

Genomweite Assoziationsstudie für Merkmale der Körpergrösse beim Shetlandpony

M. Hunziker¹, H. Signer-Hasler¹, D. Becker², R. Hauswirth², I. Bachmann³, S. Rieder³, C. Flury¹

¹Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften HAFL, Zollikofen, ²Vetsuisse-Fakultät Universität Bern, ³Agroscope – Haras national suisse, Avenches

Verschiedene Studien beschäftigen sich aktuell mit der molekulargenetischen Grundlage der Grösse beim Pferd und damit korrelierten Exterieurmerkmalen. Die vorliegende Studie hat zum Ziel, bereits bekannte Erkenntnisse am Beispiel einer phänotypisch extremen Rasse zu vertiefen. Zu dem Zweck wurden 48 Pferde der Rasse Shetlandpony für die Merkmale Stockmass, Länge, Röhrlänge- und Brustumfang vermessen. Die untersuchten Tiere wurden im Jahr 2013 für den Illumina-60k-SNP-Beadchip genotypisiert. Die Daten wurden im Rahmen einer Bachelorarbeit an der Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften mittels genomweiten Assoziationsstudien ausgewertet. Für die untersuchte Stichprobe konnten für Stockmass, Länge und Brustumfang signifikante Effekte ($p_{\text{BONF}} = 0.0006$) im Bereich des bereits bekannten *HMGA2*-Gens auf Chromosom 6 gefunden werden. Ausserdem gab es für das Stockmass einen moderat signifikanten ($p_{\text{BONF}} = 0.0473$) Ausschlag auf Chromosom 11 nahe dem *GHI*-Gen, welches bei Rind und Mensch in Zusammenhang mit Kleinwuchs in Verbindung gebracht wird. Aufgrund der kleinen Stichprobe gilt es diese Erkenntnisse weiter zu validieren. Dazu ist derzeit eine Erweiterung der Datengrundlage im Gange. Längerfristig dienen Erkenntnisse zur genetischen Grundlage von Exterieurmerkmalen der Entwicklung von Gentests. Mit solchen Tests können Züchter ihre Tiere gezielter anpaaren und somit effizienter beispielsweise auf Grösse selektieren.

Auswirkungen einer Gebärmutterentzündung nach einer Besamung auf den präovulatorischen Follikel und das Corpus luteum bei Stuten

I. Imboden¹, J. Lüttgenau¹, O. Wellnitz^{1,2}, F. Janett¹, H. Bollwein¹

¹Klinik für Reproduktionsmedizin, Vetsuisse-Fakultät Universität Zürich, ²Abteilung Veterinär-Physiologie, Vetsuisse-Fakultät Universität Bern

Ziel dieser Studie war zu untersuchen, welche Auswirkungen eine uterine Inflammation (UI) nach einer Besamung auf den präovulatorischen Follikel und das Corpus luteum hat, beurteilt anhand der Grösse (FG bzw. CLG) und des Blutflusses (FB bzw. CLB) sowie anhand der Plasma-Progesteron Konzentration (P4). Ab einem Follikeldurchmesser von 30 mm wurden 6 Stuten in 2 Zyklen während des Östrus bis 6 d nach der Ovulation (p.ov.) täglich untersucht. Intrauterine Flüssigkeitsansammlungen (IF) sowie Grösse und Blutfluss des Follikels bzw. CL wurden sonographisch

im B- und Doppler Modus gemessen und Blutproben nach jeder Untersuchung entnommen. Bei FG ≥ 35 mm wurde die Ovulation mit 1500 I. U. hCG induziert. Die Besamung erfolgte 24 h nach hCG-Gabe randomisiert mit 4 ml abgetötetem Gefriersperma (AGS) oder 0.9 % NaCl. Zusätzliche Messungen wurden unmittelbar vor und 3, 6 und 12 h p.insem. durchgeführt. IF ≥ 2 cm während mind. 3 d zeigten 3 Stuten nur nach Besamung mit AGS, 2 Stuten nach AGS und NaCl, während bei einer Stute keine solche beobachtet wurde. In den anderen Zyklen war IF < 2 cm und bis max. 12 h p.insem. sichtbar. AGS führte im Vergleich zu NaCl zu tieferen P4 Werten 6 h p.insem und am Tag der Ovulation (jeweils P = 0.03), aber zu keinem Unterschied ($p > 0.05$) in den Parametern FS, FB, CLS und CLB. Unabhängig davon, ob AGS oder NaCl instilliert worden war, induzierte IF reduzierte CLB-Werte 6 d p.ov. (P = 0.04). Die Resultate zeigen, dass eine Besamung mit AGS den P4-Spiegel kurzzeitig reduziert und dass eine UI zu einer reduzierten Durchblutung des CL führt.

Jahreszeitliche Schwankungen der DNA-Fragmentation von Spermien beim Hengst

F. Janett¹, D. Burger², H. Bollwein¹

¹Klinik für Reproduktionsmedizin, Vetsuisse-Fakultät Universität Zürich, ²Institut suisse de médecine équine, Universität Bern und Agroscope, Avenches

Ziel der vorliegenden Studie war es, Schwankungen der DNA-Fragmentation von Spermien beim Hengst abzuklären. Für die Untersuchungen wurden 2-mal im Monat, während eines Jahres, Ejakulate von 10 Warmbluthengsten gewonnen und Volumen, Spermienkonzentration, Gesamtspermienzahl, Spermienmotilität sowie -morphologie bestimmt. Die Beurteilung der DNA-Fragmentation erfolgte im aufgetauten Gefriersperma mittels sperm chromatin structure assay (SCSA™) anhand des Prozentsatzes der Spermien mit hohem DNA-Fragmentationsindex (%DFI). Die Auswertung der Daten erfolgte mittels ANOVA und Korrelationen zwischen %DFI und den Parametern im Frischsamen wurden mittels Fisher's r to z Test überprüft. Die Resultate zeigen, dass die Variabilität des %DFI zwischen und innerhalb der Hengste hoch (P < 0.05), jedoch kein (P > 0.05) saisonaler Einfluss bestand. Der Median %DFI schwankte bei den Hengsten zwischen 4.6 % und 31.7 % und die Spanne der Werte (Max.–Min.) innerhalb der Hengste zwischen 12.4 % und 28.6 %. Eine mässige Korrelation war zwischen %DFI und dem Prozentsatz an normalen und motilen Spermien ($r = -0.537$, $P = < 0.0001$ bzw. $r = -0.575$, $P = < 0.0001$), geringe Korrelationen waren zwischen %DFI und dem Ejakulatvolumen bzw. der Gesamtspermienzahl ($r = 0.223$, $P = 0.0005$ bzw. $r = 0.198$, $P = 0.0089$) vorhanden. Nicht signifikant (P > 0.05) war der Zusammenhang zwischen %DFI und der Spermienkonzentration ($r = -0.106$, $P = 0.1037$). Es kann gefolgert werden, dass die regelmässige Bestimmung der DNA-Fragmentation der Spermien beim Hengst empfehlenswert ist. Innerhalb der Hengste schwanken die Werte erheblich und unabhängig von der Jahreszeit. Die