

Aus dem Department für Biomedizinische Wissenschaften der Veterinärmedizinischen
Universität Wien

Institut für Tierzucht und Genetik

Leiter: O. Univ.-Prof. Dr. med. vet. Mathias Müller

Genetische Untersuchung zu paternalen Linien beim Berberpferd mit y-chromosomalen Markern

Diplomarbeit

Veterinärmedizinische Universität Wien

Vorgelegt von

Carina Krcal

Wien, im Februar 2021

Betreuerin: Dr. med. vet. Barbara Wallner

Institut für Tierzucht und Genetik

Department für Biomedizinische Wissenschaften

Veterinärmedizinische Universität Wien

Begutachter: O. Univ.-Prof. Dr. med. vet. Gottfried Brem

Inhalt

1.	Einleitung	1
1.1.	Herkunft und Geschichte des Berberpferdes	2
1.1.1.	Charakter und Aussehen des Berberpferdes	2
1.2.	Herkunft und Geschichte des Araber-Berbers.....	3
1.3.	Herkunft und Geschichte des Ponys von Mogod	4
1.4.	Der heutige Berber, Araber-Berber und das Pony von Mogod	4
1.5.	Vererbung und Untersuchung des Y-Chromosoms.....	6
1.6.	Untersuchung zu paternalen Linien	7
1.7.	Fragestellung und Ziele	10
2.	Material und Methoden.....	11
2.1.	Material.....	11
2.1.1.	Verwendete Chemikalien.....	11
2.1.2.	Verwendete Geräte.....	11
2.1.3.	Verwendete Materialien	11
2.1.4.	Verwendete Software und Programme	11
2.1.5.	Verwendete Proben.....	11
2.2.	Methoden	14
2.2.1.	DNA-Isolation mit Nexttec.....	14
2.2.2.	Real-Time PCR und KASP Technologie.....	15
2.1.3.	Zur Analyse genutzte Marker.....	21
2.1.4.	Pedigreeanalyse.....	26
3.	Ergebnisse	28
3.1.	Ergebnisse der Haplotypenverteilung	28
3.2.	Haplotypenverteilung gruppiert nach Typen der Berber	29
3.3.	Haplotypenverteilung gruppiert je nach Herkunftsland	34
3.4.	Haplotypenverteilung nach Zuordnung der Importtiere zu ihren Ursprungsländern	37
3.5.	Haplotypenverteilung nach Rekonstruktion der paternalen Herkunft der Importtiere und Zuordnung zu ihren Ursprungsländern.....	39
4.	Diskussion.....	42
4.1.	Ausgeprägte Haplotypendiversität im Nordafrikanischen Pferd.....	42
4.2.	Neue Erkenntnisse in den Haplotypen: *-Haplotypen.....	44
4.3.	Betrachtung der Haplotypendiversität des Berbers in Tunesien.....	45

4.4.	Betrachtung der Y-chromosomalen Linien zwischen Araber und Araber-Berber....	46
5.	Schlussfolgerung.....	48
6.	Zusammenfassung.....	49
7.	Summary.....	50
8.	Abkürzungsverzeichnis	51
9.	Literaturverzeichnis	52
10.	Tabellenverzeichnis.....	55
11.	Abbildungsverzeichnis.....	56
12.	Danksagung.....	57
13.	Anhang.....	58
13.1.	Sequenzen der Y-chromosomalen Marker	58
13.2.	Ergebnisse.....	67

1. Einleitung

Der Berber, das nordafrikanische Pferd, stellt sich als eine der ältesten Pferderassen dar. Die Ursprungsregionen des heutigen Berbers umfassen alle westlichen Regionen Nordafrikas. Das Erscheinungsbild des Berbers zeigt unterschiedlichste Pferdetypen. Je nach Region gibt es große Differenzen zwischen den einzelnen Pferden. Der Berber wird vor allem auf Charaktermerkmale und Robustheit selektiert. Man kann nicht von einem einheitlichen Zuchtziel sprechen.

In Nordafrika wird der Berber mit viel Stolz in sogenannte Fantasia, einem traditionellen Reiterspiel, zur Show gestellt. Die Ursprungsländer gründeten 1987 den Weltberberverband Organisation Mondiale du Cheval Barbe (OMCB), der mittels Zuchtkommissionen Pferde gezielt zur Zucht auswählt und somit eine Erhaltung des Berbers und erreichen will (Krischke 2011).

In Europa herrscht eine Hobbyzucht des Berbers vor. In Deutschland, Österreich, Frankreich und in der Schweiz werden Berber, basierend auf Importtieren, meist in Privatzuchten gezogen.

Ist der Berber heute eine zahlenmäßig kleine Population, sind diese Tiere dennoch die einzig lebenden Vertreter einer Pferdepopulation, die im Laufe der letzten Jahrhunderte die Grundlage für die Entstehung zahlreicher Pferderassen bildete. Dies will man mithilfe von molekulargenetischen Analysen aufschlüsseln. In dieser Arbeit werden Berberpferde und deren Verbindung zu anderen Pferderassen mit rein in der väterlichen Linie vererbten, Y-chromosomalen, Markern untersucht.

1.1. Herkunft und Geschichte des Berberpferdes

Der Berber, der ursprünglich aus Nordafrika, Marokko, Algerien und Tunesien stammt, ist einer der ältesten Pferderassen der Welt. Lange Zeit bestand die Vermutung, dass er sich aus dem Araber entwickelt hat. Jedoch konnte diese Vermutung, vor allem durch sein gegenteiliges Erscheinungsbild, widerlegt werden. Zu den ausgeprägten Exterieurunterschieden zwischen Arabern und Berbern zählen die für Araber typische konkave Nasenlinie und die horizontale Kruppe des Arabers. Im Gegensatz dazu ist der Berber charakterisiert durch sein Ramsprofil und eine abfallende Kruppe (Verein der Freunde und Züchter des Berberpferdes e.V. <https://www.vfzb.de/rassen/geschichte/> (Zugriff 1.3.2020, 15:25)).

Kriegerische Nomaden des Berbevölkeres, die sogenannten Numider, entwickelten aus einem wendigen Kavalleriepferd, welches um 400 v. Chr. bis 10 v. Chr. geläufig war, das Berberpferd. Das Berberpferd zeichnete sich durch seine Schnelligkeit und Leichtigkeit aus, weshalb man es ohne jegliche Ausrüstung ritt. Aufgrund des Bündnisses der Numider mit den Römern wurden Berberpferde rund um das Mittelmeer verbreitet (Verein der Freunde und Züchter des Berberpferdes e.V. <https://www.vfzb.de/rassen/geschichte/> (Zugriff 1.3.2020, 15:25)).

Das Berberpferd wurde im Mittelalter aufgrund seiner Kleinwüchsigkeit, Arbeitswilligkeit und seiner Ausdauer geschätzt (Hendricks 2007).

Mit der Entdeckung Amerikas gelangten spanische und maurische Pferde auf diesen Kontinent. Diese Pferde bildeten die genetische Grundlage für viele, vor allem südamerikanische Pferderassen. Heute finden sich, die sogenannten „Spanish Barbs“ in Amerika.

Das Wissen über die Abstammung der Pferde wurde in den Ursprungsländern vor allem mündlich überliefert.

1.1.1. Charakter und Aussehen des Berberpferdes

Der Berber zeichnet sich vor allem durch seine enorme Ausdauer als wahres Wüstenpferd aus. Er bewegt sich leichtfüßig und kann steile Hänge mühelos auf und ab galoppieren. Das Pferd ist bekannt für seine Geschwindigkeit, Loyalität und Agilität. Die Farbpalette reicht von Braunen, Rappen, Fuchse, Schimmel, Falben, bis hin zu Aufhellungen der Deckfarben. Der Kopf des Pferdes zeigt betonte Kieferknochen, lebhaftige Augen, ein gerades bis konvexes Profil, offene Nüstern und gebogene, bewegliche Ohren. Der Rücken ist kurz und gerade.

Die Schulterpartie ist lang und steil. Die Brust ist lang und sehr tief, um Herz und Lunge genug Platz zu geben. Die Beine sind schlank und zeigen breite Gelenke, schmale Hufe und gut geformten, hartem Horn.

In den Ursprungsländern ist der Einsatz des Pferdes sehr vielseitig. Dieser reicht von der Pflugarbeit bis hin zum Einsatz zur Jagd oder in unwirtlichem Gelände. Es eignet sich auch als Reitpferd für Distanzritte und für mittlere Sprünge (Hendricks 2007, Verein der Freunde und Züchter des Berberpferdes e.V. <https://www.vfzb.de/rassen/rassen-und-herkunft/>(Zugriff 1.3.2020, 15:49)).

1.2. Herkunft und Geschichte des Araber-Berbers

1830 herrschte in Nordafrika, aufgrund der Besetzung Frankreichs, großer Bedarf an Kriegspferden. Der Berber hatte jedoch keine ausdauernde Trableistung. Man versuchte dieses Defizit auszugleichen indem man anderen Rassen einkreuzte. Der Versuch gelang schlussendlich mit den Arabern. Es entstand ein robustes Pferd mit einem kräftigen Körperbau, das sowohl Mut, Nervenstärke als auch Schnelligkeit und Ausdauer mit sich brachte. Zu dieser Zeit entstanden Deckstationen in Algerien, in denen erste Zuchtaufzeichnungen der Berberpferde erstellt wurden. Während der französischen Kolonialisierung in Algerien, Tunesien und Marokko wurden 1886 bis 1914 die ersten Zuchtbücher eröffnet. So entwickelten sich die Araber-Berbergestüte im Maghreb, in denen bis heute 95 % der Araber-Berber leben.

Man geht heute davon aus, dass Araber schon wesentlich früher, bereits bei der Eroberung Nordafrikas im 7. und 8. Jahrhundert, durch islamische Völker in das Berberpferd eingekreuzt wurden.

Der Araber-Berber stellt eine eigene Rasse dar. Zur Einkreuzung sind Berberpferde und Arabische Vollblutpferde zugelassen. Das Pferd zeichnet sich durch Mut, Nervenstärke, Robustheit und Treue des Berbers, kombiniert mit Ausdauer, Schnelligkeit und Schönheit des Arabers aus. Der Araber-Berber stellt einen wesentlich größeren Anteil an der Berberpopulation dar und ist heute die meist verbreitete Pferderasse in Nordafrika. Im nordafrikanischen Maghreb befinden sich die meisten Araber-Berbergestüte.

Der Araber-Berber wurde genauso wenig wie der Berber, von einem strengen Rassestandard in seiner Diversität eingeschränkt. In Abhängigkeit vom Arabischen Vollblutanteil kann man Araber-Berber in unterschiedlichster phänotypischer Ausprägung

vorfunden (Verein der Freunde und Züchter des Berberpferdes e.V.
<https://www.vfzb.de/rassen/rassen-und-herkunft/>(Zugriff 1.3.2020, 15:49)).

1.3. Herkunft und Geschichte des Ponys von Mogod

Das Pony von Mogod ist ein aus Tunesien stammendes kleines Reit- und Zugpferd. Es hat eine Widerristhöhe von 120 bis 140 cm und zeichnet sich durch Mut und Intelligenz aus. Der Körperbau besteht aus einem geraden, leicht geramsten Kopf, schrägen Schultern und kurzem Rücken.

Die Herkunft des tunesischen Wildponys ist nicht ganz geklärt. Man vermutet, dass es eng mit dem arabischen Vollblut, dem Berber und dem Araber-Berber verwandt ist. Außerdem wird angenommen, dass es sich bei dem Tier um die Primitivform des heutigen Berbers handelt (Pony von Mogod. <http://die-pferderassen.de/index.html?rassen/mog.html> (Zugriff: 5.6.2020; 18:00)).

1.4. Der heutige Berber, Araber-Berber und das Pony von Mogod

Die heutige Einteilung erfolgt in Berber und Araber-Berber. Das Pony von Mogod wird zwar als Pferd vom Berbertyp definiert, stellt jedoch ebenfalls eine eigene Rasse dar.

Heute wird das Berberpferd nicht mehr als Kriegspferd gebraucht. Die frühere Nutzung dessen, lässt sich nur noch in der alljährlichen Fantasia, einem Reiterschauspiel, erahnen. In den Ursprungsländern herrscht ein großes Bestreben, die Rasse zu erhalten.

Die ersten Berber- und Araber-Berberpferde wurden vor rund 25 Jahren aus Algerien, Tunesien und später aus Marokko nach Deutschland importiert. Es entwickelte sich rasch eine große Nachfrage nach diesen Pferden, die mit besonderen Charaktereigenschaften ausgestattet waren. Heute hat sich in Deutschland, Frankreich, Österreich und der Schweiz eine qualitätsvolle Zucht etabliert. In den Zuchtbüchern des Vereins der Freunde und Züchter des Berberpferdes (VFZB) sind bereits gut 160 Stuten und Hengste zur Zucht eingetragen. In jedem Jahr registriert der VFZB rund 20 bis 30 Berber- und Araber-Berberfohlen. Im Zuchtjahr 2020 waren 101 Berberpferde, 65 Araber-Berberpferde und vier Arabische Vollblutpferde zu Kreuzungszwecken in den Zuchtbüchern des VFZB eingetragen (Verein der Freunde und Züchter des Berberpferdes e.V. <https://www.vfzb.de/rassen/anschaffung/> (Zugriff 1.3.2020, 18:00)).

In Europa sind Berber und Araber-Berber beliebte Allroundpferde. Aufgrund guter Charaktereigenschaften, ausgeprägter Nervenstärke und Gesundheit eignen sie sich als

Westernpferd, für die klassische Reitkunst bis hin zur hohen Schule. Ebenso können sie sehr gut gefahren werden und leicht Zirkuslektionen erlernen. Araber-Berber werden auch als Distanzpferde und Berberpferde als Springpferde für mittlere Höhen eingesetzt.

Organisiert wird die internationale Berber- und Araber-Berber-Zucht durch den Weltberberversand OMCB (Organisation Mondiale du Cheval Barbe) mit seinen zuchtbuchführenden Mitgliedern Algerien, Marokko, Tunesien, Frankreich, Deutschland, Belgien und der Schweiz (Verein der Freunde und Züchter des Berberpferdes e.V. <https://www.vfzb.de/rassen/rassen-und-herkunft/> (Zugriff 1.3.2020, 15:49)).

1.5. Vererbung und Untersuchung des Y-Chromosoms

Bei der Entstehung eines neuen Individuums muss es zu einer Verschmelzung der weiblichen Eizelle und des männlichen Spermiums kommen. Durch diesen Vorgang entsteht aus den jeweiligen haploiden Gameten ein diploider Chromosomensatz. Das autosomale Genom jedes Individuums bestehen nun zu gleichen Anteilen aus der Erbsubstanz der Eltern. Im Gegenzug dazu wird das Erbgut der Mitochondrien nur von der Mutter vererbt und im Falle eines männlichen Nachkommens, das Y-Chromosom nur vom Vater vererbt (Jobling et al. 1995).

Das Y-Chromosom des Pferdes besteht aus einer euchromatischen Region und einer heterochromatischen Region (siehe Abb.1). Die euchromatische Region des Chromosoms umfasst etwa 15 Mb (Megabasen) des gesamten Chromosoms (45-50 Mb) und befindet sich im distalen Drittel des langen Arms. Terminal davon befindet sich die pseudoautosomale Region (PAR), welche während der Meiose mit dem X-Chromosom rekombiniert (Raudsepp et al. 2004).

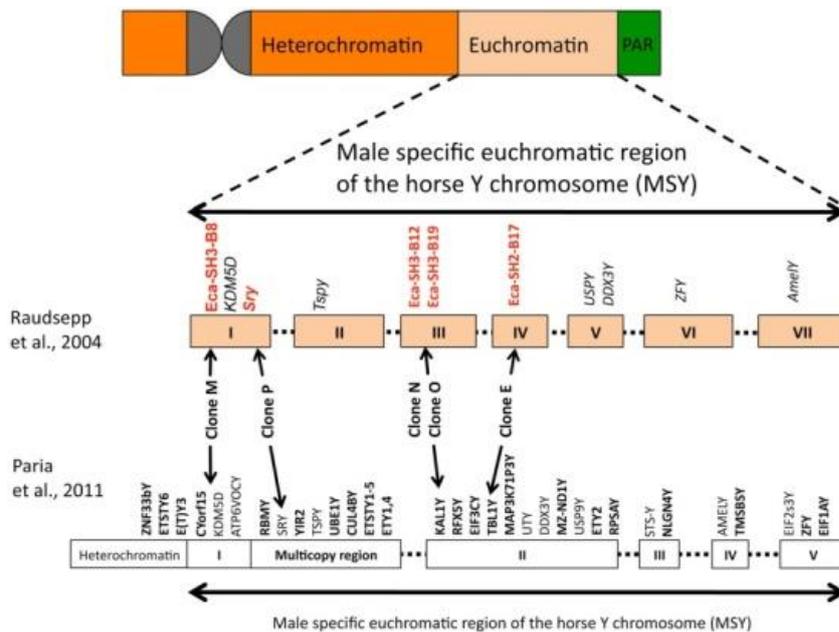


Abb. 1: Darstellung des Y-Chromosom (Wallner et al. 2013)

Die heterochromatische, die euchromatische male specific region (MSY) und die pseudoautosomale Region (PAR) des Y-Chromosoms des Pferdes werden gezeigt.

Die euchromatische Region des Y-Chromosoms des Pferdes besteht somit zu einem großen Anteil aus der „non recombining Y-chromosome“ (NRY), auch als „male specific region Y“ (MSY) bezeichnet, welche während der Meiose nicht rekombiniert. Die NRY wird somit

unverändert, außer es passieren spontane Mutationen, von Generation zu Generation in der väterlichen Linie weitergegeben.

Mutationen, welche in Form von Insertionen und Deletionen (Indels), Einzelnukleotid-Polymorphismen (Single nucleotide polymorphisms-SNPs) oder strukturellen Umlagerungen auftreten können (Jobling et al. 1996), führen zu Polymorphismen am Y-Chromosom. Diese können als Marker für die väterlichen Linien verwendet werden. Aufgrund der fehlenden Rekombination, können aus den Allelen an mehreren y-chromosomalen Markern einfach die Haplotypen (Kopplungsblöcke, HT) konstruiert werden. Dieses Phänomen macht es möglich, dass mittels Sequenzanalyse des Y-Chromosoms, bestimmte Zuchtlinien über viele Generationen zurückverfolgt werden können. Es führt auch dazu, dass alle untersuchten Y-Chromosomen sich von einem gemeinsamen Vorfahren herleiten lassen.

Da die phylogenetischen Beziehungen in Stammbäumen dargestellt werden, können die Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den einzelnen Linien einfach sichtbar gemacht werden. Eine Gruppe ähnlicher HTen stammt von einem gemeinsamen Vorfahren mit einer spezifischen SNP-Mutation ab. Diese Gruppen werden als Y-chromosomale Haplogruppen (HG) bezeichnet (Springer Nature Switzerland AG.

https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-662-48986-4_3495 (Zugriff: 27.2.2020)).

1.6. Untersuchung zu paternalen Linien

Wie oben erläutert kann die NRY paternale Geneologien reflektieren. Die NRY des Pferdes zeichnet sich vor allem durch seine sehr niedrige Sequenzdiversität aus.

Um die Rückverfolgung der einzelnen Hengstlinien dennoch zu ermöglichen, mussten y-chromosomale Marker entwickelt werden. In der Studie von Wallner et al. 2013 wurde mittels Next Generation Sequencing (NGS), die ersten polymorphen Y-chromosomalen Marker beschrieben. Dabei wurden sechs HTen für das moderne Pferd und zwei für das Przewalskipferd definiert (Wallner et al. 2013). Die Untersuchungen zeigten, dass sich das Y-Chromosom von modernen Pferden, weitgehend von dem des Przewalski Pferdes unterscheidet. Im Laufe der Entstehung der heutigen Rassen entwickelten sich zentralisierte und organisierte Pferdezüchten, in denen die Züchtung einer Linie oder Inzucht keine Fremdwörter waren. Dies schien zur extremen Minimierung der Y-chromosomalen Diversität bei domestizierten Pferden geführt zu haben (Wallner et al. 2017).

Im Artikel „Y Chromosome uncovers the recent oriental origin of modern stallions“ von Wallner et al. 2017 wurden die bereits erworbenen Erkenntnisse ausgeweitet. In dieser Arbeit wurden 1,46 Mb der NRY des Y-Chromosoms bei 52 Hengsten aus 21 verschiedenen Rassen mittels NGS sequenziert und 53 Polymorphismen ermittelt. Aus den 53 Varianten konnten insgesamt 24 HTen bestimmt werden.

In dieser Arbeit wurde ein phylogenetischer Stammbaum erstellt, bei dem die HG von Przewalski Pferden und Eseln als Außengruppen dienten. In domestizierten Pferden bildeten die nordischen europäischen Pferderassen mit der HG N (Shetlandpony und norwegisches Fjordpferd) und I (Islandpferd) die zwei tiefsten Äste. Zwei Sequenzvarianten (rAX, rAY) determinieren eine weitere Abspaltung, zu einer HG, welche als Krongruppe definiert wurde (siehe Abb. 2).

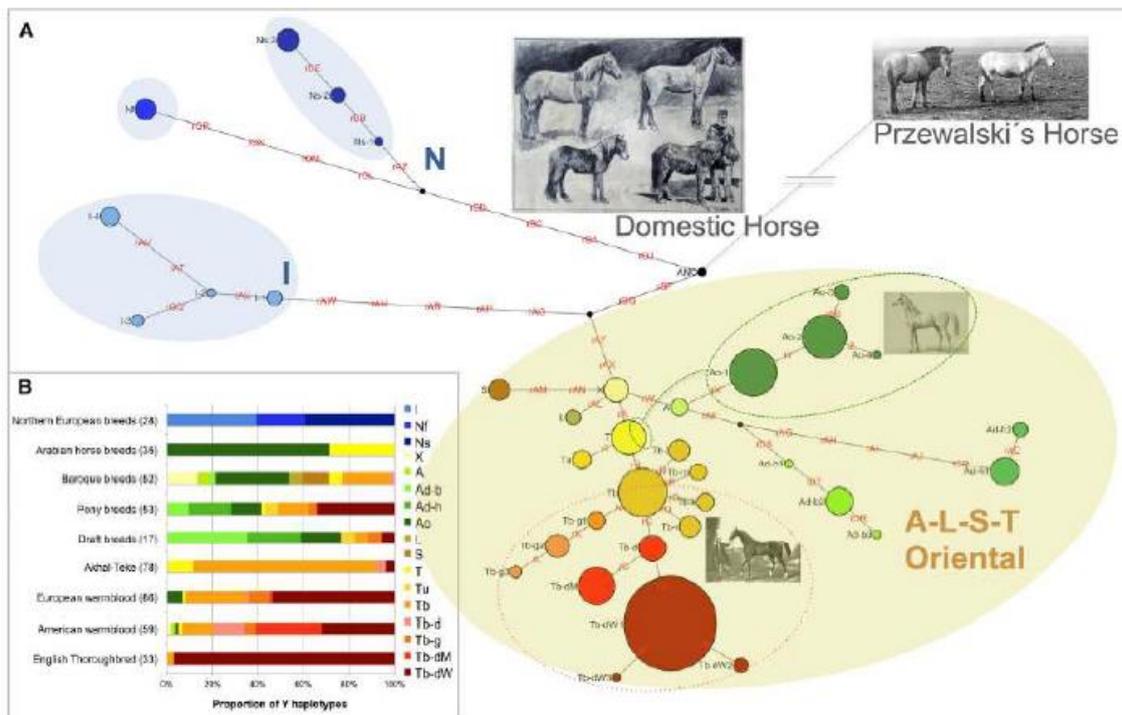


Abb. 2: Netzwerk Y-chromosomaler HTen (aus Wallner et al. 2017)

- (A) Die HTen sind als Kreise gekennzeichnet und je nach Größe kann die Probenanzahl zugeordnet werden. Die Marker, die die HTen bestimmen, werden auf den Verbindungslinien zwischen den Kreisen angeschrieben.
- (B) Es wird die relative Frequenz der Y-chromosomalen HTen der verschiedenen Rassen und Gruppen von Rassen dargestellt. Die Anzahl der Proben wird in Klammern angegeben.

Die modernen Pferderassen befinden sich innerhalb der Krongruppe und werden in die Subhaplogruppen A, L, S und T unterteilt. In Subhaplogruppe A befinden sich Araber, der

Trakehner, das Süddeutsche Kaltblut und das Connemara pony. In den Subhaplogruppen L und S lassen sich Tiere iberischer Herkunft (z.B. Lipizzaner) und Sorraia Pferde finden.

Ponyrassen, Barockrassen und Zugpferde wurden durch Iberische- (S und L) und A Linien beeinflusst.

Die Subhaplogruppe T umfasst zwei Drittel der Pferde, die in Wallner et al. 2017 untersuchten Pferde und wird unter anderem durch Vollblüter, Warmblüter, Lipizzaner und einige Quarter Horses vertreten. Weiters wurden die HTen der Gründertiere des Englischen Vollbluts, die alle in der T-HG zu finden sind, determiniert. Godolphin Arabian wurde Tb-g2 zugeordnet und Darley Arabian Tb-d (Wallner et al. 2017). Die hohe Häufigkeit von Tb in den Warmblütern lässt sich vor allem durch den Einsatz von Englischen Vollblütern zur Veredelung dieser Rassen erklären. Als Ursprung der HG Tb werden Turkmenische Pferde angenommen.

Alle erwähnten Subhaplogruppen unterteilen sich weiter, was in der Nomenklatur der HTen berücksichtigt wird.

In Felkel et al. 2018 wurden die ersten asiatischen Pferderassen untersucht. Es wurden acht private HTen für asiatische Pferde detektiert. Nur sieben der 13 asiatischen Proben in dieser Studie waren in der Krongruppe zu finden. Davon bildeten drei eigene HTen (C, Ta, Ao-m). Weiters wurde festgestellt, dass die HTen der Achal-Tekkiner eng verwandt mit denen des Englischen Vollblutes gruppieren und sich auf dem Tb-Ast befinden. Das Marwari Pferd hat einen HT der Ao-Gruppe und zeigt somit eine Verbindung zum Araber.

In Felkel et al. 2018 wurde vor allem gezeigt, dass asiatische Pferde eine höhere Haplotypendiversität aufweisen, als die bisher untersuchten Vertreter europäischer Rassen. Drei Pferde bildeten private HTen außerhalb der Krongruppe (Y, M, J), die sich jedoch klar von den nordeuropäischen Pferden unterscheiden. Drei weitere Pferde lokalisierten nur entfernt verwandt mit den anderen Tieren auf der MSY-Phylogenie und bilden HG O (Felkel et al. 2018).

Durch die Studie von Felkel et al. 2019 wurde die Y-chromosomale Referenz auf 5,8 Mb vergrößert und noch mehr Tiere sequenziert. Die Grundstruktur der Haplotypenphylogenie blieb auch nach Erweiterung der Referenz gleich, jedoch gab es eine detailliertere Auflösung der HG und viel mehr SNPs.

In der Krongruppe wurden 58 HTen basierend auf 211 Varianten detektiert. Neben den beiden bereits charakterisierten HG A und T, wurde eine dritte HG H entdeckt, die die Iberischen Linien und das Nordafrikanische Berberpferd umfasst. Das Alter der Kronhaplogruppe wurde in dieser Arbeit auf etwa 1500 Jahre geschätzt.

Mehr als die Hälfte der untersuchten Pferde hatten HG Tb. Es wurden Englische Vollblüter, Warmblüter, Amerikanische Quarterhorses und Achal-Tekkiner, Lipizzaner und das Turkmenische Pferd dieser Subhaplogruppe zugeordnet.

1.7. Fragestellung und Ziele

Das Ziel dieser Arbeit war es, mithilfe von molekulargenetischen Analysen die paternalen Linien des Berberpferdes zu untersuchen und das Y-Haplotypenspektrum der Berberpferde darzustellen. Es wurden dafür 130 Haarwurzelpollen von Hengsten aus Privatbesitz verwendet, die mit insgesamt 62 Y-chromosomalen Markern untersucht wurden.

Besonderes Interesse wurde in dieser Untersuchung auf die Pferde aus den Ursprungsländern gelegt. Weiters wurde der Unterschied der Haplotypenverteilung zwischen dem Araber und dem Araber-Berber beleuchtet.

Aus Vorarbeiten wurde bereits ein Spektrum an Daten und Wissen über die Y-chromosomalen HTen europäischer und asiatischer Pferde gesammelt, die zur Interpretation der Berberdaten herangezogen wurden.

Mit dieser Arbeit sollte das Wissen über Zuchtgeschichte und Einfluss des Berberpferdes erweitert werden.

Die Fragestellungen und Ziele dieser Diplomarbeit wurden von der zuständigen Ethikkommission der Veterinärmedizinischen Universität unter Berücksichtigung der Richtlinien für gutes wissenschaftliches Arbeiten und der nationalen Gesetzgebung anerkannt und bestätigt. Die Arbeit wurde durch den Berberzuchtverband (Verein der Freunde und Züchter des Berberpferdes, Deutschland) und Zuchtverantwortlichen in den Ursprungsländern unterstützt.

2. Material und Methoden

2.1. Material

2.1.1. Verwendete Chemikalien

Tab. 1: Verwendete Chemikalien

Chemikalie/Reagenz	Bezugsquelle/Hersteller
Nexttec 1-step DNA Isolation Kit	Nexttec
2xKASP® Mastermix	LGC genomics
KASP® Assaymix	LGC genomics
Mähnenhaare (Haarwurzelpollen)	Aus Privatbesitz
Rückstellproben aus der Abstammungskontrolle	Bereitgestellt auf Anweisung des Berberzuchtverbandes von der Firma GeneControl

2.1.2. Verwendete Geräte

Tab. 2: Verwendete Geräte

Gerät	Hersteller
Pipetten	Gilson®, Eppendorf
Tischzentrifuge	Eppendorf
Wärmeschüttler	Eppendorf
Plattentischzentrifuge (Labnet MPS 1000)	Sigma-Aldrich®
Vortexer (MD2 Minishaker)	IKA®
CFX Real-Time System C1000 Touch	Bio-Rad

2.1.3. Verwendete Materialien

Tab. 3: Verwendete Materialien

Material	Hersteller
Optische Folie	Biozym
Eppendorf Tubes	Eppendorf
96-well Platte, weiß	Bio-Rad
Pipettenspitzen Filter Tips (1000, 200, 100, 20, 10 µl)	Greiner Bio One
Pipettenspitzen 200 µl	Sarstedt

2.1.4. Verwendete Software und Programme

Tab. 4: Verwendete Software und Programme

Software/Programme	Hersteller
Excel®	Microsoft Office®
Bio-Rad CFX Manager 3.1®	Bio-Rad

2.1.5. Verwendete Proben

Für das Projekt standen 130 Proben männlicher Berberpferde, Ponys von Mogod und Araber-Berber aus Privatbesitz zur Verfügung. Wenn nicht anders angegeben, handelte es sich um Haarwurzelpollen.

Aus Österreich stammten fünf der Proben, die dankenswerterweise von Dr. Max Dobretsberger zur Verfügung gestellt worden sind. Aus Deutschland wurden 37 Proben durch Dr. Dr. habil. Ines von Butler-Wemken und Mag. Viktoria Dobretsberger bereitgestellt. Bei 3 Proben handelte es sich um Rückstellproben aus der Abstammungsdiagnostik, die nach Einwilligung des Berberzuchtverbandes (Verein der Freunde und Züchter des Berberpferdes, Deutschland) von der Firma Agrobiogen und Genecontrol ausgehoben und für die Studie zur Verfügung gestellt wurden.

Aus Frankreich wurden 27 Proben von Dr. Dr. habil. Ines von Butler-Wemken und Ursula Schwab verwendet. Aus der Schweiz wurden drei Proben durch Claudia Lazzarini bereitgestellt.

Aus den Ursprungsländern konnten aus Algerien 21 Proben durch die Unterstützung von Ahmed Rayane, aus Marokko 20 Proben durch Malak Benamar und aus Tunesien 14 Proben durch Unterstützung von Dr. Khadija Driss erhalten werden.

Die Proben wurden von den Besitzern selbst genommen. Dazu erhielten die teilnehmenden Personen per Post eine Anweisung für die korrekte Entnahme der Probe. Diese wurde zusammen mit der Einverständniserklärung an das Institut retourniert. Die Identität der Tiere wurde verschlüsselt und bleibt anonym. Um die Studie durchführen zu können, wurde sie durch die Ethik- und Tierschutzkommission der Veterinärmedizinischen Universität Wien genehmigt. Die beprobten Tiere deckten weitestgehend die in Deutschland und Österreich im Zuchteinsatz befindlichen väterlichen Linien ab. Zu vielen Tieren wurde der Pedigree überliefert, welcher Auskunft über die paternale Abstammung eines Tieres gibt.

Zur besseren Übersicht der gesamten Proben wurden diese ihren Herkunftsländern zugeordnet und in ihrer Frequenz aufgelistet (Tab. 5).

Tab. 5: Auflistung der beprobten Berberpferde nach Ländern

Land	Anzahl der Tiere
Österreich	5
Deutschland	40
Frankreich	27
Schweiz	3
Marokko	20
Algerien	21
Tunesien	14
Gesamt	130

2.2. Methoden

2.2.1. DNA-Isolation mit Nexttec

Gesamtgenomische DNA wurde aus Haarwurzelzellen mit dem nexttec™ 1-Step DNA Isolation Systems laut Protokoll isoliert. Die Vorgehensweise war wie folgt:

1. Vorbereitung der Säulen

- 350 µl prep solution wurde auf die nexttec-Säule gegeben. Dabei musste der Deckel geschlossen bleiben.
- Die Tubes wurden 5 min bei Raumtemperatur stehen gelassen und bei 400 x g für 1 min zentrifugiert.
- Die Säule wurde entfernt und in ein neues, identisches Reaktionsgefäß überführt. Dabei musste der Deckel geschlossen bleiben.

2. Vorbereitung der Proben

- Ca. 10-15 Haarwurzeln wurden mit einer Schere abgeschnitten und in ein Reaktionsgefäß gegeben. Dabei wurde darauf geachtet, dass sich die Haarwurzeln am Boden des Reaktionsgefäßes befinden.

3. Verdau der Proben

- Es wurde ein Mastermix für den Lysis Puffer vorbereitet. Pro Probe wurde folgendes verwendet:
 - 140 µl Buffer G
 - 10 µl Proteinase K
- Jeweils 150 µl Lysis Puffer wurden zu den Haarwurzelproben in das Reaktionsgefäß gegeben, danach auf dem Wärmeschüttler bei 60° für 4 h inkubiert. Dabei musste der Deckel fest verschlossen sein.

4. DNA-Isolation

- Die Proben wurden vom Wärmeschüttler genommen und kurz zentrifugiert.
- 100 µl vom Verdau wurden auf die vorbereitete Säule aufgetragen, der Deckel verschlossen.
- Die Proben wurden 3 min bei Raumtemperatur stehen gelassen.

- Die Reaktionsgefäße wurden bei 700 x g für 1 min zentrifugiert.
- Die Säulen wurden weggeworfen und die DNA-Lösung erhalten.

5. DNA-Aufbewahrung

Es wurde mit der Hälfte der produzierten DNA ein Stock angelegt, in welchem die DNA unverdünnt bei -20°C aufbewahrt wurde. Die restlichen 50 µl wurden mit 100 bis 150 µl Tris-EDTA verdünnt, um auf eine Endkonzentration von etwa 5 ng/µl zu kommen. Diese Verdünnungsstufe wurde für die PCR verwendet. Der übrig gebliebene Anteil der Proben wurde nach Ermittlung der Ergebnisse im verdünnten Zustand auch bei -20 °C aufbewahrt.

2.2.2. Real-Time PCR und KASP Technologie

2.2.2.1. Prinzip der KASP™-Technologie

Die KASP™-Technologie (Kompetitive allele specific PCR, KASP™ Technologie der Firma LGC genomics) nützt eine einzigartige Form von kompetitiver Allel-spezifischer PCR (polymerase chain reaction), die eine höchst akkurate biallelische Bewertung von Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNPs) sowie Insertionen und Deletionen (Indels) an spezifischen Loci ermöglicht. Der SNP-spezifische KASP-Assay-Mix und der universelle KASP-Master-Mix wurden zu DNA-Proben hinzugefügt. Danach wurde eine thermische Zyklusreaktion durchgeführt, gefolgt von einem Endpunkt-Fluoreszenz-Lesevorgang.

Zur KASP™ Analyse braucht man drei Komponenten: die DNA, den KASP™ Assay-Mix und den KASP Mastermix (Abb. 3). Der KASP™ Assay Mix enthält drei verschiedene Primer. Zwei davon sind konkurrierende, allel-spezifische forward-Primer, und einer ist der gemeinsame reverse-Primer. Eine bi-allelische Diskriminierung wird durch die kompetitive Bindung der beiden allel-spezifischen Vorwärtsprimer erreicht. Die allel-spezifischen Primer besitzen unterschiedliche Schwanzsequenzen. Diese allel-spezifische Schwanzsequenz ermöglicht die Bindung an jeweils eine fluoreszenzmarkierte Sonde.

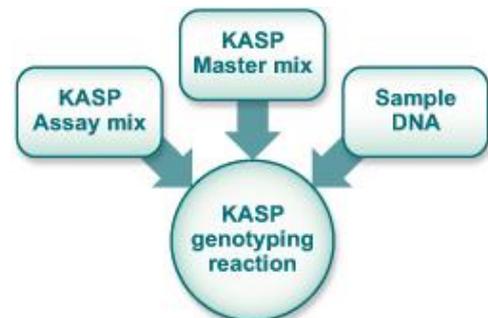


Abb. 3: Die Komponenten der KASP-Analyse (LGC Group.
<https://www.lgcgroup.com/LGCGroup/media/PDFs/Products/Genotyping/> (Zugriff 01.08.2019, 18:00)).

Der KASP™-Mastermix beinhaltet die zwei fluoreszenzmarkierten Sonden, einen passiven Referenzfarbstoff, Taq-Polymerase, freie Nukleotide und MgCl₂ in einer optimierten Pufferlösung.

Während des thermischen Zyklus bindet der relevante allel-spezifische Primer an die Matrize und verlängert sich, dadurch wird die Schwanzsequenz an den neuen synthetisierten Strang gebunden. Das Komplement der allel-spezifischen Schwanzsequenz wird dann während nachfolgender PCR-Runden erzeugt, wodurch die FRET-Kassette (fluorescence resonant energy transfer) der Sonde an die DNA binden kann. Die FRET Sonde ist am 3'-Ende mit einem „Reporter“ (z.B. FAM, 6-carboxyfluorescein), am 5'-Ende mit einem „Quencher“-Farbstoff markiert. Bei intakten FRET-Sonden wird die Fluoreszenz des Reporters durch einen Quencher unterdrückt. Durch die Bindung der Sonde zu einer komplementären Schwanzsequenz, wird die Fluoreszenz des Reporters nicht länger unterdrückt. In den nächsten Runden der PCR erhöht sich die Anzahl der allel-spezifischen Schwänze. Der mit Fluoreszenz markierte Teil der FRET-Sonde bindet zur komplementären Schwanzsequenz und bindet, und ein fluoreszierendes Signal entsteht.

Wenn der Genotyp einer Probe an dem zu untersuchenden SNP homozygot ist, wird nur eines der beiden möglichen Fluoreszenzsignale erzeugt. Wenn der Genotyp heterozygot ist, werden beide gemischte Fluoreszenzsignale erzeugt. Mittels Plate-Reader können die Fluoreszenzsignale detektiert werden. Die Ergebnisse werden in Form von Cluster Plots durch die Software Bio-Rad CFX Manager 3.1®, abgebildet (LGC Group. <https://www.lgcgroup.com/LGCGroup/media/PDFs/Products/Genotyping/> (Zugriff 01.08.2019, 18:00)).

2.2.2.2 Durchführung der KASP™-Technologie:

Zur Durchführung eines PCR-Laufes wurden folgende Komponenten verwendet:

- DNA
- 2 x KASP Mastermix
- KASP Assaymix
- 96-well Platte, weiß
- Optische Folie zum Verschließen
- CFX Real-Time System C1000 Touch

1. Vorbereitung des PCR-Laufs

Bevor ein PCR-Lauf durchgeführt werden konnte, musste überlegt werden, welche Y-chromosomalen Marker bei den jeweiligen Proben untersucht werden sollten. Zusätzlich wurden Positiv- und Negativkontrollen benötigt.

Als Positivkontrollen dienten bereits typisierte Proben mit bekannten HT aus Wallner et al. 2017. Im weiteren Verlauf der Arbeit wurden typisierte Proben aus eigenen Versuchen als Kontrollen verwendet. Als Negativkontrolle wurde eine Leerwertkontrolle, welche keine DNA enthält, sowie eine Probe von einem weiblichen Tier, verwendet.

2. Herstellung des KASP™-Mastermixes

Pro Reaktion wurden folgende Komponenten vermischt:

- DNA: 3,0 µl
- 2xKASP™ Master-Mix: 3,0 µl
- KASP™ Assay-Mix: 0,084 µl
- Gesamtes Volumen des KASP-Mastermixes: 6,084 µl

Im ersten Schritt wurde ein KASP-Mastermix hergestellt. Dazu wurden zwei Bestandteile benötigt: 2xKASP™ Master-Mix und KASP™ Assay-Mix. Mithilfe einer Excel Datei (bereitgestellt von Doris Rigler) wurde die benötigte Menge an KASP™ Assay-Mix und 2xKASP™ Mastermix ermittelt (Siehe Abb. 4).

Die Bestandteile wurden in ein Reaktionsgefäß pipettiert, kurz gevortext und für 10 Sekunden zentrifugiert. Es wurden je 3,08 µl des Mastermixes in eine 96-well Platte pipettiert. Die Position auf der Platte wurde vorher in einer Excel Tabelle festgelegt.

Stock	Final	Component	x 1	x n	KASPO1	20190702					
				82	0						
		DNA	3,00					fam	hex		
		2xKASP	3,00	246,00	0,00	0,00	rW	rW_G_0	rW_A_1		
		KASPassaymix	0,084	6,89	0,00	0,00					
		EV	6,08								
		aliquot		3,08	3,08	0,00					
PCR conditions:				read step							
94°C	94°C	61°C -0,6/cycle	94°C	55°C	37°C						
15 min	20 sec	1 min	20 sec	1 min	1 min						
		10x		27x							
rW	rW	rW	rW	rW	rW	rW	rW	rW	rW	rW	rW
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Y_PR_14_126	Y_PR_14_134	Y_PR_14_142	Y_PR_14_150	Y_PR_14_158	Y_PR_14_166	Y_PR_14_174	Y_PR_14_106	Y_PR_14_121			fam_KO
Y_PR_14_127	Y_PR_14_135	Y_PR_14_143	Y_PR_14_151	Y_PR_14_159	Y_PR_14_167	Y_PR_14_175	Y_PR_14_108	Y_PR_14_122			fam_KO
Y_PR_14_128	Y_PR_14_136	Y_PR_14_144	Y_PR_14_152	Y_PR_14_160	Y_PR_14_168	Y_PR_14_176	Y_PR_14_109	Y_PR_14_123			hex_KO
Y_PR_14_129	Y_PR_14_137	Y_PR_14_145	Y_PR_14_153	Y_PR_14_161	Y_PR_14_169	Y_PR_14_177	Y_PR_14_112	Y_PR_14_124			hex_KO
Y_PR_14_130	Y_PR_14_138	Y_PR_14_146	Y_PR_14_154	Y_PR_14_162	Y_PR_14_170	Y_PR_14_178	Y_PR_14_113	Y_PR_14_125			ntc
Y_PR_14_131	Y_PR_14_139	Y_PR_14_147	Y_PR_14_155	Y_PR_14_163	Y_PR_14_171	Y_PR_14_179	Y_PR_14_114				ntc
Y_PR_14_132	Y_PR_14_140	Y_PR_14_148	Y_PR_14_156	Y_PR_14_164	Y_PR_14_172	Y_PR_14_180	Y_PR_14_117				female
Y_PR_14_133	Y_PR_14_141	Y_PR_14_149	Y_PR_14_157	Y_PR_14_165	Y_PR_14_173		Y_PR_14_120				
	fam_KO	hex-KO	female								
rW	Y_PR_13_034	Y_PR_13_029									
rW	Y_PR_13_035	Y_PR_13_030									

Abb. 4: Beispiel einer Mastermix-Datei nach Doris Rigler für die Real-Time PCR.

Dabei wurden im oberen Teil der Datei die Anzahl der Proben eingetragen und die einzelnen Komponenten für den Mastermix berechnet. In der Fam/Hex-Spalte wurden die jeweiligen Bezeichnungen für das abgeleitete und aneztrale Allel vermerkt. Die Datei enthält ein Protokoll für die PCR Bedingungen. Im unteren Teil der Datei wurden die jeweiligen Proben aufgelistet, wie sie auf die Platte aufgetragen wurden. Die jeweiligen Spalten wurden mit dem zu testenden Marker versehen.

3. Vermischung DNA und Mastermix

Nun wurden 3 µl DNA des zu untersuchenden Tieres zum Mastermix an die jeweilige Position auf der Platte pipettiert. Um die Fluoreszenzsignale eindeutig auswerten zu können, wurden sowohl Positiv- als auch Negativkontrollen (zwei HEX-Kontrollen und zwei FAM-Kontrollen) benötigt. Außerdem wurden Leerwert Kontrollen (no template control, NTC) verwendet.

4. Verschluss und Zentrifugation der Platte

Die Platte wurde mit einer durchsichtigen optischen Folie verschlossen und in einer Plattenzentrifuge für zehn Sekunden zentrifugiert.

5. Real-Time PCR-Lauf

Die Real-Time-PCR wurde mit dem CFX Real-Time System C1000 Touch® von Bio-Rad durchgeführt, das Protokoll laut LGC gewählt (siehe Tab. 6).

Tab. 6: Temperaturprotokoll für die KASP Real-Time PCR

	Vorgang	Temperatur	Zeit	Anzahl der Zyklen
1.	Aktivierung	94 °C	15 min	1 Zyklus
2.	Denaturierung	94 °C	20 sek	10 Zyklen
	Primerhybridisierung, Elongation	61-55 °C	60 sek (Die Temperatur wird pro Zyklus um 0,6 °C gesenkt)	
3.	Denaturierung	94°C	20 sek	27 Zyklen
	Primerhybridisierung, Elongation	55 °C	60 sek	
4.	Auslesen	37°C	1 min	

Nach einem PCR Lauf war es möglich, dass alle oder einige Proben noch nicht eindeutig einem Allel zuordenbar waren. Aus diesem Grund gibt es die Möglichkeit ein Recycle-Programm anzuschließen, in welchem ein bis vier zusätzliche Zyklen durchgeführt werden. Dieses Recycle-Programm führt zu einer Verstärkung des Fluoreszenzsignals und soll somit eine genauere Allelzuordnung ermöglichen. Das Protokoll wird in Tab. 7 angegeben.

Tab. 7: Temperaturprotokoll für den Recycle Zyklus der KASP Real-Time PCR

Vorgang	Temperatur	Zeit	Anzahl der Zyklen
Denaturierung	94 °C	20 sek	3 Zyklen
Primerhybridisierung, Elongation	57 °C	60 sek	

6. Auslesen der Platte und Datenanalyse

Nach Abschluss des PCR Laufs wurde das Ergebnis durch den Bio-Rad CFX Manager 3.1® analysiert und als Clusterplot (siehe Abb. 5) dargestellt.

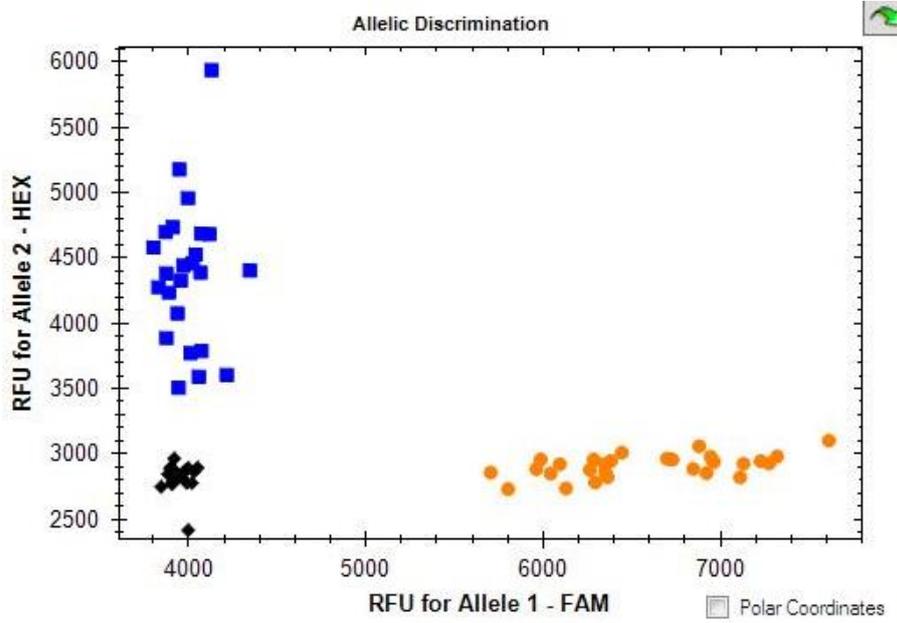


Abb. 5: Graphische Darstellung der Ergebnisse der KASP Real-Time PCR
 Jede einzelne Probe wird als Punkt dargestellt, die Farben repräsentieren zwei verschiedene Allele. Die schwarzen Rauten stellen die Leerwertkontrollen bzw. die Negativkontrollen durch die weiblichen Tiere dar.

- ◆ ...Negativprobe und Leerwertkontrollen
- ... FAM-Fluoreszenzwerte – Allel 1
- ... HEX-Fluoreszenzwerte – Allel 2

Die Fluoreszenzsignale und die daraus resultierenden Allelzuordnungen wurden in tabellarischer Form in eine Excel Datei übernommen. Den Werten wurde durch das Programm Allel 1 (für das FAM Signal), Allel 2 (für das HEX Signal), Heterozygot (beide Signale), oder No Call (kein Signal), zugeordnet. Durch Abgleich mit den Kontrollen konnte der Allelstatus der Probe ermittelt werden (Abb. 6).

A01	Y_PR_14_126	Allele 2	Auto		4842,52		Allele 1	Allele 2
A02	Y_PR_14_134	Allele 1	Auto	6779,69	2757,52			
A03	Y_PR_14_142	Allele 2	Auto	3965,54	4817,62	Allele 2		4842,52
A04	Y_PR_14_150	No Call	Auto	4006,40	2792,43	Allele 1	6779,69	2757,52
A05	Y_PR_14_158	No Call	Auto	4017,64	2783,58	Allele 2	3965,54	4817,62
A06	Y_PR_14_166	Allele 1	Auto	6645,47	2745,15	No Call	4006,40	2792,43
A07	Y_PR_14_174	Allele 1	Auto	7456,59	2850,78	No Call	4017,64	2783,58
A10	Y_PR_14_121	Allele 2	Auto	4097,37	4805,89	Allele 1	6645,47	2745,15
A12	fam_KO	Allele 1	Auto	6886,01	2891,37	Allele 1	7456,59	2850,78
B01	Y_PR_14_127	Allele 1	Auto	6958,44	2832,99	Allele 2	4097,37	4805,89
B02	Y_PR_14_135	Allele 1	Auto	6803,54	2804,37	Allele 1	6886,01	2891,37
B03	Y_PR_14_143	Allele 2	Auto	3979,63	4825,08	Allele 1	6958,44	2832,99
B04	Y_PR_14_151	Allele 2	Auto	4079,49	4187,41	Allele 1	6803,54	2804,37
B05	Y_PR_14_159	Allele 1	Auto	7020,93	2894,29	Allele 2	3979,63	4825,08
B06	Y_PR_14_167	Allele 1	Auto	7121,61	2972,97	Allele 2	4079,49	4187,41
B07	Y_PR_14_175	Allele 1	Auto	7631,46	2998,46	Allele 1	7020,93	2894,29
B10	Y_PR_14_122	Allele 2	Auto	4091,30	4676,79	Allele 1	7121,61	2972,97
B12	fam_KO	Allele 1	Auto	7668,11	3123,74	Allele 1	7631,46	2998,46
C01	Y_PR_14_128	Allele 1	Auto	6839,56	2869,11	Allele 2	4091,30	4676,79
C02	Y_PR_14_136	Allele 2	Auto	4003,79	4510,87	Allele 1	7668,11	3123,74
C03	Y_PR_14_144	Allele 1	Auto	6763,19	2909,60	Allele 1	6839,56	2869,11
C04	Y_PR_14_152	No Call	Auto	4012,25	2907,58	Allele 2	4003,79	4510,87
C05	Y_PR_14_160	No Call	Auto	4064,06	2937,45	Allele 1	6763,19	2909,60
C06	Y_PR_14_168	Allele 1	Auto	7242,89	2871,34	No Call	4012,25	2907,58
C07	Y_PR_14_176	Allele 1	Auto	7649,18	2969,32	No Call	4064,06	2937,45
C10	Y_PR_14_123	Allele 2	Auto	4152,51	6448,77	Allele 1	7242,89	2871,34

Abb. 6: Beispiel einer tabellarischen Auflistung der Ergebnisse mit KASP Real-Time PCR

2.1.3. Zur Analyse genutzte Marker

Für die Haplotypenanalyse wurden basierend auf dem Haplotypennetzwerk von Felkel et al. 2019 62 Y-chromosomale Marker ausgewählt. Um nachweisen zu können, ob ein Tier einer HG angehört, wurde es auf einen oder mehrere bestimmte Marker getestet.

Wie oben beschrieben, kann über den Farbausschlag bei der KASP™ Analyse die jeweilige Allelvariante, die das Tier trägt, detektiert werden. Durch die Darstellung in einer Tabelle wird den Proben jeweils Allel 1, Allel 2 bzw. kein eindeutiges Ergebnis zugeordnet. Wenn eine Probe das abgeleitete Allel (markiert mit _1) aufwies, wurde sie der untersuchten HG zugeordnet. Wurde jedoch das ancestrale Allel detektiert (markiert mit _0) konnte sie der HG nicht zugeordnet werden. Welches Allel das Ancestrale und welches das Abgeleitete ist, wurde aus Felkel et al. 2019 entnommen.

Da wir davon ausgingen, dass alle Berberpferde in die Krongruppe clustern, wurde als Erstes auf die Hauptgruppen der Krongruppe getestet. Es wurde mit den Marker rW (indikativ für die HG A) und fTO (HG H) gestartet. Wies das Tier das abgeleitete Allel für einen Marker auf, wurde es der jeweiligen HG zugeordnet. Dies wurde in der Ergebnistabelle mit 1, für den jeweiligen Marker, dargestellt. Wurde das ancestrale Allel nachgewiesen, wurde davon ausgegangen, dass das untersuchte Tier dieser HG nicht zugeordnet werden konnte. Dies wurde in der Ergebnistabelle mit 0 dargestellt. Die Tiere, welche das ancestrale Allel aufwiesen, wurden im nächsten PCR-Lauf auf andere HG untersucht. Jene Proben, die das abgeleitete Allel einer HG aufwiesen, wurden auf weitere Subhaplogruppen überprüft.

Im Zuge dieser Arbeit wurden insgesamt 62 Y-chromosomale Marker untersucht. In der untenstehenden Tab. 8 sind alle verwendeten Marker mit ihrem dazugehörigen HT, aufgelistet.

Tab. 8: Die zur Analyse genutzten Marker.

Haplotyp/Haplogruppe	Determiniert durch den Marker	FAM-Allel	HEX-Allel
A*	rW	rW_G_0	rW_A_1
Ad*	rAF	rAF_G_0	rAF_A_1
Ad-b*	rDS	rDS_T_0	rDS_A_1
Ad-h*	rOR	rOR_G_0	rOR_A_1
Ad-hA*	rAE	rAE_G_0	rAE_C_1
Ad-hA1	fAAB	fAAB_G_0	fAAB_C_1
Ad-hA1	fWP	fWP_T_1	fWP_C_0
Ad-hB*	fTA	fTA_A_0	fTA_C_1
Ad-hC*	fXA	fXA_C_0	fXA_T_1
Am*	sQD	sQD_T_0	sQD_G_1
Am*	sQF	sQF_G_0	sQF_T_1
Am-a*	qCU	qCU_T_0	qCU_A_1
Am-aA	qBI	qBI_C_0	qBI_T_1
Am-s*	fRQ	fRQ_T_0	fRQ_G_1

Ao*	rX	rX_G_0	rX_T_1
Ao-a*	fZC	fZC_T_0	fZC_C_1
Ao-aA*	fST	fST_T_0	fST_A_1
Ao-aA*	fVK	fVK_A_0	fVK_G_1
Ao-aA*	fXI	fXI_G_0	fXI_T_1
Ao-aA*	fAAJ	fAAJ_C_0	fAAJ_T_1
Ao-aA1 *	fUS	fUS_T_0	fUS_C_1
Ao-aA1b*	rY	rY_ACC_O	rY_AC_1
Ao-aA1b1*	qBF	qBF_A_0	qBF_G_1
Ao-aA1b2*	rAB	rAB_A_0	rAB_T_1
Ao-aA1b3*	qEF	qEF_C_0	qEF_T_1
Ao-aA1b3*	qEM	qEM_G_0	qEM_A_1
Ao-aA1b4*	fTM	fTM_C_0	fTM_T_1
Ao-aA1b5*	qDA	qDA_C_0	qDA_T_1
Ao-aA3*	qEW	qEW_T_0	qEW_C_1
Ao-aD *	qDR	qDR_G_0	qDR_T_1
Ao-aD2	qW	qW_C_0	qW_T_1
Ao-n*	sE	sE_C_0	sE_T_1
H*	fTO	fTO_C_1	fTO_T_0
HAT*	rAX	rAX_C_1	rAX_T_0
Hs *	fSQ	fSQ_T_1	fSQ_C_0
Hs-a *	fTI	fTI_T_1	fTI_C_0
Hs-b*	fABO	fABO_G_0	fABO_A_1
Hs-bL*	fABP	fABP_T_0	fABP_A_1
Hs-bL1	qBO	qBO_C_0	qBO_T_1
T1*	rA	rA_A_1	rA_T_0

Tb*	rB	rB_C_0	rB_G_1
Tb-d*	fUZ	fUZ_C_0	fUZ_T_1
Tb-o*	fWU	fWU_T_0	fWU_A_1
Tb-oB*	fUJ	fUJ_T_0	fUJ_C_1
Tb-oB1a	rQ	rQ_T_0	rQ_C_1
Tb-oB1b	rO	rO_C_0	rO_T_1
Tb-oB1c	fAAF	fAAF_G_0	fAAF_T_1
Tb-oB2	rP	rP_T_0	rP_G_1
Tb-oB3*	fQI	fQI_G_0	fQI_C_1
Tb-oB3b2a	fWA	fWA_G_0	fWA_A_1
Tb-oB1c	fWB	fWB_C_0	fWB_T_1
Tb-oB3b2*	fZP	fZP_C_0	fZP_T_1
Tb-oB3a	fWY	rC_T_0	rC_C_1
Tb-oB3b*	rJ	rJ_G_0	rJ_T_1
Tb-oB3b*	rK	rK_A_0	rK_C_1
Tb-oB3b1*	fABA	fABA_GT_1	fABA_G_0
Tb-oB3b2a*	fTJ	fTJ_A_0	fTJ_T_1
Tb-oB3b3	rL	rL_C_0	rL_G_1
Tb-oB4	qFM	qFM_TTAATGG AGC	qFM_T_1
Tk	qDZ	qDZ_GC_0	qDZ_G1

Tab. 8 zeigt in der ersten Spalte die HTen bzw HGen. Jene HTen wurden durch Marker determiniert, die in der zweiten Spalte aufgelistet wurden. Die dritte Spalte stellt das FAM-Allel da. Die vierte Spalte zeigt das HEX-Allel. Wenn eine Probe das abgeleitete Allel (markiert mit _1) aufwies, konnte es der untersuchten HG zugeordnet werden. Wurde jedoch das ancestrale Allel detektiert (markiert mit _0), konnte es der HG nicht zugeordnet werden. Die HTen, die mit einem Stern markiert wurden, befinden sich basal an einem Ast. Das bedeutet, es wurde kein terminaler HT detektiert.

In Abb. 7 ist, die der Arbeit zugrundeliegende Haplotypenstruktur aus Felkel et al. 2019 dargestellt. Zur besseren Übersicht wurde der phylogenetische Stammbaum von Felkel et al. 2019 auf die in dieser Arbeit verwendeten Marker eingeschränkt. Die Nomenklatur der HTen

Tab. 9: Determinierung der HTen durch die Allele an den jeweiligen Markern

Haplo- typen	Marker- allele									
Ad-bA2	rW_1	rAF_1	rDS_1	rDT_1	qH_1					
Ad-h*	rW_1	rAF_1	rOR_1							
Ad-hA*	rW_1	rAF_1	rOR_1	rAE_1						
Ad-hA1*	rW_1	rAF_1	rOR_1	rAE_1	fWP_1	fAAB_1				
Am-a*	rW_1	sQF_1	sQD_1	qCU_1						
Am-aA	rW_1	sQF_1	sQD_1	qCU_1	qBI_1					
Am-sA*	rW_1	sQF_1	sQD_1	frQ_1						
Ao-aA*	rW_1	rX_1	fZC_1	fXI_1	fVK_1	fST_1	fAAJ_1			
Ao-aA1b*	rW_1	rX_1	fZC_1	fXI_1	fVK_1	fST_1	fAAJ_1	fUS_1	rY_1	
Ao-aA3	rW_1	rX_1	fZC_1	fXI_1	fVK_1	fST_1	fAAJ_1	qEW_1		
Ao-aD2	rW_1	rX_1	fZC_1	qDR_1	qW_1					
Ao-nM1b	rW_1	rX_1	sE_1	sC_1	qEN_1					
Hs-b*	fTO_1	fABO_1								
Hs-bl*	fTO_1	fABO_1	fABP_1							
T2*	rA_1	fVZ_1								
Tb-oB*	rA_1	fVZ_1	rB_1	fWU_1	fUJ_1					
Tb-oB1*	rA_1	fVZ_1	rB_1	fWU_1	fUJ_1	fBVB_1				
Tb-oB3b*	rA_1	fVZ_1	rB_1	fWU_1	fUJ_1	fQI_1	rJ_1	rK_1		
Tb- oB3b2a*	rA_1	fVZ_1	rB_1	fWU_1	fUJ_1	fQI_1	rJ_1	rK_1	fZP_1	fTJ_1

Tab. 9 zeigt die ermittelten HTen, die basierend auf den untersuchten Y-chromosomalen Markern festgestellt werden konnten.

2.1.4. Pedigreeanalyse

Bis ins 19. Jahrhundert wurden Berberpferde fast ausschließlich regional gezüchtet und selektiert. In den Ursprungsländern ist beim Berber und Araber-Berber das Zuchtbuch oftmals noch offen, um Pferde mit phänotypischen Rassemerkmalen nachträglich eintragen zu können, auch wenn keine bekannte Abstammung nachgewiesen werden kann. Diese Tiere werden mit „ITI“ deklariert. Nur einige wenige Importtiere besitzen einen Pedigree. Pedigreeaufzeichnungen findet man erst in jungen Generationen (Krischke 2011).

Wenn möglich wurde versucht, die paternalen Genealogien der untersuchten Pferde über den Pedigree zu rekonstruieren. Die Übermittlung der Pedigrees erfolgte durch die Besitzer selbst, den Berberzuchtverband „Verein der Freunde und Züchter des Berberpferdes“ und durch die Onlinedatenbank „All Breed Pedigree“ (All Breed Pedigree.

<https://www.allbreedpedigree.com/> (Zugriff 02.03.2020, 10:15)).

Um die Daten auszuwerten und zu visualisieren, wird von einem Tier der Vater ermittelt. In weiterer Folge wird die väterliche Abstammungslinie rekonstruiert. Dies geschieht, indem man den Großvater (VV), den Urgroßvater (VVV) usw. des Tieres ermittelt. Es entsteht eine paternale Linie. Zum besseren Verständnis wird ein Tier herangezogen und dessen väterliche Abstammungslinie präsentiert (siehe Abb. 8).

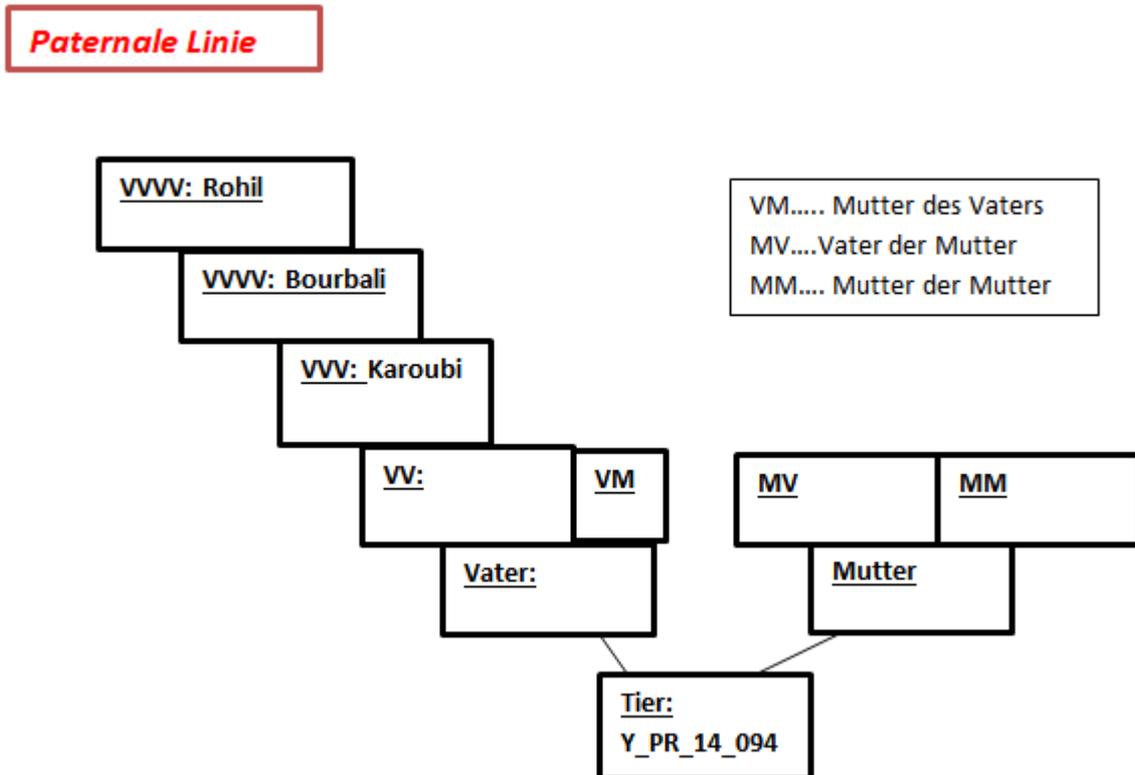


Abb. 8: Beispiel einer Rekonstruktion der väterlichen Abstammungslinie
Hierbei wird durch die väterliche Abstammungslinie der Pedigree eines Tieres ermittelt. Es wird vom untersuchten Tier, der Vater, der Großvater usw. nachverfolgt.

In der Zucht der Berber finden sich zahlreiche Pferde ohne registrierte Abstammung. Erst seit wenigen Jahren existieren Pedigrees bei einzelnen Pferden. Aus diesem Grund ist eine Rückverfolgung durch eine Stammbaumanalyse nur eingeschränkt möglich. Einige Berberhengste sind im Datensatz über ihre Nachkommen überrepräsentiert. Werden deren paternale Genealogien basierend auf Pedigreeangaben rekonstruiert und den Y-HTen gegenübergestellt, könnten tiefe Pedigreefehler aufgedeckt werden.

3. Ergebnisse

In dieser Arbeit wurden y-chromosomalen HTen von 130 Berberpferden ermittelt. Die Ergebnisse werden sowohl in grafischer-, als auch in tabellarischer Form dargestellt.

3.1. Ergebnisse der Haplotypenverteilung

Es wurden insgesamt 62 Y-chromosomale Marker verwendet.

Es konnte für alle 130 Tiere aufgrund der ermittelten Allele an den Y-chromosomalen Markern der HT (bzw. die HG) eindeutig ermittelt werden.

Die Proben, die in dieser Arbeit untersucht wurden, trugen alle HTen der „Krongruppe“. Die Krongruppe unterteilt sich laut Felkel et al. 2019 in die HG A, H und T. HG A stellt mit 65% (85 Proben), den dominantesten Zweig der untersuchten Proben dar. In HG H fielen 27% (35 Proben) und HG T 8% (10 Proben).

Insgesamt wurden im Datensatz 19 verschiedene HTen bestimmt. Die jeweilige Anzahl der Proben je HT, kann der Tab. 10 entnommen werden. Die Haplotypenverteilung kann aus der graphischen Darstellung abgelesen werden (siehe Abb. 9).

Tab. 10: Auflistung der ermittelten HTen mit der Anzahl der Proben.

Haplotyp	Anzahl der Proben
Ad-bA2	1
Ad-h*	3
Ad-hA*	1
Ad-hA1*	5
Am-a*	26
Am-aA	15
Ao-aA*	2
Ao-aA1b*	18
Ao-aA3*	3
Ao-aD2	10
Ao-nM1b	1
Hs-b*	5
Hs-bL*	30
T2*	1
Tb-oB*	1
Tb-oB1*	6
Tb-oB3b*	1
Tb-oB3b2a*	1
gesamt	130

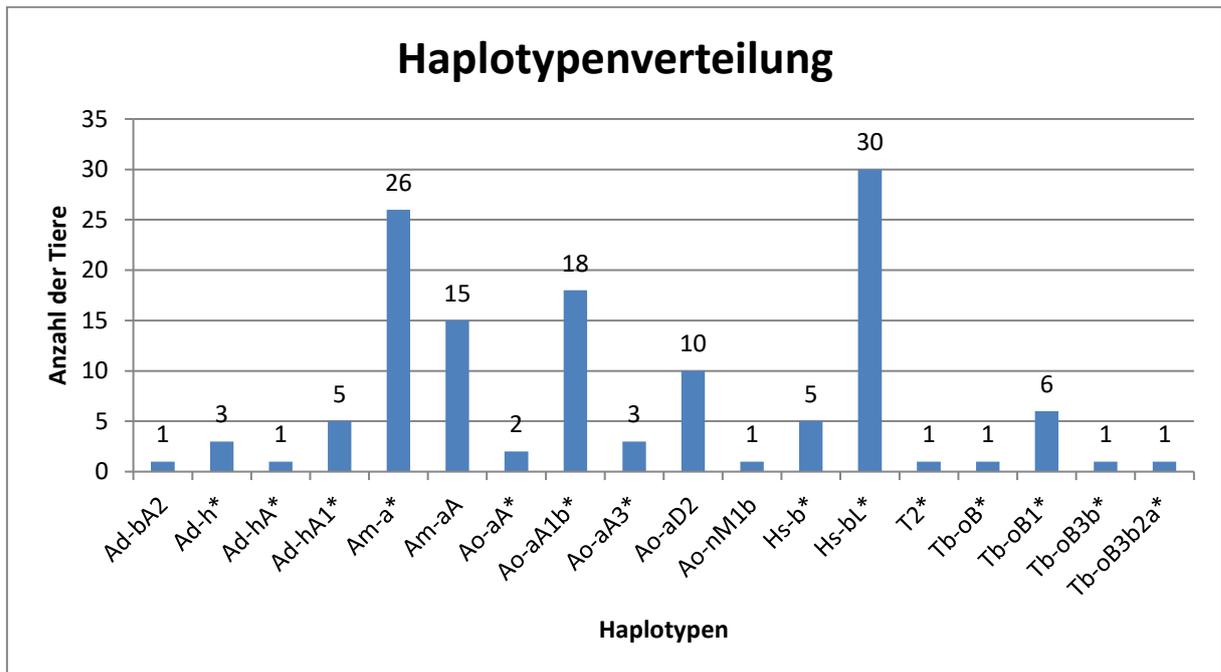


Abb. 9: Haplotypenverteilung der gesamten Proben

3.2. Haplotypenverteilung gruppiert nach Typen der Berber

Folgende Tab. 11 präsentiert die vorkommenden HTen gruppiert nach Typen der Berber (Berber, Araber-Berber und Pony von Mogod):

Tab. 11: Haplotypenverteilung in absoluten Zahlen gruppiert nach den drei Typen der Berber

	Berber	Araber-Berber	Pony von Mogod
Ad-bA2	1		
Ad-h*	3		
Ad-hA*	1		
Ad-hA1*	5		
Am-a*	14	12	
Am-aA	14	1	
Ao-aA*	1	1	
Ao-aA1b*	15	3	
Ao-aA3*	3		
Ao-aD2	7	3	
Ao-nM1b		1	
Hs-b*	2	3	
Hs-bl*	15	12	3
T2*	1		
Tb-oB*		1	
Tb-oB1*	4	2	
Tb-oB3b*	1		

Tb-oB3b2a*	1		
Gesamt	88	39	3

Die Verteilung der HTen nach Typen der Berber ist in Abb. 10 als Grafik präsentiert:

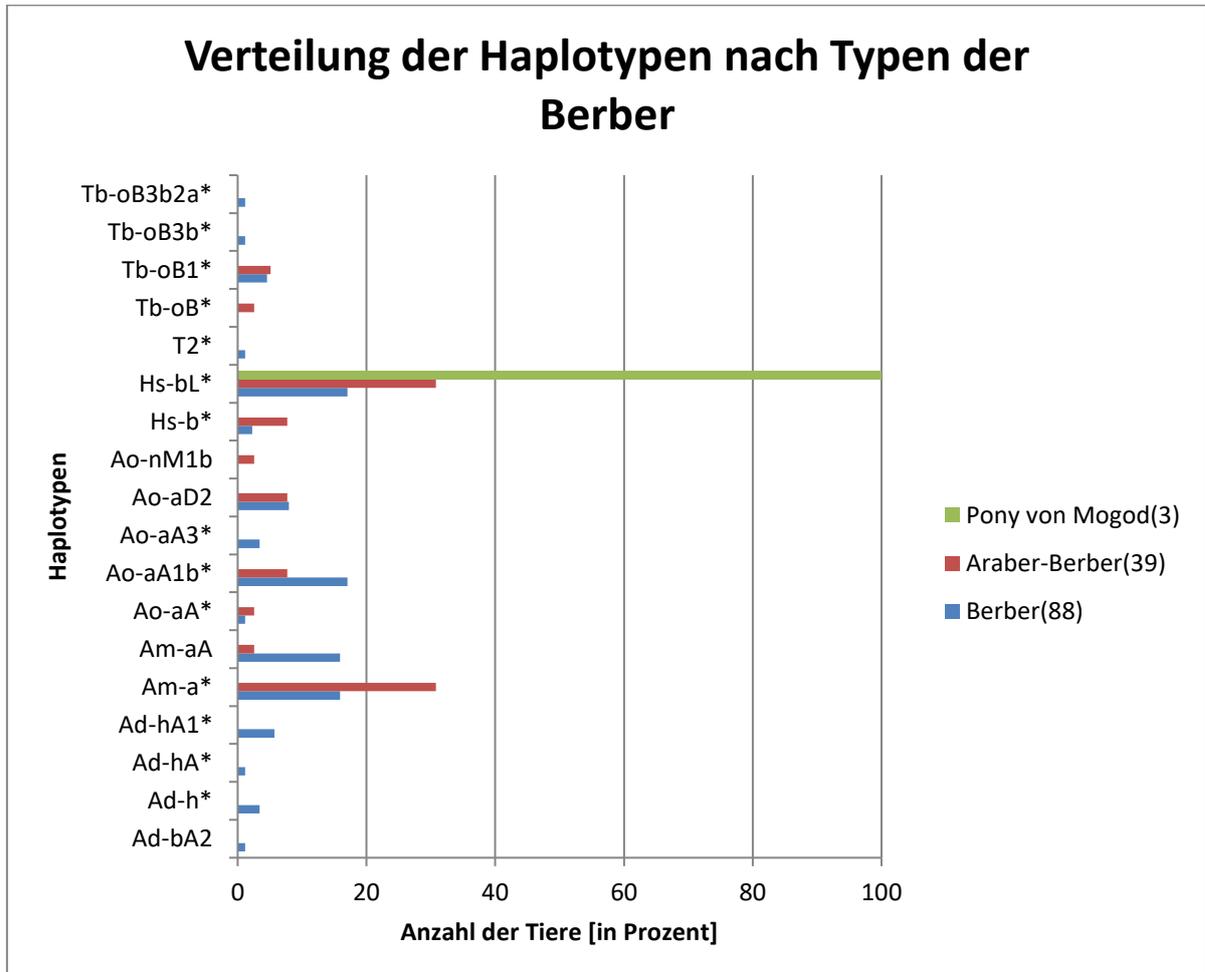


Abb. 10: Verteilung der HTen nach Typen der Berber

Die Anzahl der jeweiligen HTen ist in Prozent bezogen auf die Gesamtzahl der verfügbaren Tiere des jeweiligen Typs der Berber. Das Pony von Mogod ist in grün, der Araber-Berber in roter- und der Berber in blauer Farbe dargestellt.

Nun werden die erhaltenen HTen im Haplotypennetzwerk dargestellt. Um eine bessere Übersicht über die einzelnen Zweige zu bekommen, wurde die grafische Darstellung in zwei Abbildungen geteilt. Die Abb. 11 zeigt die Tiere der HG A. Dabei wurden die prozentuellen Anteile der einzelnen HTen im Verhältnis zu den Gesamtproben ermittelt.

Die am häufigsten vertretenen HTen der HG A waren Am-a* (20%), Ao-aA1b* (13,8%), Am-aA (13,1%), danach folgend absteigend Ao-aD2 (7,6%), Ad-hA1* (3,8%). Die übrigen HTen traten mit einer Häufigkeit von unter 2% auf.

In Abb. 11 wird zusätzlich der Anteil der Berber, Araber-Berber und dem Pony von Mogod, die die jeweiligen HTen tragen, dargestellt. Dabei handelt es sich um eine Darstellung in absoluten Zahlen.

Beim Berber finden sich in den HTen Am-a* (10,7%), Am-aA (11,5%), Ao-aA1b* (11,5%), Ao-aA3* (2,3%), Ao-aD2 (5,3%), Ad-h* (2,3%), Ad-hA1* (3,8%) Ao-aA*, Ad-hA*, Ad-bA2, mit jeweils einem Tier.

Beim Araber-Berber ließen sich die HTen Ao-aA* und Ao-nM1b* mit jeweils einer vorkommenden Probe und Am-a* (9,2%), Am-aA (1,5%) Ao-aD2 (2,3%) und Ao-aA1b (2,3%) feststellen. Die prozentuellen Häufigkeiten der HTen beziehen sich jeweils auf die Gesamtprobenanzahl (130 Tiere).

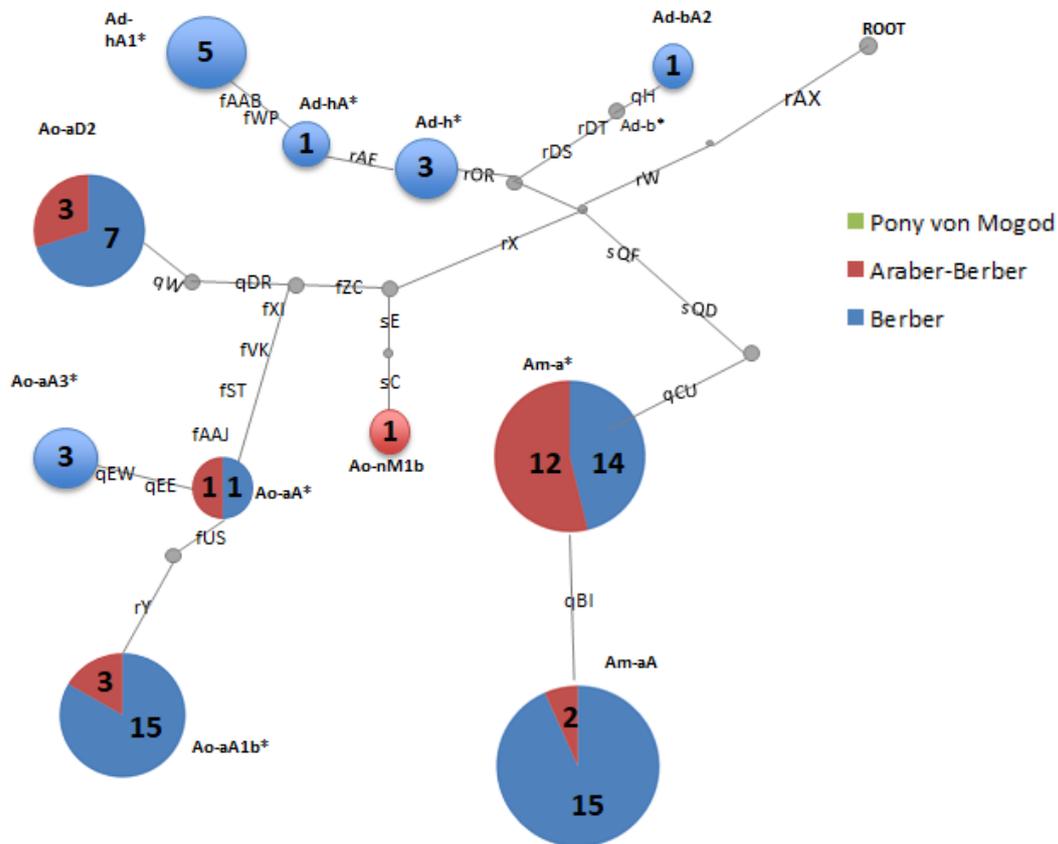


Abb. 11: Verteilung der Tiere in der HG A

Die detektierten HTen werden in farbigen Kugeln dargestellt. Die Typen der Berber werden mit entsprechenden Farben gekennzeichnet, die Größe der Kreise gibt die Häufigkeit des HTen wieder. Zusätzlich ist die Anzahl der detektierten Proben angegeben. Auf den Verbindungslinien sind die Marker gekennzeichnet. Graue Kugeln zeigen HTen, die nicht detektiert worden sind.

Abb. 12 zeigt die Tiere der HG H und T. Dabei lassen sich folgende HTen, immer bezogen auf die Gesamtzahl der Tiere, beobachten: Hs-bl* (23,07% der Proben), Tb-oB1* (4,6% der Proben), Hs-b* (3,8% der Proben). Die übrigen HTen traten jeweils mit einer Frequenz von unter einem Prozent auf.

Den HT Hs-b* trugen die Berber mit zwei Tieren und die Araber-Berber mit drei Tieren. Der HT Hs-bl* war sehr oft vertreten und lässt sich neben den Berbern (15 Proben) und den Arabern-Berbern (12 Proben), auch allen drei Tieren der Rasse Pony von Mogod zuordnen.

Aus der HG T trugen vier Berber und zwei Araber-Berber den HT Tb-oB1*. Bei den übrigen HTen findet man jeweils nur eine Probe: T2* (Berber), Tb-oB* (Araber-Berber), Tb-oB3b*

(Berber) und Tb-oB3b2a (Berber).

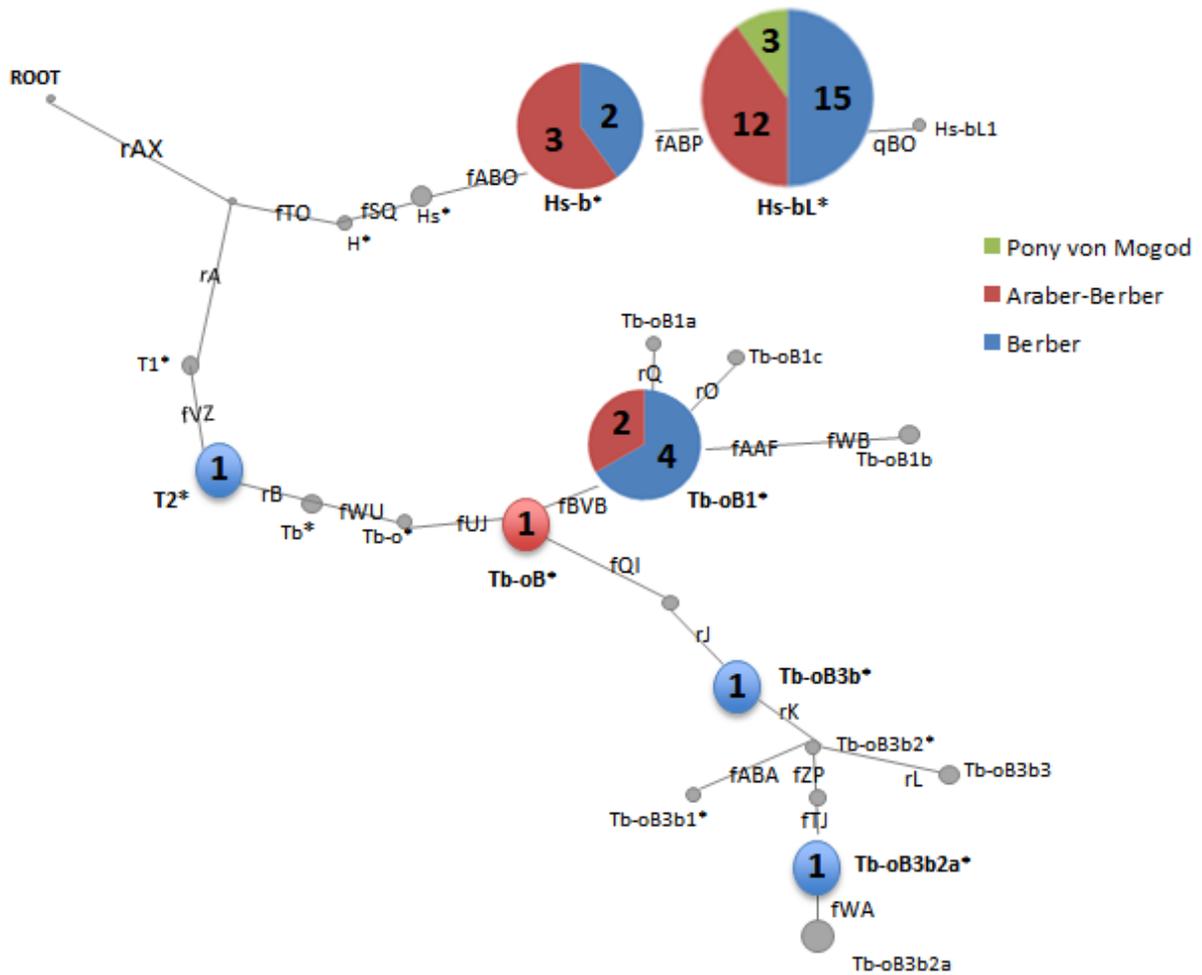


Abb. 12: Verteilung der Tiere in der HG T und H

Die detektierten HTen werden in farbigen Kugeln dargestellt. Dabei werden die Typen der Berber mit entsprechenden Farben gekennzeichnet, die Größe der Kreise gibt die Häufigkeit des HTen wieder. Zusätzlich ist die Anzahl der detektierten Proben dargestellt. Auf den Verbindungslinien sind die Marker angegeben. Graue Kugeln zeigen HTen, die nicht detektiert worden sind. Die HTen sind mit schwarzer Schrift gekennzeichnet.

3.3. Haplotypenverteilung gruppiert je nach Herkunftsland

Durch den Erhalt von Proben aus sieben unterschiedlichen Ländern wurde die Frequenz der vorkommenden HTen in den unterschiedlichen Ländern untersucht. Dabei wurde besonderes Augenmerk auf die Ursprungsländer Algerien, Marokko und Tunesien gelegt.

Tab.12 zeigt die Anzahl der vorkommenden HTen gruppiert nach Herkunftsland:

Tab. 12: Tabellarische Auflistung aller Herkunftsländer und die Frequenz der vorkommenden HTen.

	Algerien	Tunesien	Marokko	Deutsch-land	Frank-reich	Österreich	Schweiz
Ad-bA2				1			
Ad-h*	1		1				1
Ad-hA*					1		
Ad-hA1*				5			
Am-a*	4		7	6	8	1	
Am-aA				5	8	2	
Ao-aA*			1	1			
Ao-aA1b*	7		4	2	4		1
Ao-aA3*				1		2	
Ao-aD2	3		1	5			1
Ao-nM1b				1			
Hs-b*	2			3			
Hs-bL*	3	14	3	6	4		
T2*				1			
Tb-oB*					1		
Tb-oB1*	1		2	3			
Tb-oB3b*			1				
Tb-oB3b2a*					1		
gesamt	21	14	20	40	27	5	3

Die in Tab. 12 präsentierten Ergebnisse beziehen sich auf alle Proben. Es befinden sich sowohl Berber, Araber-Berber als auch das Pony von Mogod in der Auflistung.

Die Hengste aus Algerien repräsentieren alle drei HGen (H, A und T). Die meisten Tiere (sieben) wurden dem HT Ao-aA1b* zugeordnet. Der HT Am-a* trat bei vier Tieren, Ao-aD2 bei drei Tieren und Hs-bL* bei drei Tieren auf. HT Hs-b* wurde in zwei Tieren, Ad-h* und Tb-oB3b2a* in jeweils einem Tier nachgewiesen.

Die Proben, die aus Marokko stammen, lassen sich auch in allen drei HG A, T und H finden. Dabei lassen sich beim HT Am-a* mit 7 Tieren die meisten Vertreter finden. Der HT Ao-aA1b* wurde in vier Tieren, der HT Hs-BL* mit drei Tieren und der HT Tb-oB1* mit zwei Tieren detektiert. Die übrigen HTen Ad-h*, Ao-aA*, Ao-aD2, Tb-oB2b* treten mit jeweils einer Probe auf.

Tiere aus Tunesien kommen nur in der HG H vor. Hier lassen sich alle Tiere, sowohl Berber, Araber-Berber und Pony von Mogod, zum HT Hs-bL* (14 Tiere) zuordnen.

Die Proben aus Deutschland zeigten ein besonders breites Haplotypenspektrum (14 HTen) mit folgenden HTen: Hs-bL* (sechs Tiere), Am-a* (sechs Tiere) Ad-hA1 (fünf Tiere), Am-aA (fünf Tiere), Ao-aD2 (fünf Tiere), Hs-b* (drei Tiere), Tb-oB1* (drei Tiere), Ao-aA1b* (zwei Tiere), Ad-bA2, Ao-aA*, Ao-aA3, Ao-nM1b, T2* bei jeweils einem Tier.

Frankreich wies jeweils acht Proben mit den HTen Am-a* und Am-aA auf. Die übrigen HTen Ao-aA1b*, Hs-bL* wurden in jeweils vier Tieren und Ad-hA*, Tb-oB*, Tb-oB3b2a* in jeweils einem Tier detektiert.

Proben aus Österreich waren nur in der HG A vertreten. Dabei repräsentiert sich der HT Am-a* (eine Probe), Am-aA (2 Proben) und Ao-aA3 (2 Proben).

Die Schweiz ist mit insgesamt drei Tieren zu jeweils einem Tier in der HG Ad-h*, Ao-aA1b* und Ao-aD2 vertreten.

In Abb. 13 wird die Haplotypenverteilung nach dem Herkunftsland als Grafik dargestellt.

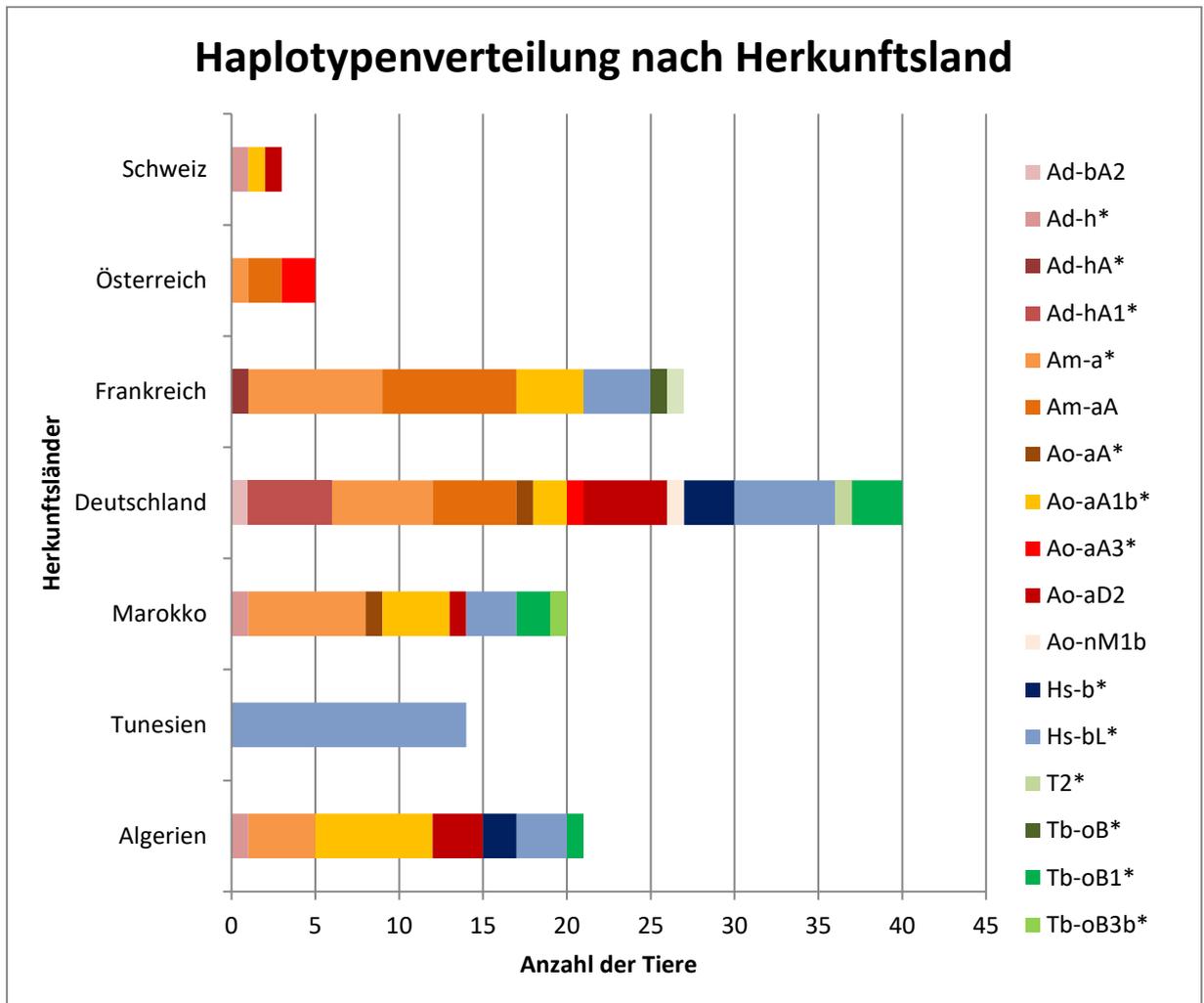


Abb. 13: Haplotypenverteilung nach dem Herkunftsland
Die HTen sind durch den in der Legende angeführten Farbcode erkennbar.

3.4. Haplotypenverteilung nach Zuordnung der Importtiere zu ihren Ursprungsländern

Zahlreiche europäische Tiere im Datensatz wurden aus den Ursprungsländern nach Europa importiert. Wenn möglich, wurden die untersuchten Tiere einem Ursprungsland zugeordnet (Tab.13).

Tab. 13: Verteilung der Proben nach Zuordnung der Importtiere zu ihren Ursprungsländern

Haplotypen	Algerien	Marokko	Tunesien	In Europa geborene Tiere	Total
Ad-bA2	1				
Ad-h*	1	1		1	
Ad-hA*	1				
Ad-hA1*				5	
Am-a*	7	8		11	
Am-aA	1	1		13	
Ao-aA*		2			
Ao-aA1b*	9	5		4	
Ao-aA3*				3	
Ao-aD2	3	1		6	
Ao-nM1b				1	
Hs-b*	2			3	
Hs-bL*	3	5	15	7	
T2*				1	
Tb-oB*		1			
Tb-oB1*	2	3		1	
Tb-oB3b*		1			
Tb-oB3b2a*				1	
Gesamt	30	28	15	57	130

Es lässt sich feststellen, dass sich in Algerien und Marokko die Anzahl der HTen erhöht. In Algerien erhöht sich die Anzahl auf zehn HTen (ursprünglich sieben HTen detektiert), in Marokko wurden zehn von vorher acht HTen festgestellt und in Tunesien blieb das Resultat gleich. Eine Veranschaulichung der in der Tab. 13 dargestellten Daten zeigt Abb. 14.

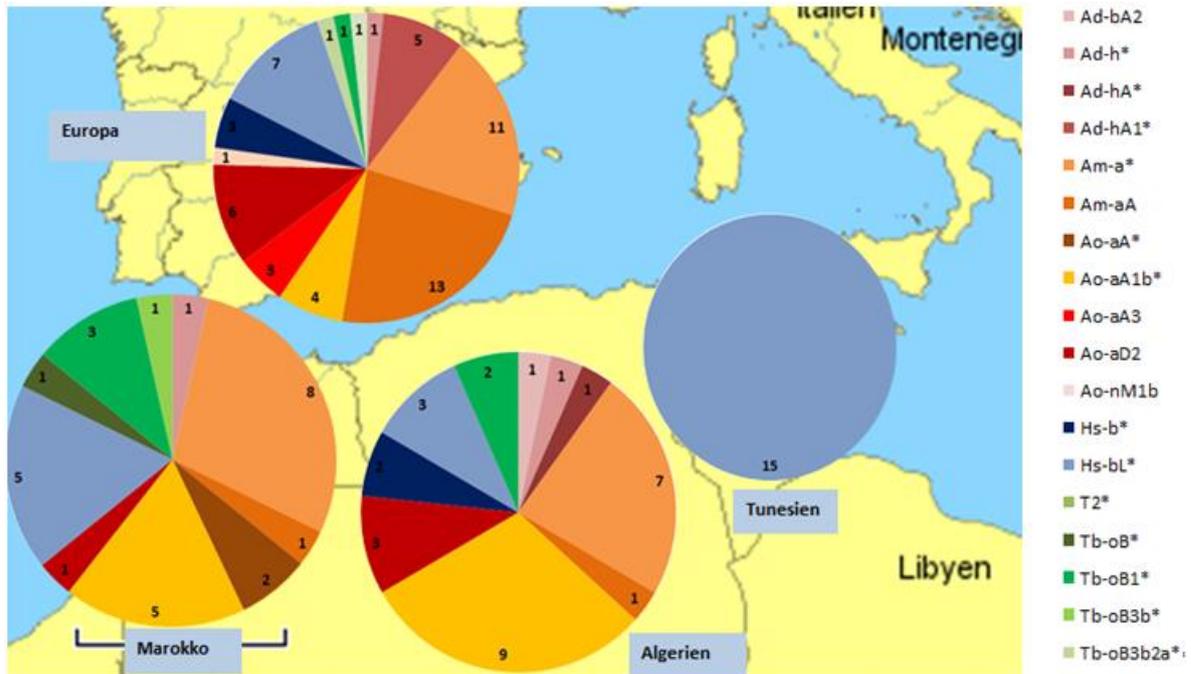


Abb. 14: Die Frequenz der HTen unter Zuordnung der Importiere zu ihren Ursprungsländern. Die Kreise umfassen alle in dem Land detektierten HTen (Farbcode ist der Legende zu entnehmen). Die Zahlen geben die Anzahl der festgestellten Proben an.

3.5. Haplotypenverteilung nach Rekonstruktion der paternalen Herkunft der Importtiere und Zuordnung zu ihren Ursprungsländern

Oft stammen in Europa geborene Tiere von Importtieren ab, die einige Generationen zurück importiert wurden. So wurde, wenn möglich, basierend auf Pedigreeangaben die väterliche Ursprunglinie bis zurück zum Importtier, inklusive Herkunftsland, rekonstruiert. Die Pedigreeinformationen zu den Tieren wurden dankenswerterweise von Dr. Dr. habil. Ines von Butler-Wemken bereitgestellt.

Bei nur fünf Tieren war das Ursprungsland des väterlichen Ahnen in Nordafrika nicht rekonstruierbar. Dabei handelt es sich um Vorbucheintragungen, die bei der Eröffnung des französischen Zuchtbuches im Jahr 1986 und 1987 befristet in Frankreich durchgeführt wurden. Die Tiere, ohne väterlichen Ahnen in Nordafrika, wurden als nicht zuordenbar dargestellt. Die Verteilung der HTen nach Zuordnung der in Europa geborenen Tiere ist in Tab.14 ersichtlich.

Tab. 14: Zuordnung aller Proben zu ihren Ursprungsländern

Haplotyp	Algerien	Marokko	Tunesien	nicht zuordenbar	Total
Ad-bA2	1				
Ad-h*	2	1			
Ad-hA*	1				
Ad-hA1*	5				
Am-a*	13	13			
Am-aA	14	1			
Ao-aA*		2			
Ao-aA1b*	13	5			
Ao-aA3				3	
Ao-aD2	8	2			
Ao-nM1b				1	
Hs-b*	2	3			
Hs-bL*	6	8	16		
T2*				1	
Tb-oB*		1			
Tb-oB1*	2	4			
Tb-oB3b*		1			
Tb-oB3b2a*		1			
gesamt	66	41	16	5	130

Tab. 14 Haplotypenverteilung nach Rekonstruktion der Herkunft der väterlichen Ahnen zu ihren Ursprungsländern. Wurde nach Rekonstruktion der väterlichen Linie das Ursprungsland des Importtieres ausgemacht, wurde das Tier diesem zugeordnet. Wenn aufgrund der väterlichen Ahnen kein Ursprungsland gefunden werden konnte, wurde das Tier als nicht zuordenbar eingestuft. Es lässt sich feststellen, dass sich das Haplotypenspektrum in den Ursprungsländern, ausgenommen Tunesien, nach Einbeziehung der in Europa beprobten Tiere erweitert. Die fünf nicht zuordenbaren Tiere waren Hengste, die bei Eröffnung des Berber Zuchtbuches in Frankreich 1985 bis 1987 ins Vorbuch eingetragen wurden.

Eine Veranschaulichung der in der Tab. 14 dargestellten Daten zeigt Abb. 15.

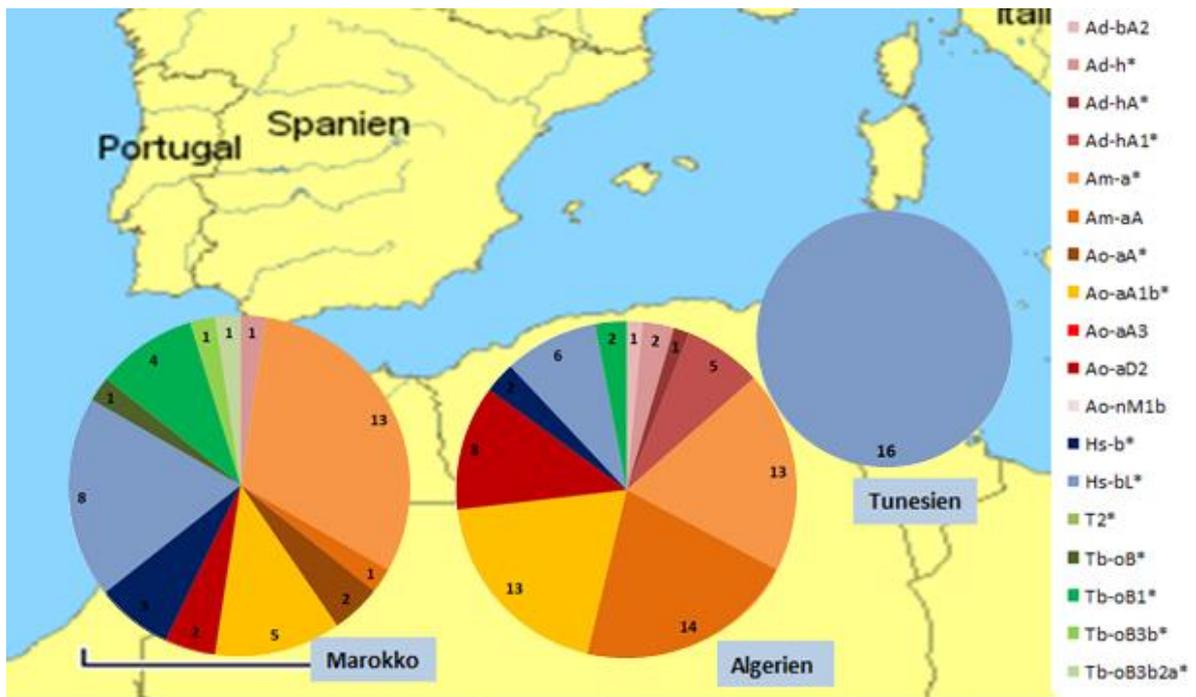


Abb. 15: Die Frequenz der HTen in den einzelnen Ursprungsländern. Die Zuordnung der Tiere zu ihren Ursprungsländern erfolgt über die väterliche Abstammungslinie. Die drei dargestellten Kreisdiagramme umfassen jeweils ein Ursprungsland, wie der Beschriftung zu entnehmen ist. Die Kreise umfassen alle detektierten HTen (Farbcode ist der Legende zu entnehmen). Die Zahlen geben die absolute Anzahl der festgestellten Proben an.

4. Diskussion

In früheren Untersuchungen von Wallner et al. 2013, Wallner et al. 2017 und Felkel et al. 2019 wurden Analysen zur y-chromosomale Haplotypenverteilung bei Pferden durchgeführt. Es wurde festgestellt, dass sich alle modernen Pferderassen Zentraleuropas in einer kürzlich entstandenen HG, der sogenannten Krongruppe des phylogenetischen Stammbaumes befinden. Diese Tatsache wurde durch den großen Einfluss orientalischer Hengste erklärt. Nur in nordischen Pferderassen wurden HTen außerhalb der Krongruppe detektiert (Wallner et al. 2017).

Der Berber, als einer der ältesten Pferderassen, wurde noch wenig untersucht. Aus diesem Grund widmet sich diese Diplomarbeit den Berberpferden. Es wurden Tiere aus den Ursprungsgebieten in Nordafrika und den Hauptzuchtgebieten Europas zur Analyse herangezogen.

4.1. Ausgeprägte Haplotypendiversität im Nordafrikanischen Pferd

Bisher wurde vermutet, dass das Berberpferd, als älteste Pferderasse der Welt auch außerhalb der Krongruppe gefunden werden kann. Diese Annahme wird durch diese Arbeit widerlegt. Alle untersuchten Berber, Araber-Berber und Ponys von Mogod trugen HTen der Krongruppe. