

## **Maximaler Zuchtfortschritt bei begrenztem Inzuchtzuwachs im Programm Hannoveraner Springpferdezucht\***

BIRTHE NIEMANN<sup>1</sup>, S. KÖNIG<sup>1</sup> und E. BRUNS<sup>1</sup>

### **Zusammenfassung**

Um in einer Modellpopulation des Programms Hannoveraner Springpferdezucht den Zuchtfortschritt bei begrenztem Inzuchtzuwachs zu maximieren, wurde das Selektionsprogramm Gencont eingesetzt, in dem die „optimum genetic contribution theory“ implementiert ist. Zur weiteren konkreten Anpaarungsplanung der von Gencont vorgeschlagenen Tiere mit ihren Einsatzfrequenzen wurde ein Fortran-Programm verwendet, das auf einem „simulated annealed“-Algorithmus basiert. Selektionskandidaten waren 477 Stuten und 55 Hengste. Mit steigender maximal tolerierter Verwandtschaft in der Folgegeneration nähern sich die durchschnittlichen Zuchtwerte im Springen asymptotisch einem Maximalwert. Die Anzahl der selektierten Hengste fällt dabei auf ein Minimum von sechs Tieren ab. Der Vergleich zweier ausgewählter Selektionsszenarien mit der realen Anpaarungssituation zeigt, dass es möglich ist, bei einem geringeren Verlust an genetischer Varianz auf der Hengstseite intensiver zu selektieren und einen noch höheren Zuchtfortschritt im Merkmal Springen als im gegenwärtigen konventionellen Zuchtprogramm zu erzielen.

**Schlüsselwörter:** Programm Hannoveraner Springpferdezucht, Zuchtfortschritt, Inzucht, Selektion, Verwandtschaft

### **Summary**

#### **Maximising genetic gain by restricted inbreeding in Hanoverian breeding programme for show jumpers**

The aim of this study was to maximise genetic gain in the population of the Hanoverian Breeding programme for show jumpers by restricting average relationships in future generations. This was done by applying the optimum genetic contribution theory as implemented in Gencont software. Candidates of selection were 477 mares and 55 stallions. An increase of allowed average relationships in future generations was associated with an increase of average breeding values in show jumping, while the number of selected stallions decreases. In comparison to the current breeding program, it was shown that it is possible to achieve more genetic gain without losing genetic variance when applying the optimum genetic contribution theory.

---

<sup>1</sup> Institut für Tierzucht und Haustiergenetik, Albrecht-Thaer-Weg 3, 37075 Göttingen, E-Mail: bnieman2@gwdg.de

\* Diese Untersuchung wurde mit dankenswerter Unterstützung des Niedersächsischen Ministeriums für Ernährung, Landwirtschaft, Verbraucherschutz und Landesentwicklung und des Hannoveraner Verbandes e.V. angefertigt.

**Keywords:** Breeding programme for show jumpers, Hanoverian, genetic gain, inbreeding, relationship, selection

## 1 Einleitung

Um einen Teil des Hannoveraner Zuchtpferdebestandes speziell auf die Zucht von überdurchschnittlichen Springpferden auszurichten, existiert seit dem Jahr 1993 das Programm Hannoveraner Springpferdezucht. In dieses Programm werden Stuten und Hengste aufgenommen, die über eine Springabstammung verfügen, zudem überdurchschnittliche Leistungen im Turniersport und in Leistungsprüfungen gezeigt haben oder sich über Nachkommenerfolge qualifiziert haben (HANNOVERANER VERBAND E.V., 2006). Aufgrund dieser Selektion ist bereits ein hoher Zuchtfortschritt im Merkmal Springen innerhalb dieser Teilpopulation zu erwarten. Allerdings muss beachtet werden, dass besonders in kleinen Populationen oder Populationen, in denen intensiv selektiert wird, die Gefahr besteht, dass ein Zuwachs an Inzucht entsteht, der insbesondere auf lange Sicht gesehen negative Auswirkungen haben kann (FALCONER, 1984). Deshalb soll im vorliegenden Beitrag eine Selektions- und Anpaarungsstrategie für die in Abb. 1 hervorgehobene Selektionsstufe entwickelt werden, die den erwarteten Zuchtfortschritt mit einem akzeptablen Inzuchtzuwachs in optimaler Weise kombiniert.

