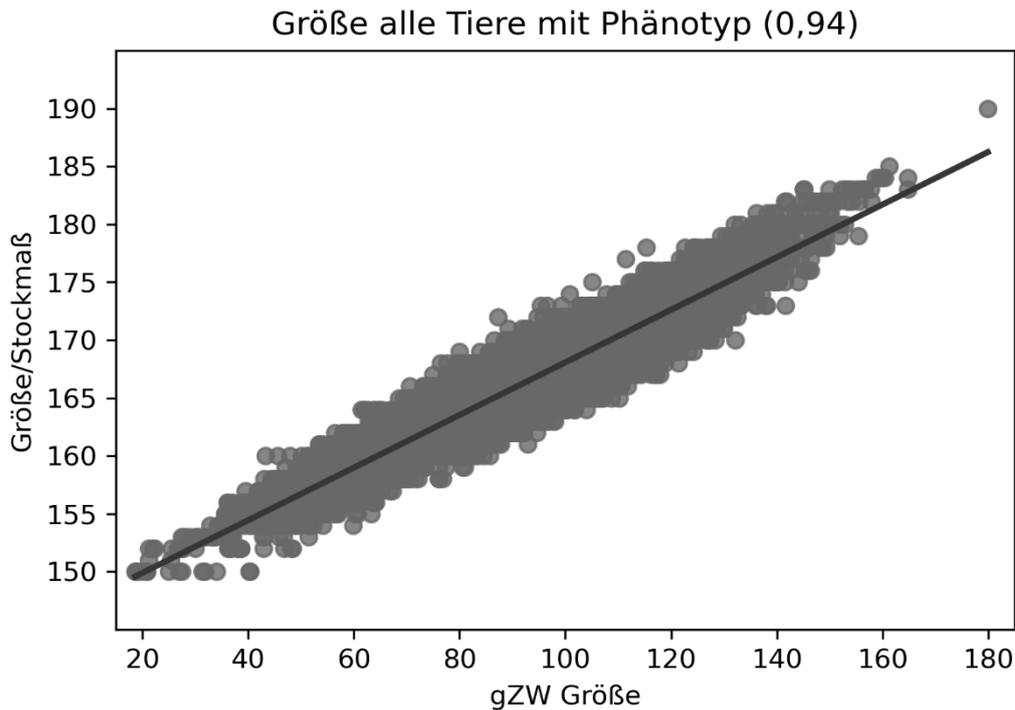
**Tabelle 1: Mittleres Stockmaß nach Vollblutanteil (vierstufige Einteilung entspricht Klasseneinteilung des fixen Effektes Vollblutanteil).**

Vollblutanteil in %	Anzahl Pferde mit Phänotyp	Mittelwert Stockmaß
< 12	24.396	167,3 cm
12-49	32.369	167,2 cm
50-90	1.714	165,8 cm
≥ 90	843	163,9 cm

Im Vergleich zu Warmblutpferden mit maximal einem englischen Vollblüter unter den Vorfahren der ersten vier Ahnengenerationen hatten Pferde mit zwei oder mehr englischen Vollblutvorfahren im Mittel ein geringeres Stockmaß. Ab einem Vollblutanteil von 50 % zeigten sich diese Unterschiede deutlich und waren statistisch abzusichern. Die Verfügbarkeit von SNP-Genotypdaten zu englischen Vollblutpferden ist derzeit gering (N = 88 Pferde, davon nur N = 51 mit bekannter Größe; mittleres Stockmaß 162,9 cm). Die Berücksichtigung des mehrstufigen fixen Effektes Vollblutanteil im gZWS-Modell gewährleistet, dass dem nicht nur reine englische Vollblutpferde betreffenden Rasseinfluss bei der Ermittlung der genetischen Größe angemessen Rechnung getragen wird.

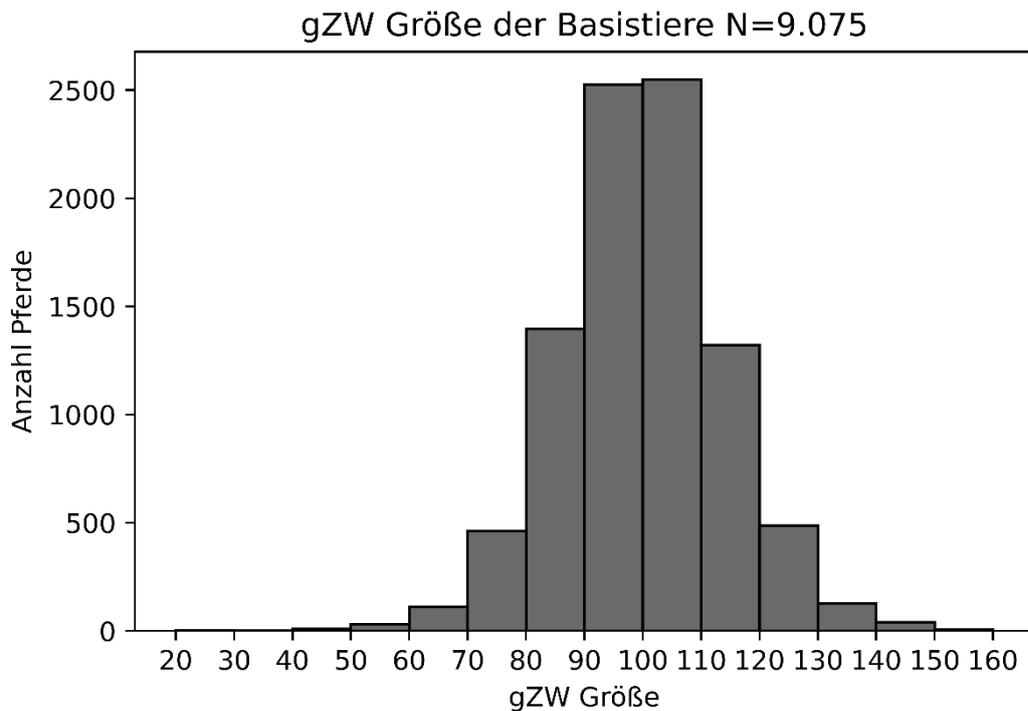
#### 3.2 Genomischer Zuchtwert Größe

Um die Einordnung eines individuellen gZW Größe zu unterstützen, erfolgten die Ermittlung der Korrelation sowie die grafische Gegenüberstellung von Phänotyp (Größe / Stockmaß) und Genotyp (gZW Größe). Die nachstehende Abbildung illustriert den hohen Korrelationskoeffizienten nach Pearson von 0,94, der sich ergab und ist in dieser Form auch im Merkblatt für Nutzer der genomischen Services inkludiert (**Abbildung 2**).



**Abbildung 2: Verteilung der genetischen Größe (gZW Größe) in Abhängigkeit von ihrem Stockmaß (N = 59.322 Pferde mit bekannter Größe im gZWS-System).**

Innerhalb der aktuell herangezogenen 5–7-jährigen Basispferde ergab sich eine Verteilung der gZW Größe wie folgt (**Abbildung 3**):



**Abbildung 3: Verteilung der gZW Größe innerhalb der Pferde der aktuellen Basispopulation (Geburtsjahre 2017 -2019, N = 9.075).**

## Fazit und Ausblick:

Mit dem Merkmal „genetische Größe (Warmblut)“ wurde für die deutsche Reitpferdezucht erstmals eine genomische Zuchtwertschätzung als Routineverfahren etabliert. Das klar definierte und objektiv erfasste, dabei disziplinübergreifend züchterisch relevante Merkmal ist geeignet, den Vertrauensaufbau in das Konzept der genomischen Selektion zu fördern und so den Grundstein für eine Ausweitung des Spektrums der Schätzmerkmale zu legen. Die Aussagekraft des gZWS-Systems wird über regelmäßige Validierungen und kontinuierliche Qualitätskontrollen abgesichert. Jährliche gZW-Aktualisierungen im Zuge der Phänotypdaten-Erweiterung und Basisanpassung gewährleisten, dass Züchter / Zuchtverbandsmitglieder Zugang zur jeweils bestmöglichen Einschätzung der genetischen Größe ihrer Pferde haben und so gezielte Unterstützung in züchterischen Entscheidungen erfahren.

## Literaturnachweis:

- METZGER, J., R. SCHRIMPF, U. PHILIPP u. O. DISTL 2013: Expression levels of LCORL are associated with body size in horses. PLoS ONE 8, e56497. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0056497>
- NOLTE, W., H. ALKHODER, M. WOBBE, K. F. STOCK, E. KALM, S. VOSGERAU, N. KRATTENMACHER, G. THALLER, J. TETENS u. C. KÜHN 2022: Replacement of microsatellite markers by imputed medium-density SNP arrays for parentage control in German warmblood horses. Journal of Applied Genetics 63(4), 783-792. <https://doi.org/10.1007/s13353-022-00725-9>
- PYTHON CORE TEAM 2015: Python: A dynamic, open source programming language. Python Software Foundation, online verfügbar unter <https://www.python.org/>.Python (Zugriff am 15.01.2025).
- REICH, P., S. MÖLLER, K. F. STOCK, W. NOLTE, M. VON DEPKA PRONDZINSKI, R. REENTS, E. KALM, C. KÜHN, G. THALLER, C. FALKER-GIESKE U. J. TETENS 2024: Genomic analyses of withers height and linear conformation traits in German Warmblood horses using imputed sequence-level genotypes. Genetics Selection Evolution 56, 45. <https://doi.org/10.1186/s12711-024-00914-6>
- SIGNER-HASLER H., C. FLURY, B. HAASE, D. BURGER, H. SIMIANER, T. LEEB u. S. RIEDER 2012: A genome-wide association study reveals loci influencing height and other conformation traits in horses. PLoS ONE 7, e37282. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0037282>
- STOCK, K. F. u. O., DISTL 2006: Genetic correlations between conformation traits and radiographic findings in the limbs of German Warmblood riding horses. Genetics Selection Evolution 38, 657-671. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-38-6-657>
- TETENS, J., P. WIDMANN, C. KÜHN u. G. THALLER 2013: A genome-wide association study indicates LCORL/NCAPG as a candidate locus for withers height in German Warmblood horses. Animal Genetics 44, 467-471. <https://doi.org/10.1111/age.12031>
- TOZAKI, T., F. SATO, M. ISHIMARU, M. KIKUCHI, H. KAKOI, K. HIROTA u. S. NAGATA 2016: Sequence variants of BIEC2-808543 near LCORL are associated with body composition in Thoroughbreds under training. Journal of Equine Science 27 (3), 107-114. <https://doi.org/10.1294/jes.27.107>
- VOSGERAU, S., N. KRATTENMACHER, C. FALKER-GIESKE, A. SEIDEL, J. TETENS, K. F. STOCK, W. NOLTE, M. WOBBE, I. BLAJ, R. REENTS, C. KÜHN, M. VON DEPKA PRONDZINSKI, E. KALM

## 10. Pferde-Workshop am 19. – 20. Februar 2025 in Bad Bevensen

u. G. THALLER 2022: Genetic and genomic characterization followed by single-step genomic evaluation of withers height in German Warmblood horses. *Journal of Applied Genetics* 63, 369-378. <https://doi.org/10.1007/s13353-021-00681-w>

VUORI, K., I. STRANDÉN, M. LIDAUER u. E. A. MÄNTYSAARI 2006: MiX99 – Effective solver for large and complex linear mixed models. In: *Proceedings of the 8<sup>th</sup> World Congress of Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP)*, 13.-18. August 2006, Belo Horizonte, Brazil.