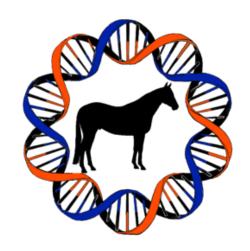
Pferdegenetik für alle

Dr. Annik Gmel



09.10.2021

Warum Genetik interessant ist

- Wie kommt es, dass verwandte Tiere sich (meistens) ähnlicher sind als unverwandte Tiere?
 - ➤ Erblichkeit von Merkmalen → Genetik!



Phänotyp & Genotyp

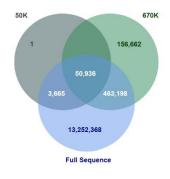
 Das äussere Erscheinungsbild eines Pferdes (Phänotyp) resultiert aus dem Zusammenwirken von genetischen (Genotyp) und umweltbedingten Faktoren (alle nichtgenetischen Eigenschaften)

PHÄNOTYP = GENOTYP + UMWELT

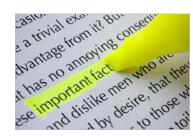
Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs)

- Markieren eine Variation im Genom
- SNP Chips (60-120€ pro Genotypisierung)
 - 70K und 600K (HD) für Pferde
- Vollsequenzierung (500-1000€ pro Sequenzierung)
 - Durch die Veröffentlichung von Referenzgenomen, können Tiere vollständig sequenziert werden.





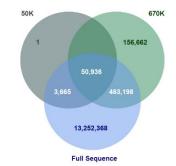




Q

Aktuelle SNP Datenbank am SNG

- Illumina Equine SNP50® Genotypen für 1'077 FM
- Axiom® Equine HD Genotypen für 400 FM
- Next Generation Sequencing (NGS ~ 14 Mio SNPs)
 Daten für 30 FM



 ■ Durch nationale und internationale Kollaborationen Zugang zu Axiom® Equine HD Genotypen für ~3'000 Pferde verschiedener Rassen

- Populationsstudien
- Genomweite Assoziationsanalysen



O

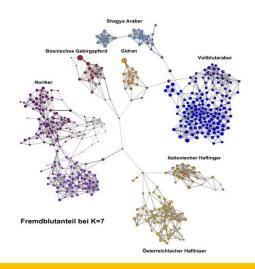
Populationsstudien

Diversität, Verwandtschaftsgrad, Inzucht,

Selektionssignaturen (was macht eine Rasse genetisch

besonders?)





Checkliste

- ✓ Genmaterial
- ✓ Identität der Tiere (z.B. UELN)
- ✓ Zugehörigkeit zu einer Rasse/Population

O

Genomweite Assoziationsstudien

- Genomweite Assoziationsstudien vergleichen Phänotypen mit Genotypen
 - z.B. Stockmass, Fellfarbe, etc.



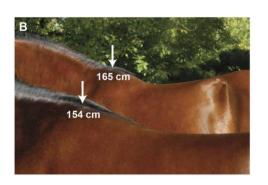


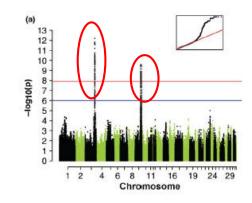
Checkliste

- ✓ Genmaterial
- ✓ Identität der Tiere (z.B. UELN)
- ✓ Zugehörigkeit zu einer Rasse/Population
- ✓ Gut erfasster Phänotyp

Genomweite Assoziationen je nach Phänotyp

Quantitative Merkmale





Qualitative Merkmale (Case-Control)





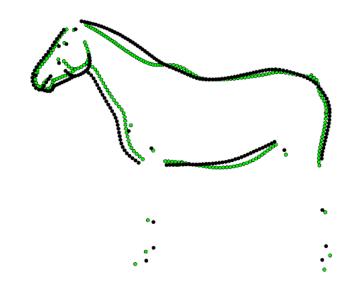
Pferd ohne verkürzten Unterkiefer (A) und Pferd mit verkürztem Unterkiefer (B)

(aus: Signer-Hasler et al. 2014)

Citizen Science Projekt 1 - Shape

- Shape: Variationen im Körperbau in verschiedenen Rassen
 - Gelenkswinkel, Format, Umriss





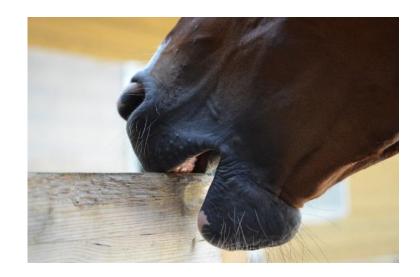
 Fotos und Haarproben von <u>euren Pferden</u>, mit Alter und Rasse zum Aufbau einer Datenbank

- 623 FM
- 224 Lipizzaner
- 32 Shagya Araber
- 21 ZVCH
- 19 PRE

Citizen Science Projekt 2 - Koppen

- Koppen ist die häufigste Stereotypie in Schweizer Pferden
- Kommt häufiger in einigen Rassen (v.a. Vollblut) und Familien
 VOr (Hosoda 1950, Vecchiotti, 1986, Burren et al. 2008)
- Sowohl Umwelt- als auch genetischer Einfluss

PHÄNOTYP = GENOTYP + UMWELT



Problem – Cases vs Controls

- Koppt ein Pferd nicht, weil es die Genvarianten nicht hat, oder weil es vergleichsweise besser gehalten wird?
- Neue Analyse: wir suchen Genregionen, für die alle Kopper keine Variation haben (homozygote Abschnitte). Keine Kontrollpferde notwendig!
- Videos und Haarproben von <u>euren</u> <u>koppenden Pferden</u>, mit Alter und Rasse zum Aufbau einer Datenbank



To do - Shape



Haarproben nehmen, in Briefumschlag tun, korrekt bezeichen
 & Einverständniserklärung unterschreiben

Name Pferd	
UELN	
Geburtsdatum Pferd	
Rasse	
Name Besitzer	

- Foto schiessen, korrekt abspeichern
 - Geburstdatum_NamePferd_UELN
 - yyyymmdd_NamePferd_UELN.jpeg
- Dateien versenden an harasnational@agroscope.admin.ch
 mit der Bezeichnung citizen science genom
- Haarproben + Einverständniserklärung per Post an:

Sabrina Martin Agroscope – Haras national suisse Les Longs-Prés 1580 Avenches

To do - Koppen



Haarproben nehmen, in Briefumschlag legen, korrekt bezeichen
 & Einverständniserklärung unterschreiben

Name Pferd	
UELN	
Geburtsdatum Pferd	
Rasse	
Name Besitzer	

- Video des Pferdes beim Koppen, korrekt abspeichern
 - Geburstdatum_NamePferd_UELN
 - yyyymmdd_NamePferd_UELN.mp4
- Dateien versenden an harasnational@agroscope.admin.ch mit dem Betreff citizen science genom mit https://www.swisstransfer.com/
- Haarproben + Einverständniserklärung per Post an:

Sabrina Martin Agroscope – Haras national suisse Les Longs-Prés 1580 Avenches

O

Wann sind Ergebnisse zu erwarten?

- Genotypisierung abhängig von der Stichprobe (man muss 96 Proben zusammen haben)
- Ergebnisse abhängig von der Stichprobe und der Erblichkeit des Merkmals

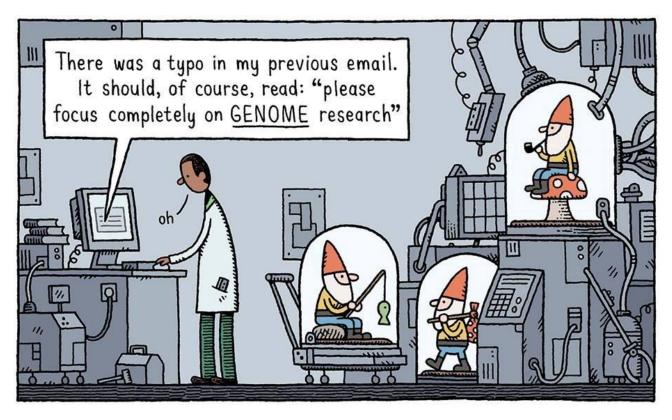


 Wir werden Sie in einem Jahr über die Stichprobe und potentielle Ergebnisse informieren

See you October 2022!







Viel Spass und Danke für Ihre Aufmerksamkeit

Dr. Annik Gmel annik.gmel@agroscope.admin.ch