## 2 Material und Methoden

Für eine optimale Selektionsstrategie, d.h. eine Maximierung des Zuchtfortschritts im Merkmal Springen bei einem Maximalwert an zu tolerierender Verwandtschaft in der Folgegeneration, wurde das Programm Gencont (MEUWISSEN, 2002) genutzt. In diesem ist die „Optimum contribution theory“ (OCG) implementiert, die die Grundlage derartiger Selektionsstrategien abbildet (MEUWISSEN, 1997). In der selektierten Population wird hier langfristig nicht zwischen durchschnittlicher Inzucht  $\bar{F}$  und durchschnittlicher Verwandtschaft  $\bar{a}$  unterschieden, da unter Zufallspaarung  $E(\bar{F})^{t+1} = 0,5\bar{a}^t$  gilt. Der erwartete mittlere Inzuchtkoeffizient in Generation  $t + 1$  entspricht also der halben durchschnittlichen Verwandtschaft in Generation  $t$ . Die quadratische Form  $c'A^c$  ist die langfristig (asymptotisch) erwartete mittlere Verwandtschaft in der Population. Dabei ist  $A$  die

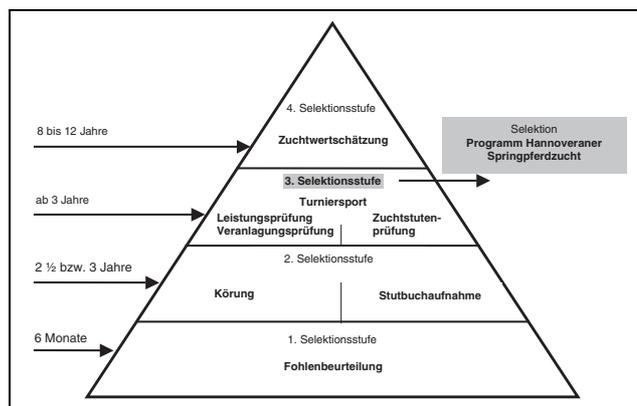


Abb. 1. Zuchtplanung in der Hannoveraner Zucht (grauer Hintergrund kennzeichnet die Selektionsstufe, in der die „Optimum contribution theory“ angewendet wurde) (modifiziert nach SITZENSTOCK, 2008)

*Breeding design for Hanoverian horses (grey background indicates selection step for application of „Optimum contribution theory“) (modified according to SITZENSTOCK, 2008)*

additiv-genetische Verwandtschaftsmatrix der aktuellen Selektionskandidaten und  $c$  der ‚contribution vector‘, also der Vektor, der den Beitrag der aktuellen Selektionskandidaten zur Folgegeneration abbildet.

Enthält der Vektor  $g$  die geschätzten Zuchtwerte aller aktuellen Selektionskandidaten, ist  $c'g$  der Erwartungswert des mittleren genetischen Niveaus in der Folgegeneration. Gleichzeitig ist das aber auch der Beitrag der aktuellen Selektion zum langfristigen additiv-genetischen Zuchtfortschritt. Der Ansatz der OCG zielt darauf ab,  $c'g$  zu maximieren, wobei für  $c'Ac$  eine Nebenbedingung gesetzt wird, wie z.B. die Begrenzung auf einen Maximalwert.

Das Programm Gencont benötigt als Input die Eingabe der Tieridentifikationsnummer, des Geschlechts und des geschätzten Zuchtwerts der Selektionskandidaten sowie deren Pedigree. Als Nebenbedingungen können die durchschnittliche Inzucht oder der durchschnittliche Verwandtschaftskoeffizient auf einen vorgegebenen Maximalwert begrenzt werden. Des Weiteren können, um die reale Situation möglichst genau zu beschreiben, Mindest- und Höchstbeiträge von Einzeltieren zur nächsten Generation vorgegeben werden.

