

Tiergenetik und Tierzucht für eine standortangepasste Nutztierhaltung einsetzen

Autor: Markus Neuditschko

Frühjahr 2019

Neue Erkenntnisse und Fortschritte

Pferdezucht

Seit 2016 wurden standardisierte Bilder von 309 Freibergerhengsten nach einem spezifischen Modell digitalisiert und die insgesamt 246 Landmarks pro Tier mit den rassenrelevanten Richterbenotungen verglichen. Durch sogenannte Superimpositionsverfahren (Prokrustes-Statistik) werden standardisierte Fotografien übereinandergelegt und zu einem „Durchschnittsbild“ geformt (Gmel et al., 2017). Anhand dieser Bildinformation wurden Winkel für wichtige anatomische Merkmale des Pferdes berechnet (Nacken-, Hals-, Schulter-, Ellbogen-, Carpus-, Kruppen-, Patella-, Sprunggelenks und Fesselgelenkwinkel) und in einer Genomanalyse berücksichtigt. Durch diese neue und objektive Methode der Merkmalerfassung beim Pferd konnten noch nicht bekannte Genregionen identifiziert werden (Gmel et al., 2018). Die Genregion, welche einen Einfluss auf den Nackenwinkel zeigt, befindet sich in der Nähe des ALX1 Gen, welches für die Entwicklung der Neuralleiste und des Schädels mitverantwortlich ist. Die Nackenflexion ist im Reitsport besonders in der Dressur relevant und kann als Hilfsmerkmal für die Rittigkeit genutzt werden. Neben der Erfassung von morphologischen Merkmalen anhand standardisierter Bilder, wurde dieses Jahr begonnen die Gangqualität von 24 Freibergerhengste mittels sensoren- und videogestützten Messungen zu erfassen.

Seit mehreren Jahren werden am Schweizer Nationalgestüt (SNG) von Agroscope in Zusammenarbeit mit Schweizer- und Internationalen Universitäten Projekte zum Monitoring der genetischen Diversität von Pferderassen durchgeführt. Durch diese Zusammenarbeit konnte am SNG eine Gendatenbank angelegt werden, welche aktuell mehr als 3'000 Pferde umfasst. Anhand dieser Datengrundlage konnten bereits zahlreiche wissenschaftlichen Studien und neue Erkenntnisse zur Diversität (Grilz-Seger et al. 2019), Farbvererbung (Druml et al. 2018), Genkartierung (Grilz-Seger et al. 2018) und der Herkunft der Pferderassen (Felkel et al. 2019) verfasst und publiziert werden.

Bienengenetik

Am Zentrum für Bienenforschung (ZBF) werden aktuell neue Zuchtmerkmale identifiziert, welche es ermöglichen den Varroa Toleranz Mechanismus von Honigbienen besser zu verstehen. Eines dieser neuen Merkmale ist der «modifizierte Pin Test». Dieser Test wurde auf Basis von unseren Forschungsergebnissen aus Asien mit *Apis cerana*, welche eine natürliche Toleranz gegen Varroa zeigen, entwickelt (Page et al. 2016). Erste Ergebnisse dieses Tests mit der dunklen Honigbiene (*Apis mellifera mellifera*) zeigen eine positive Korrelation mit dem Varroa Befall der einzelnen Völker (Guichard et al., submitted). Um diese Ergebnisse bestätigen zu können, müssen allerdings noch weitere Messungen an den Prüfvölkern durchgeführt werden. Aktuell werden die Schweizer Honigbienen (*Apis mellifera carnica* und *Apis mellifera mellifera*) anhand eines Varroa Index, welcher den Varroa Befall und das hygienische Verhalten (Pin-Test) berücksichtigt, selektiert. Diese Vorgangsweise wird von Schweizer Bienenexperten und praktischen Imkern hinterfragt, da bis jetzt noch kein Zusammenhang zwischen dem Varroa Index und der Ausräumrate von Varroa infizierten Larven präsentiert werden konnten. Um diesen Umstand zu überprüfen, wurden durch das ZBF erstmals in der Schweiz Zuchtwerte für die einzelnen Merkmale (Honigertrag, Sanftmut, Wabensitz, hygienisches Verhalten und Varroa Befall) berechnet. Bisher wurde die Zuchtwertschätzung für die Schweizer Honigbienen in Deutschland durchgeführt. Die Auswertung der Zuchtwerte hat ergeben, dass es keinen Zusammenhang zwischen dem Varroa Befall und dem hygienischen Verhalten von Bienenvölkern gibt und das Selektionsprogramm der Honigbiene (Varroa-Index) entsprechend angepasst werden muss (Guichard et al., in

prep.). Der Varroa Toleranz Mechanismus von Honigbienen wird in den nächsten zwei Jahren anhand Genomsequenz Informationen von toleranten und nicht toleranten Honigbienenenvölkern weiter untersucht werden.

