

Wessen Fremdblut ist das? Die Zuchtgeschichte des Freibergers anhand von genomischen Daten

A.I. Gmel^{1,2}, S. Mikko⁴, A. Ricard⁵, B. Velie⁶, V. Gerber⁷, M. Neuditschko¹

¹Animal GenoPhenomics, Agroscope, Posieux, Schweiz

²Departement für Pferde, Vetsuisse Fakultät, Universität Zürich, Zürich, Schweiz

⁴Department of Animal Breeding and Genetics, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Schweden

⁵Institut National de la Recherche Agronomique, Domaine de Vilvert, Jouy-en-Josas, Frankreich

⁶Equine Genetics and Genomics Group, School of Life and Environmental Sciences, University of Sydney, NSW, Australien

⁷Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Bern, Schweiz

Einleitung

Der Freiburger (FM) ist die letzte einheimische Pferderasse der Schweiz und ist durch die Kreuzung von lokalen Jurastuten mit Anglonormannischen Hengsten Ende des 19. Jahrhunderts entstanden. Bis Ende des Zweiten Weltkrieges wurden einige schwere Zugpferde eingekreuzt, um ein Arbeitspferd zu züchten. Zusätzliche Kreuzungen mit leichten Pferderassen fanden in den 1960er (Shagya und Araber), 1970er und 1990er Jahren (Schwedisches und Schweizer Warmblut) statt, um ein polyvalentes Freizeitpferd zu züchten. Der Fremdblutanteil wird aktuell aufgrund des Pedigrees kumulativ für alle fremden Einkreuzungen ab dem 1.1.1950 berechnet. Jedoch kann man nicht feststellen, welche Einkreuzungen noch einen Einfluss auf den heutigen FM haben. Mit einer genomweiten Analyse von Single Nucleotide Polymorphism (SNP) Daten kann man den Fremdblutanteil (Admixture) einzelner Rassen berechnen. Zudem kann man die SNP Daten auch dazu nutzen, die Verteilung von homozygoten Genregionen über das ganze Genom (Runs of Homozygosity, ROH) zu erfassen. Anhand der ROH Länge kann man den genomischen Inzuchtgrad (FROH) für jedes Pferd ermitteln. Die Anzahl und Länge der ROHs erklärt zudem Zuchttendenzen wie z.B. eine hohe allgemeine Inzucht oder einen Flaschenhalseffekt. Zusätzlich bieten überlappende ROHs von einzelnen Pferden die Möglichkeit sogenannte ROH Inseln zu charakterisieren, welche Hinweise auf die selektierte Gene und deren Funktion liefern.

Material und Methoden

Wir haben genomweite SNP Daten (Axiom™ 670K Equine genotyping array) von 515 FM, 514 Warmblutpferden aus Schweden und der Schweiz (WB), 136 Araber, 32 Shagya und 64 Vollblutpferde (TB) mit dem Programm Admixture 1.23 analysiert (Alexander et al. 2009), um den genomischen Fremdblutanteil von FM Pferden zu ermitteln. Zusätzlich haben wir ROH für alle Pferde mittels PLINK 1.07 berechnet (Purcell et al. 2007). Für den genomischen Inzuchtkoeffizienten (FROH) wurde die Länge der homozygoten Genregionen für jedes einzelne Pferd aufaddiert und durch die Länge des gesamten Pferdegenoms dividiert. Die Funktion der Gene innerhalb von ROH Inseln haben wir anhand der existierenden Literatur überprüft.

Ergebnisse und Diskussion

Die höchsten individuellen Fremdblutanteile von FM Pferden waren 2% Shagya, 6% Araber, 18% TB und 35% WB. Der höhere Anteil an TB im Vergleich zum Araber, muss noch weiter untersucht werden, da kein historischer Nachweis auf eine Vollbluteinkreuzung besteht, wobei man berücksichtigen sollte, dass die eingekreuzten WB Hengste teilweise einen hohen TB Anteil zeigen. Im Rassenvergleich waren TB im Durchschnitt deutlich höher ingezüchtet (23%) als Araber (17%), Shagya (16%), FM oder WB (13%). Den tiefsten Inzuchtkoeffizienten (1%) zeigte ein F1 Freiburgerhengst. Im Durchschnitt waren die FM relativ wenig ingezüchtet (Tabelle 1). Jedoch ist dies vor allem auf den Fremdblutanteil zurückzuführen. Die im Vergleich zu den anderen Rassen wenigen, jedoch langen ROH im Freiburgerpferd deuten trotz allem auf einen Rückgang der genetischen Diversität hin. Dies ist höchstwahrscheinlich auf die Bevorzugung einiger beliebter Hengstlinien, besonders jene aus der letzten Einkreuzung, zurückzuführen. Daher besteht die Gefahr einer Verdrängungszucht.

TB hatten die meisten ROH Inseln, die Gene beinhalteten, die mit Verhalten (HTR7, GRIN2B) und Muskelwachstum (MSTN, IGFBP1, IGFBP3) assoziiert sind. Die wenigen ROH Inseln der WB Pferde waren alle ebenfalls im TB vorhanden. Die Araber und Shagya teilten sich viele ROH Inseln, die viele Keratin Gene enthielten. FM hatten nur wenige ROH Inseln, wobei eine auf Chromosom 11 alle HOXB Gene enthielten. Diese ROH Insel haben die Freiburger mit anderen Europäischen Rassen gemeinsam (Lipizzaner, Gidran, Noriker, Posavina, Grilz-Seger et al.

2019). Interessanterweise beinhaltet eine ROH Insel der TB alle paralogen HOXC Gene. Der Einfluss von HOX Genen auf den Körperbau von Pferden muss noch besser erforscht werden, um diese Ergebnisse besser interpretieren zu können.

Schlussfolgerungen

Die Analyse der genetischen Diversität anhand von SNP Daten liefert zusätzliche wichtige Informationen im Vergleich zu den pedigree-basierten Auswertungen. In Nutztierassen mit früheren Einkreuzungen sollte sowohl die Inzucht als auch der Fremdblutanteil in der Anpaarungsplanung berücksichtigt werden, um eine Verdrängungszucht zu verhindern.

Literaturnachweis

Grilz-Seger G, Neuditschko M, Ricard A, Velie B, Lindgren G, Mesarič M, Cotman M, Horna M, Dobretsberger M, Brem G, Druml T: Genome-wide homozygosity patterns and evidence for selection in a set of European and near eastern horse breeds. *Genes*. 2019, 10(7):491.

Alexander DH, Novembre J, Lange K: Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome research* 2009, 19(9):1655-1664.

Purcell S, Neale B, Todd-Brown K, Thomas L, Ferreira MAR, Bender D, Maller J, Sklar P, de Bakker PIW, Daly MJ, Sham PC: PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analysis. *Am. J. Hum. Genet.* 2007, 81, 559–575

Tabelle 1: Durchschnitt und Standardabweichung der Anzahl ROH (NROH), Länge ROH in Megabasen (LROH), des genomischen Inzuchtkoeffizienten in % (FROH), der Anzahl ROH Inseln, und einer Liste der wichtigsten Gene innerhalb der ROH Inseln

Rasse	Freiberger (n=515)	Shagya (n=32)	Araber (n=136)	Vollblut (n=64)	Warmblut (n=514)
N _{ROH}	172.20 ± 20.22	246.10 ± 12.83	287.90 ± 16.37	307.50 ± 61.77	204.60 ± 20.77
L _{ROH} (MB)	1.76 ± 0.28	1.48 ± 0.25	1.37 ± 1.49	1.71 ± 0.34	1.41 ± 0.18
F _{ROH} %	13.30 ± 2.83	16.25 ± 2.58	16.85 ± 2.36	23.28 ± 5.54	12.60 ± 2.24
ROH Inseln	11	53	36	153	8
Gene in ROH Inseln	SPATA20, LASP1, HOXB Gruppe, UVSSA, METTL5, UBR3, MYO3B, ...	SPATA6L, KRT Gruppe, LASP1, NTM, UVSSA, METTL5, UBR3, MYO3B, ...	SPATA33, SPATA20, MC1R, KRT Gruppe, UVSSA, METTL5, UBR3, MYO3B, ...	HTR7, GRIN2B, NTM, MSTN, HOXC Gruppe, KITLG, IRX1, OCA2, LASP1, ...	NTM, ...