

Wissenschaftler sind sich einig: die genomische Selektion ist die Zukunft der Pferdezucht

Der Seminar-Teil der WBFSH-Jahresversammlung war einem komplexen Thema gewidmet, das die Vertreter der Zuchtverbände aber brennend interessierte, weil es die Pferdezucht in den nächsten Jahren in einem ähnlichen Mass verändern dürfte, wie es bereits die Viehzucht revolutioniert hat: die genomische Selektion. Kaum ein anderes wissenschaftliches Forschungsgebiet hat in den vergangenen Jahren eine so fulminante Entwicklung erfahren wie die Molekularbiologie, auf der die genomische Selektion basiert. Konnte das genetische Potenzial, bzw. der Zuchtwert eines Tieres bis vor ein paar Jahren nur über seine eigenen bzw. die Verwandtenleistungen bestimmt werden, sind Wissenschaftler heute in der Lage, die genetische Veranlagung eines Tieres direkt aus dem Erbgut abzulesen und diese Informationen für die Zucht zu verwenden.

Deutliche Verbesserung des Zuchtfortschritts

Die erste Referentin, die deutsche Tierärztin Dr. Kathrin Stock, die beim Unternehmen Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung VIT im Bereich der Zuchtwertschätzung tätig ist, frischte die Erinnerungen der Teilnehmer an vergangene Biologie-Stunden auf und erklärte die Grundbegriffe der Genetik sowie die immer effizienteren Verfahren, mit denen es möglich ist, die Informationen aus dem Erbgut in grossem Umfang und verhältnismässig kostengünstig zu gewinnen. «Die neuen genomischen Werkzeuge stellen ein enormes Potential für die Pferdezucht dar», sagte Kathrin Stock. Der Zuchtfortschritt bei Reitpferden könne mit den neuen Methoden deutlich verbessert werden. Allerdings ist für genomisch verbesserte Zuchtprogramme eine qualitativ hochwertige Datenerhebung erforderlich, die es erlaubt die Vorhersageformeln ständig zu erweitern und zu verbessern. Die Pferde-Kommission des Europäischen Verbandes der Tierwissenschaften EAAP, in dessen Vorstand Kathrin Stock ist, hat sich deshalb zum Ziel gesetzt, den Austausch und Wissenstransfer zwischen allen relevanten Akteuren im Pferdebereich und der Wissenschaft zu fördern und zu unterstützen. „Mit dem Umstieg auf genomisch verbesserte Zuchtprogramme für Pferde werden die Zuchtorganisationen für Sportpferde von gemeinsamer Forschungs- und Entwicklungsaktivitäten profitieren können“, ist Kathrin Stock überzeugt.

In der Viehzucht bereits etabliert

Schon seit geraumer Zeit keine Zukunftsmusik mehr ist die genomische Selektion in der Viehzucht. «Fortschritte bei der Analyse des Genoms kombiniert mit neuen statistischen Verfahren haben die genomische Selektion in der Rinderzucht zu einem weit verbreiteten Werkzeug gemacht», sagte Dr. Fritz Schmitz-Hsu. Und der Agronom und Genetiker bei Swissgenetics ist überzeugt, dass die Erkenntnisse aus der Viehzucht auch der Pferdeindustrie von Nutzen sein werden. Die genomische Selektion basiert auf der Analyse von Tausenden von Markern, die über das gesamte Genom eines Tieres verteilt sind. Heute können Zehntausende bis gar viele Hunderttausende davon schnell und kostengünstig bestimmt und daraus ein direkter genomischer Zuchtwert berechnet werden. Kombiniert man diesen mit dem traditionell geschätzten Zuchtwert, erhält man eine genomisch verbesserte Zuchtwertschätzung, die eine höhere Zuverlässigkeit hat als der traditionelle Zuchtwert. «Dadurch können Jungtiere, insbesondere Stiere, gezielter und mit kürzerem Generationsintervall gezeugt und ausgewählt werden, was zu einem deutlichen Zuchtfortschritt führt», sagte Schmitz-Hsu.