Nutzen für die Praxis

Pferdezucht

Die Ergebnisse der Genomanalyse können einen praktischen Nutzen für die Freiburger Züchter haben. Die Freiburger Züchter können gezielter Pferde züchten, die den Marktanforderungen besser entsprechen. Durch das Wissen, welche Gangcharakteristiken besonders erwünscht sind, werden bessere Voraussetzungen für den Verkauf geschaffen, welche einen Einfluss auf den Verkaufspreis haben können. Gleichzeitig vereinfachen die genetischen Informationen zur Gangqualität die gezielten Anpaarungen, um einen effizienteren Zuchtfortschritt zu gewährleisten. Dieser effiziente Zuchtfortschritt sichert die Zucht und den Verkauf von Freiburger Pferden und sichert somit den Erhalt der genetischen Diversität dieser Pferderassen.

Bienengenetik

Die Ausarbeitung und Umsetzung eines lokalen Zuchtprogramms (inklusive Zuchtwertschätzung) für die Schweizer Honigbienen sichert den Erhalt einer nachhaltigen Bienenzucht in der Schweiz und es kann die Abhängigkeit von Importen aus dem Ausland verringert werden. Zusätzlich können in einem eigenständigen Zuchtprogramm die Anforderungen der Schweizer Imker berücksichtigt werden (z.B. Varroa Index Problematik) und neue Erkenntnisse aus der Genomanalyse rasch einfließen. Die Entwicklung von gegen Varroa resistenten Bienenstämmen wird den Einsatz von Akariziden in der Imkerei reduzieren.

Highlights Publikationen

- Druml, T., Grilz-Seger, G., Neuditschko, M., Horna, M., Ricard, A., Pausch, H., Brem, G., Novel insights into Sabino1 and splashed white coat color patterns in horses. *Animal Genetics* **2018**, 49 (3).
- Felkel, S., Vogl, C., Rigler, D., Dobretsberger, v., Chowdhary, B., Distl, O., *et al.*, The horse Y chromosome as an informative marker for tracing sire lines. *Scientific Reports* **2019**, 9:6095.
- Gmel, A. I., Druml, T., Portele, K., von Niederhäusern, R., Neuditschko, M., Repeatability, reproducibility and consistency of horse shape data and its association with linearly described conformation traits in Franches-Montagnes stallions. *PloS one* **2018**, 13 (8), e0202931
- Gmel, A. I., Druml, T., von Niederhäusern, R., Leeb, T., Neuditschko, M., Genome-wide association studies on equine joint angle measurements reveal new QTL affecting the confirmation of horses. *Genes* **2019**, accepted
- Grilz-Seger, G., Mesarič, M., Cotman, M., Neuditschko, M., Druml, T., Brem, G., Runs of Homozygosity and Population History of Three Horse Breeds With Small Population Size. *Journal of Equine Veterinary Science* **2018**, 71, 27-34.
- Grilz-Seger, G., Druml, T., Neuditschko, M., Dobretsberger, M., Horna, M., Brem, G., High-resolution population structure and runs of homozygosity reveal the genetic architecture of complex traits in the Lipizzan horse. *BMC genomics* **2019**, 20 (1), 174.
- Guichard, M., Neuditschko, M., Fried, P., Soland, G., Dainat, B., A future resistance breeding strategy against Varroa destructor in a small population of the dark honeybee, *Journal of apicultural research*, submitted
- Guichard, M., Neuditschko, M., Fried, P., Soland, G., Grandjean, M., Burri-Schmassmann, S., Dainat, B., *et al.*, Estimation of genetic parameters for production and behavioural traits in two Swiss honey bee selection programs, in prep.
- Page, P., Lin, Z., Buawangpong, N., Zheng, H., Hu, F., Neumann, P., Chantawannakul, P., Dietemann, V., Social apoptosis in honey bee superorganisms. *Scientific Reports* **2016**, 6: 27210