



Service & Daten
aus einer Quelle

Uelzener Pferdeworkshop 2025
am 19./20. Februar 2025 in Bad Bevensen

Entwicklung und Umsetzung der genomischen Selektion für das Stockmaß

M. Wobbe^{1,2}, H. Alkhoder¹, Z. Liu¹, N. Krattenmacher³, R. Reents¹,
W. Nolte⁴, J. Tetens⁵, G. Thaller³, K. F. Stock^{1,2}

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

Übersicht



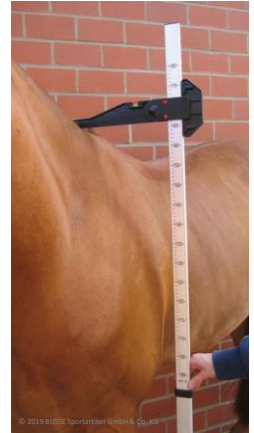
- ❖ Hintergrund: Größe / Stockmaß – Stellenwert innerhalb Zuchtzielmerkmale
- ❖ genomische Zuchtwertschätzung für das Stockmaß deutscher Warmblutpferde
 - Datengrundlage
 - Modellierung
 - Implementierung (Veröffentlichung / Verfügbarkeit von Angaben zur genetischen Größe)
- ❖ Fazit und Ausblick



Queller: St-Georg / ©Kiki Beplitz

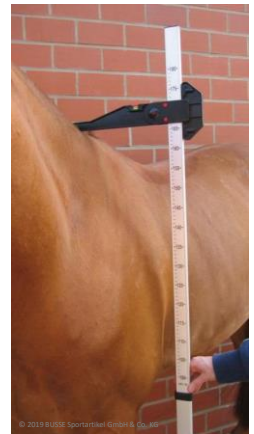
Größe in der Pferdezucht (I)

- ❖ selten im Vordergrund stehendes, aber durchaus wichtiges Zuchtzielmerkmal
- ❖ relevante Zusammenhänge
 - Exterieur / Funktionalität
 - Gesundheit
 - Leistungsvermögen
- ❖ zusätzlich:
 - objektives, einfach zu erfassendes Merkmal
 - relevante genetische Komponente (Erblichkeit)

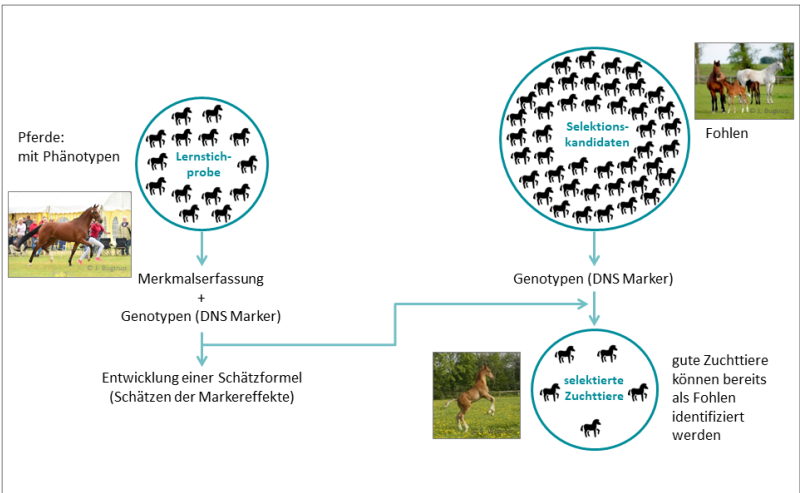


Größe in der Pferdezucht (II)

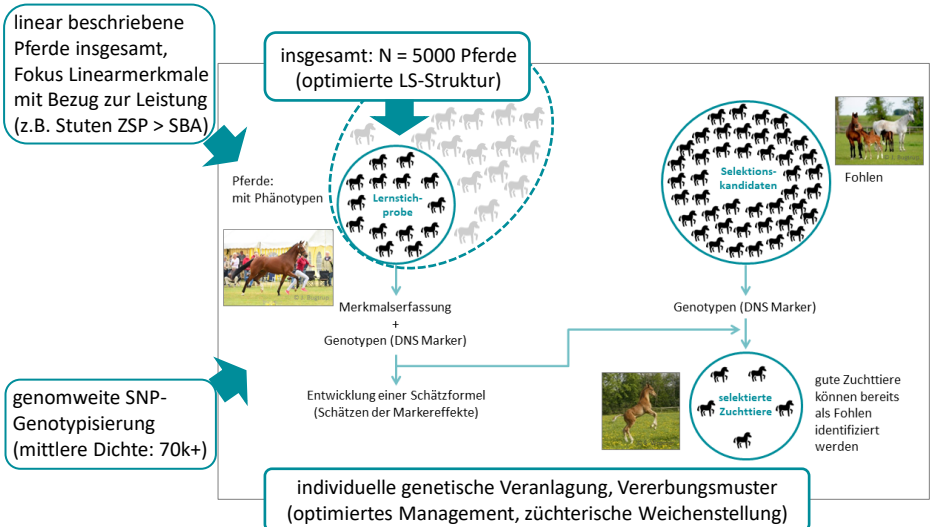
- ❖ relevante genetische Komponente
 - tierartübergreifend mittlere-hohe Erblichkeit
 - geschätzte Heritabilitäten (h^2) nicht selten $> 0,5$ (u.a. Vosgerau et al., Reich et al.)
- ❖ Umweltfaktoren als wirkungsstarke Modulatoren
 - vor der Geburt bis ca. 5. Lebensjahr
 - Fütterung, Haltung, Management; Gesundheit
 - Messwert Größe des einzelnen Pferdes evtl. deutlich abweichend vom Erwartungswert (Größenveranlagung / genetische Größe)
- ❖ mögliche Abbildung der Größengenetik durch (konventionelle) ZWS
 - verbesserte Einschätzung durch genomisch unterstützte Verfahren



Prinzip Genomische Selektion



Prinzip genomische Selektion: IAFH



Genomische Selektion: F&E



- ❖ Initiative der deutschen Warmblutpferdezucht (Gründung 2017) zur Etablierung genomisch unterstützter Verfahren



- ❖ Aufbau einer 5000 Pferde umfassenden, gemeinsamen Lernstichprobe als Entwicklungsbasis bis Ende 2020
 - grundsätzliche Eignung der verbandsübergreifenden Lernstichprobe (Vosgerau et al. 2022)



Datengrundlage und Auswertungsverfahren



- ❖ Einbeziehung aller relevanten Daten
 - Phänotypen: Stockmaßdaten, erfasst zwischen 2013 und 2022 (ca. N = 59.000)
 - Pedigree-Daten: Pferde mit Phänotyp + vier Ahnengenerationen (ca. N = 250.000)
 - genomweite Markerdaten (SNP-Genotypisierungsergebnisse) aller ab 2017/2018 untersuchten Pferde (IAFH-Lernstichprobe, SNP-Routineanalytik)
 - SNP-Arrays mittlerer Dichte von Illumina (70.000+ SNPs)
 - „Lernstichprobe Stockmaß“ ca. N=6.500 Pferde
- ❖ Basis = 5-7jährige Pferde mit Phänotyp, derzeit: GJ 2017-2019 (ca. N = 9.000)
- ❖ Standardisierung auf 100 +/- 20
- ❖ single-step genomische Zuchtwertschätzung
 - lineares Tiermodell
 - Umsetzung mittels Software MiX99 (Vuori et al., 2006)

Modell

$$Y_{ijmnpq} = \mu + VB_i + ZJ_j + ALTER_m + SEX_n + pXX_o + tier_p + pe_q + e_{ijmnpq}$$

- fixe Effekte:
 - VB = Verband
 - ZJ = Zuchtjahrklasse (1: 2001-2006, 2: 2007-2009, 3: 2010-2011, 4: 2012-2013, 5: 2014-2015, 6: >2015)
 - ALTER = Altersklasse (1: >39M, 2: 40-60M, 3: >60M)
 - SEX= Geschlecht
 - pXX= Vollblutanteil (1: < 12 %, 2: 12 - < 50%, 3: 50 - 90 %, 4: ≥ 90 % englisches Vollblut)
- zufällige Effekte:
 - tier = additiv-genetischer Effekt
 - pe = permanenter Umwelteffekt
 - e = Rest(fehler)



Fixer Effekt Vollblutanteil (I)

- ❖ Hintergrund:
 - mittleres Stockmaß der Basispopulation (Warmblut): 167,5 cm
 - englische Vollblüter mit Phänotyp im System N = 814 (mittleres Stockmaß: 163,9 cm)
 - davon mit Genotyp nur N = 51 (mittleres Stockmaß: 162,9 cm)
- ❖ neueste Modelloptimierung, implementiert zur Zuchtsaison 2025



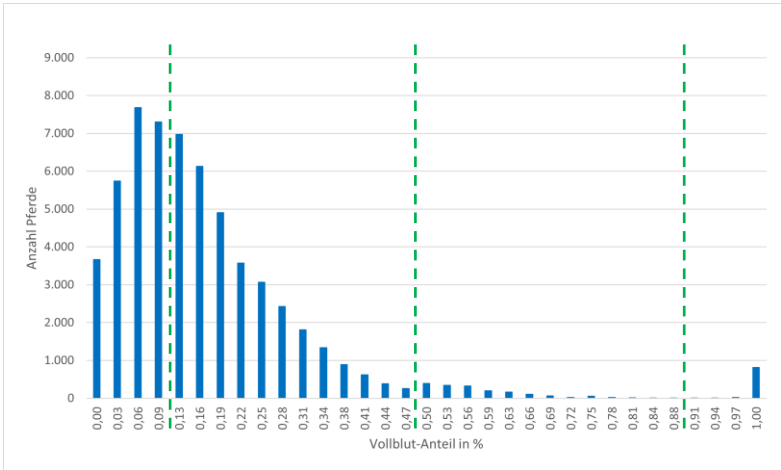
Quelle: privat





Fixer Effekt Vollblutanteil (II)

❖ Verteilung des Anteils englischer Vollblutahnen bei allen Pferden mit Phänotyp (N = 59.322)



Fixer Effekt Vollblutanteil (III)

❖ Mittleres Stockmaß nach Vollblutanteil

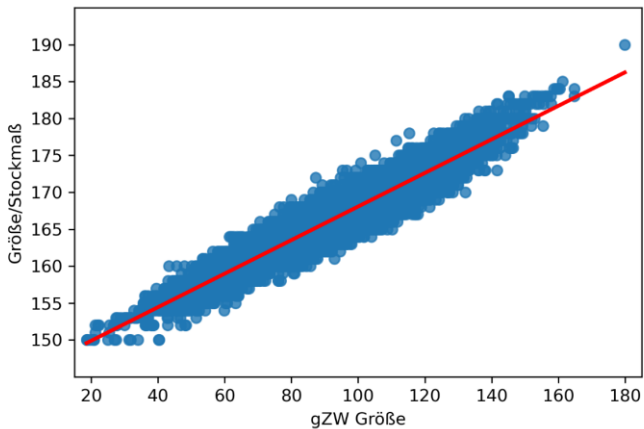
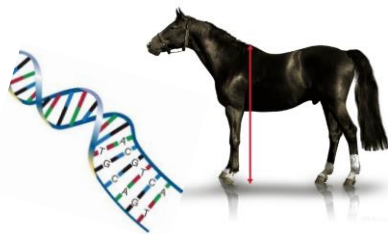
Vollblutanteil in %	Anzahl Pferde mit Phänotyp	Mittelwert Stockmaß
< 12	24.396	167,3 cm
12-49	32.369	167,2 cm
50-90	1.714	165,8 cm
≥ 90	843	163,9 cm



gemessene Größe vs. (geschätzte) genetische Größe



- Gegenüberstellung von Stockmaß (Messwert) und gZW Größe für alle Pferde mit Phänotyp (N = 59.300)
- Pearson-Korrelation $r = 0,94$



Implementierung genetische Größe (I)



- Freischaltung in serv.it PFERD / **ZüchterOnline** erfolgt am 23.02.2024
 - Beauftragung nun im Bereich „genomische Services“ möglich (**Züchter für den eigenen Pferdebestand**)

Implementierung genetische Größe (II)

❖ Ergebnismitteilung

- Zahlenwert = genomischer Zuchtwert Größe
- individuelle Interpretation + allgemeine Einordnung:

Größe (gZW)	Interpretationstext
< 90	Das untersuchte Pferd vererbt eine Größe, die kleiner ist als der Populationsdurchschnitt ...
90 - 110	Das untersuchte Pferd vererbt eine Größe nahe dem Populationsdurchschnitt ...
> 110	Das untersuchte Pferd vererbt eine Größe, die größer ist als der Populationsdurchschnitt ...
... beim deutschen Warmblut, der aktuell ca. 167,5 cm beträgt. Die genetische Größe ist ein relatives Maß für die Größenvererbung. Ein Wert von 100 entspricht dem Populationsmittel. Werte kleiner 100 bedeuten eine Vererbungstendenz in Richtung kleinerer Pferde; Werte größer 100 bedeuten eine Vererbungstendenz in Richtung größerer Pferde. Da immer auch nicht-genetische Faktoren (Umwelt, Aufzuchtmanagement, Gesundheit) wirken, lassen sich aus der Größengenetik keine exakten Stockmaßvorhersagen ableiten.	

- pdf-Formulat in deutsch oder englisch



Fazit / Ausblick

- ❖ Merkmal „genetische Größe (Warmblut)“ als erster verfügbarer genomischer Zuchtwert (gZW) in der deutschen Reitpferdezucht
- ❖ jährliche gZW-Aktualisierungen (kostenlos für bereits bereitgestellte Ergebnisse)
 - Basisanpassung (jeweils 5-7jährige Pferde mit Phänotyp)
 - Phänotypdaten-Erweiterung
 - jeweils bestmögliche Einschätzung der genetischen Größe des individuellen Pferdes
- ❖ Merkmal Größe / Stockmaß
 - klar definiert, objektiv erfasst, verbandsübergreifend züchterisch relevant
 - **Förderung des Vertrauensaufbaus in das Konzept genomische Selektion**
 - **Grundstein für eine Ausweitung der Schätzmerkmale** (Merkmale aus der linearen Beschreibung, u.a. Exterieur und Bewegung)





Service & Daten
aus einer Quelle

Vielen Dank!

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

IAFH

International Association of Future
Horse Breeding GmbH & Co KG



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