Beim Milchvieh wurde die genomische Selektion innerhalb von weniger als einem Jahrzehnt zum Standard und seither veröffentlichen alle bedeutenden Zuchtländer die genomisch verbesserten Zuchtwerte ihrer Jungbullen in den wichtigsten Milchviehrassen. Die lange Zeit, die erforderlich war, einen Stier zu testen, die damit verbundenen Kosten, die in der Viehwirtschaft weit verbreitete künstliche Besamung und die Bereitschaft der Besamungs-Industrie, in diese neue Technologie zu investieren, hat zu der raschen Einführung der genomischen Selektion geführt. Heute sind Millionen von Rindern weltweit genotypisiert. Aus

Sicht von Fritz Schmitz-Hsu ist die genomische Selektion deshalb die wesentlichste technische Errungenschaft in der Rinderzucht seit der Einführung der künstlichen Besamung.

Angewandte Forschung bei den Freibergern

Dr. Markus Neuditschko, wissenschaftlicher Mitarbeiter am Schweizer Nationalgestüt von Agroscope, stellte einige Beispiele von angewandter Forschung im Bereich der Genomik bei den Freibergern (FM) vor. Sein Ziel war es, die Eignung der durch genetische Marker-Analyse gewonnenen Daten für die Zucht, die genetische Vielfalt, die Kartierung von Eigenschaften und die Selektion in einer kleinen, genetisch geschlossenen Pferdepopulation zu untersuchen. Dafür hatte er einerseits Zugang zu 43 Merkmalen des Freiburger Zuchtprogramms, für welche seit 2006 Zuchtwerte geschätzt werden, sowie andererseits zu den vollständigen oder teilweisen Erbgut-Informationen von rund 1200 Freibergerpferden. Zuerst untersuchte er die genetische Diversität der FM-Population anhand von Pedigree-Informationen sowie mittels molekularen Markern, sogenannten SNPs, anhand verschiedener statistischer Verfahren. «Dabei fanden wir die Marker-Informationen besonders vorteilhaft in Situationen, in denen keine Pedigree-Daten verfügbar sind oder die vorhandenen überprüft werden müssen», sagte Markus Neuditschko. Weiter gab die genomweite Analyse Hinweise auf Assoziationssignale auf den Chromosomen 1,3,6 und 9 für das Merkmal Widerristhöhe und diverse Exterieur-Merkmale. Für die Grösse konnten ursächliche Genvarianten gefunden werden. Ausserdem wurde ebenfalls auf Chromosom 6 eine Genregion entdeckt, die assoziiert ist mit dem Merkmal Korrektheit der Gänge. Weitere Genregionen beeinflussen beispielsweise das Entstehen weisser Abzeichen. Ausserdem konnte die Studie zeigen, dass der genomisch bestimmte Zuchtwert für die Freibergerdaten im Vergleich zum traditionellen Zuchtwert allgemein früher und genauer vorhergesagt werden kann. Markus Neuditschko wies weiter auf die Bedeutung der Qualität der Merkmalerfassung für die Pferdezucht hin und zeigte Beispiele dazu aus dem Zuchtprogramm der Freiburger und der CH-Sportpferde.

