

Das Ziel der oben genannten Arbeit war der Nachweis zytoplasmatischer Vererbung in den hannoverschen Stutenstämmen mittels quantitativ genetischer Modelle. Anhand aller verfügbaren Leistungsdaten von Pferden, die einem hannoverschen Stutenstamm zugeordnet werden können, wurden Heritabilitäten und Linieneffekte unter Berücksichtigung aller verwandtschaftlicher Beziehungen für unterschiedliche Leistungsmerkmale der Hengstleistungsprüfung (HLP) sowie des Turniersports geschätzt. Insgesamt erfolgte die Analyse von 1575 Stutenstämmen. Die Leistungsmerkmale Dressurindex, Springindex und Gesamtindex in der HLP sowie die Merkmale Gewinnsumme in Dressur bzw. Springen und Anteil an Erst- und Zweitplatzierungen in Dressur bzw. Springen in den Turniersportprüfungen wurden mit Hilfe von linearen Modellen auf Einflüsse fixer Effekte untersucht. Die fixen Effekt Stutenstamm, Zuchtjahr des Hengstes, Alter des Hengstes und HLP-Datum wurden für die HLP-Merkmale auf Signifikanz getestet.

Die anschließende Varianzkomponentenschätzung, die den Stutenstamm gar nicht oder als fixen bzw. zufälligen Effekt berücksichtigte, ergab Heritabilitäten zwischen 0,32 und 0,54 für den Dressur-, Spring- und Gesamtindex. Die entsprechenden Stammheritabilitäten lagen zwischen 0,0 und 0,1. Die Heritabilitäten der Sportmerkmale bewegten sich im Bereich von 0,00 und 0,34. Die Stammheritabilitäten sind mit Werten zwischen 0,0000 und 0,0028 gering. Für die Sportmerkmale erfolgte zusätzlich die Berechnung von Least-Square-Mittelwerten und deren Differenzen für die fixen Effekte Klasse und Geschlecht. Die Ergebnisse der Auswertungen wurden durch berechnete phänotypischen Korrelationen, Rangkorrelationen mittlerer standardisierter Linieneffekte sowie durch entsprechende mittlere Rangverschiebungen bestätigt.

Letztendlich wurden für die HLP- sowie für die Sportmerkmale Toplisten der Stämme erstellt, die in den einzelnen Merkmalen die höchsten Linieneffekte nachweisen konnten. Weitere Toplisten wurden für die Stämme erstellt, die im Vergleich zu ihrer Gesamtgröße hohe mittlere Zuchtwerte, die meisten gekörten Hengste bzw. prämierte Stuten sowie die meisten Erfolge in Stutenssauen aufzeigten.

Die Ergebnisse der Arbeit scheinen die Hypothese, dass Unterschiede in der mtDNA der einzelnen Stutenstämme und eine zytoplasmatische Vererbung bestimmter Leistungsmerkmale bestehen, zu bestätigen. Um diese jedoch weiterhin abzusichern, wären weitere Untersuchungen der mitochondrialen Effekte, z.B. eine molekulargenetische Untersuchung der mtDNA auf Polymorphismen, sinnvoll. Sollte sich die Hypothese bestätigen, so wäre eine Korrektur der Zuchtwerte um den Faktor des entsprechenden Stutenstammes zu diskutieren.