Die Kombination von Selektion und verschiedenen konkreten Paarungsplanungsstrategien hat DE ROCHAMBEAU (2002) in einer Simulationsstudie untersucht. Dabei fand er heraus, dass eine Verminderung des Inzuchtzuwachses mit einer Verminderung des Zuchtfortschrittes und mit einer Erhöhung der Varianz des Zuchtfortschrittes einhergeht. In einer weiteren Simulationsstudie stellten KORPIAHO et al. (2002) fest, dass in einem kleinen Zuchtnukleus eine ‚minimum coancestry mating‘ Strategie mit einem faktoriellen Anpaarungsdesign zu einem minimalen Inzuchtzuwachs über einen längeren Planungszeitraum führte. Der optimale Anpaarungsplan wurde dabei mit einem ‚simulated annealing‘ Algorithmus berechnet (SONESSON und MEUWISSEN, 2000; PRESS et al., 1992). Zur Erstellung des konkreten Anpaarungsdesigns wurde daher in der vorliegenden Studie ein von SIMIANER et al. (2003) entwickeltes Fortran-Programm genutzt, das auf diesem ‚simulated annealing‘ Algorithmus (SONESSON und MEUWISSEN, 2000) basiert. Für die konkrete Anpaarungsplanung für von Gencont ausgewählte Hengste und Stuten sind somit neben deren vorgeschlagenen Einsatzhäufigkeiten auch alle Kombinationen an Verwandtschaftskoeffizienten zwischen männlichen und weiblichen Tieren notwendig.

Als Grundlage für die vorliegende Untersuchung wurden Elterntiere ausgewählt, die im Jahr 2006 Nachkommen erbracht haben und die zu diesem Zeitpunkt beide, sowohl Hengst als auch Stute, im Springpferdeprogramm aufgenommen waren. Von diesen insgesamt 727 Anpaarungen lagen für 477 Stuten und 55 Hengste integrierte Zuchtwerte im Springen vor (VIT, 2007). Im Gencont-Parameterfile wurde festgelegt, dass alle 477 Stuten mit gleichen genetischen Beiträgen zur zukünftigen Generation selektiert werden sollen. Eine Vorabrestriktion erfolgte auf der männlichen Seite. Es wurde festgelegt, dass jeder Hengst, den Gencont selektiert, an mindestens 16 und höchstens 95 der 477 Stuten angepaart werden darf. Diese Vorgehensweise impliziert eine minimale Einsatzhäufigkeit von 0,035 und eine maximale Einsatzhäufigkeit von 0,199 für jeden selektierten Hengst.

### 3 Ergebnisse

Zunächst wurde untersucht, wie sich bei unterschiedlicher Restriktion für die durchschnittliche Verwandtschaft die Anzahl der zu selektierenden Hengste verändert, um die 477 erforderlichen Anpaarungen durchzuführen. Im Intervall von 3,0% bis 6,5% wurde die maximal zulässige durchschnittliche Verwandtschaft der Nachfolgegeneration in Schrittweiten von 0,5% variiert (Abb. 2).

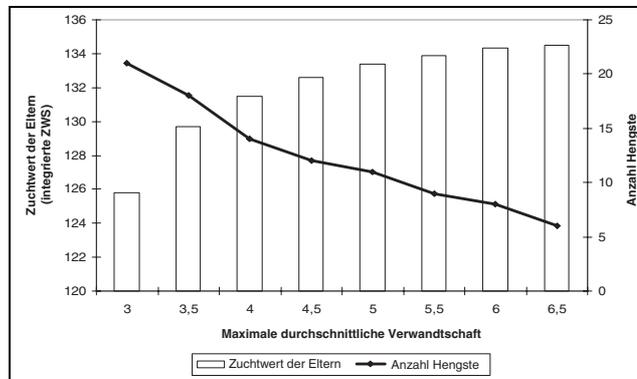


Abb. 2. Mittlerer Zuchtwert der selektierten Eltern und Anzahl selektierter Hengste für verschiedene zulässige Verwandtschaftskoeffizienten in der Nachfolgeneration  
*Mean breeding values of selected parents and number of selected stallions for different levels of average relationship*

Die durchschnittlichen Zuchtwerte der selektierten Elterntiere und die Anzahl der selektierten Hengste verhalten sich mit Zunahme der erlaubten Verwandtschaft entgegengesetzt. Die durchschnittlichen Zuchtwerte nähern sich mit abnehmender Restriktion auf den Zuwachs der durchschnittlichen Verwandtschaft asymptotisch einem Maximalwert von ungefähr 135 Relativzuchtwertpunkten, während die Anzahl der einzusetzenden Hengste bei einer zulässigen Verwandtschaft von 6,5% auf ein Minimum von sechs Tieren abfällt.

Für die im Jahr 2006 geborenen Nachkommen der für das Springpferdeprogramm selektierten Elterntiere (55 Hengste, 477 Stuten) lag der durchschnittliche Pedigree-Zuchtwert im Springen bei 127,7 Zuchtwertpunkten. Der durchschnittliche Verwandtschaftskoeffizient der Elterntiere betrug 1,84%, wobei der Maximalwert 27,8% erreichte.

Um ein optimales Anpaarungsdesign für die von Gencont selektierten Elterntiere zu bestimmen, wurde in den weiteren Berechnungen die maximale durchschnittliche Verwandtschaft auf 3,5% (Szenario I) und auf 5,0% (Szenario II) begrenzt, so dass nur noch 18 bzw. 11 Hengste zur Selektion vorgeschlagen wurden. Bei diesen Szenarien lagen der durchschnittliche Zuchtwert der Nachkommen im Springen bei 129,7 bzw. 133,4 Zuchtwertpunkten und die durchschnittliche Verwandtschaft der Eltern bei 0,24% bzw. 0,34% (Tab. 1). Der Vergleich mit dem bisherigen konventionellen Zuchtprogramm zeigt deut-

Tab. 1. Selektionsszenarien im Vergleich  
*Comparison of different schemes of selection*

Szenario	Ø Verwandtschaft der Eltern	Ø Pedigree-Zuchtwert Springen der Nachkommen	Anzahl Hengste
Konventionell (max. durchschnittl. Verwandtschaft 27,8%)	1,84% ( $\sigma = 2,88\%$ )	127,7 ( $\sigma = 11,41$ )	55
Szenario I (max. durchschnittl. Verwandtschaft 3,5%)	0,24% ( $\sigma = 0,31\%$ )	129,7 ( $\sigma = 8,57$ )	18
Szenario II (max. durchschnittl. Verwandtschaft 5,0%)	0,34% ( $\sigma = 0,43\%$ )	133,4 ( $\sigma = 8,25$ )	11

lich, dass mehr Zuchtfortschritt mit deutlich weniger Inzucht unter Verwendung der OGC-Theorie realisierbar ist.

#### 4 Diskussion

Die durchschnittliche Verwandtschaft der Eltern von 1,84% in dem konventionellen Szenario lässt darauf schließen, dass innerhalb des Programms Hannoveraner Springpferdezucht keine engen verwandtschaftlichen Beziehungen herrschen. Allerdings deutet die maximal erreichte Verwandtschaft von 27,8% darauf hin, dass bei der Anpaarung von Pferden nicht immer auf eine Vermeidung von Inzucht geachtet wird. Vergleiche zu anderen Tierarten, bei denen ungeachtet der langfristig negativen Inzuchtauswirkungen strikt auf Produktionsmerkmale selektiert wurde, zeigen aber deutlich auf, dass frühzeitige OGC-Selektionsstrategien auch in der Pferdezucht evaluiert werden sollten.

Der Vergleich der Szenarien zeigt, dass es mit der programmtechnischen Umsetzung der OGC-Theorie und unter strenger Kontrolle des Anpaarungsdesigns möglich ist, bei einem geringeren Verlust an genetischer Varianz auf der Hengstseite stärker zu selektieren und einen noch höheren Zuchtfortschritt im Merkmal Springen zu erzielen. Dies konnte auch schon für ähnliche Paarungsstrategien beim Holsteinrind (u.a. KÖNIG und SIMIANER, 2005) und Schweinen der Schweizer Landrasse (SIMIANER et al., 2003) nachgewiesen werden.

Allerdings ist eine Umsetzung dieser konkreten Anpaarungsvorschläge in die praktische Pferdezucht nicht immer unproblematisch, da sich die Züchter bei ihrer Anpaarungsentscheidung nicht nach einem einzigen Zuchtwert richten, sondern auch viele phänotypische Ausprägungen oder relativ vage definierte Kriterien in ihre Entscheidung einfließen, die nicht genau zu quantifizieren sind. Bei der Suche eines passenden Hengstes für ihre Stute könnte die optimierte Paarungsplanung allerdings als Orientierungshilfe - besonders für die Züchter von Pferden im Springpferdeprogramm - genutzt werden, da hier der Schwerpunkt auf dem Merkmal Springen liegt und andere Merkmale bei der Selektionsentscheidung weniger berücksichtigt werden. Allerdings wird dringend empfohlen, das optimale Anpaarungsdesign immer mit der OGC-Theorie zu kombinieren, um so das langfristige Ziel der Inzuchtminimierung über Generationen hinweg realisieren zu können.

#### Literatur

- DE ROCHAMBEAU, H. (2002): Systems of management to reduce inbreeding in selected populations with discrete generations. 7<sup>th</sup> World Congr. on Genetics Applied to Livestock Production. CD-ROM communication n° 26-18.
- FALCONER, D.S. (1984): Einführung in die quantitative Genetik. Stuttgart: Eugen Ulmer KG, Hannoveraner Verband e.V. (2006): Programm Hannoveraner Springpferdezucht: 3-4.
- KORPIAHO P., I. Strandén and E.A. MÄNTYSAARI (2002): Mating strategies in a small nucleus scheme. 7<sup>th</sup> World Congr. on Genetics Applied to Livestock Production. CD-ROM communication n° 23-08.
- KÖNIG, S. and H. SIMIANER (2005): Approaches to the management of inbreeding and relationship in the German Holstein population. *Livest. Sci.* **103**: 40-53.
- MEUWISSEN, T.H.E. (1997): Maximising the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Animal Sci.* **75**: 934-940.
- MEUWISSEN, T.H.E. (2002): GENCONT: An operational tool for controlling inbreeding in selection and conversion schemes, 7<sup>th</sup> World Congr. on Genetics applied to Livestock production. CD-ROM communication n° 23-07.

- PRESS, W.H., S.A. TEUKOLSKY, W.T. VETTERLING and B.P. FLANNERY (1992): Numerical Recipes. Cambridge Univ. Press, Cambridge, UK.
- SIMIANER, H., S. KÖNIG and M. TIETZE (2003): Untersuchungen zur optimalen Durchführung von Selektions- und Anpaarungsentscheidungen in der Rasse Schweizer Landrasse, Projektarbeit, Göttingen.
- SITZENSTOCK, F. (2008): Einkreuzung von Englischem Vollblut in die Hannoversche Warmblutpopulation, Masterarbeit, Georg-August-Universität Göttingen.
- SONESSON, A.K. and T.H.E. MEUWISSEN (2000): Mating schemes for optimum contribution selection with constrained rates of inbreeding. *Genet. Sel. Evol.* **32**, 231-248.
- VIT (VEREINIGTE INFORMATIONSSYSTEME TIERHALTUNG) (2007): Datenbereitstellung.