Erkenntnisse bei französischen Springpferden

Als vierte Referentin stellte die Agraringenieurin Dr. Anne Ricard vom französischen Forschungsinstitut für Landwirtschaft INRA in Toulouse ihre Ergebnisse zur genomischen Selektion bei Springpferden in Frankreich vor. «Ich werde stets als erstes gefragt, ob die genomische Selektion bei den französischen Pferden funktioniert – und da muss ich mit ja antworten», sagte Anne Ricard. Sie startete 2009 ein Projekt, bei dem rund 1000 Springpferde genotypisiert wurden. Dann wurden die Daten von 900 Pferden mit grosser Eigen- und Verwandtenleistung benutzt um eine Formel zu erstellen, welche die Genotypen mit den Leistungen der Pferde verlinkt. Dann wurde diese Formel auf eine Gruppe von 100 Pferden angewendet ohne Wissen über deren Leistungen. «Trotzdem waren wir in der Lage, anhand der genomischen Daten eine Vorhersage über die Leistung zu machen» sagte Anne Ricard. Zwar sei die Genauigkeit dieser Aussagen noch gering, deshalb wurde nun eine weitere Testgruppe mit 2000 Pferden aufgebaut, in der auch noch weitere Eigenschaften untersucht werden. Wie schon ihre Vorgänger, betonte auch Anne Ricard die Notwendigkeit zur internationalen Zusammenarbeit zwischen den Forschungseinrichtungen und den Zuchtverbänden, da mit zunehmender Menge an zur Verfügung stehenden Daten die Genauigkeit der genomischen Zuchtwerte steigt.

Gemischte Gefühle bei den Zuchtverbänden

In der anschliessenden Diskussion, die von Dr. Stefan Rieder, dem Leiter des Forschungsbereichs am Schweizer Nationalgestüt von Agroscope, moderiert wurde, zeigte sich die Unsicherheit vieler, vor allem kleinerer Zuchtverbände was die Einführung der genomischen Selektion angeht. Kathrin Stock betonte abermals die Wichtigkeit der Zusammenarbeit: «Nicht jeder Zuchtverband muss sein eigenes System aufbauen.» Im Aufbau würden v.a. die finanziellen Möglichkeiten eines Verbands den Rahmen bestimmen. Die Genotypisierung des Genoms eines Pferdes kostet rund 200 Euro. Die Datenauswertung und die Schätzformeln für die Zuchtwerte sollten gemeinsam erfolgen

und nicht durch jeden Verband für sich alleine aufgebaut werden. So lassen sich Synergien nutzen, die Qualität der Daten und letztlich der genomischen Zuchtwerte steigern und Kosten können gemeinsam getragen werden.

Fritz Schmitz-Hsu betonte die Wichtigkeit des Festlegens allgemein gültiger Definitionen für bestimmte Merkmale. Ausserdem muss sich ein Zuchtverband die Rechte zur Veröffentlichung der für die genomische Selektion relevanten Daten rechtzeitig sichern.

Das Teilen dieser Daten mit anderen, womöglich konkurrierenden Zuchtverbänden muss gemäss Kathrin Stock keine Widerspruch sein: «Jeder Zuchtverband kann weiter selber bestimmen, wie für ihn das ideale Pferd aussieht und wie man es züchten will.»

Für Markus Neuditschko ist das Festlegen einer klaren Strategie der zentrale Punkt: «Legen Sie fest, wohin Sie mit Ihrer Zucht wollen und wie Sie dahin kommen möchten – die genomische Selektion wird Ihnen helfen, dieses Zuchtziel schneller zu erreichen.»

Auf eine weitere Frage aus dem Plenum, ob es möglich sei, innerhalb von zehn Jahren die genomische Selektion in der Sportpferdezucht zu etablieren, antwortete Fritz Schmitz-Hsu mit dem ehemaligen Wahlkampf-Slogan von Barack Obama: «Yes, you can», während Anne Ricard sogar eine Frist von fünf Jahren als realistisch erachtet.

Auch HRH Prinzessin Benedikte von Dänemark, die Schirmherrin der WBFSH, hatte als begeisterte Pferdezüchterin den Ausführungen der vier Referenten aufmerksam zugehört und kam für sich zum Schluss: «Es ist klar, dass jeder von uns das beste Pferd züchten will. Man darf dabei allerdings auch nicht vergessen, dass auch das beste Pferd sein Potential nur entfalten kann, wenn es dazu den passenden Reiter findet.»

Angelika Nido Wälty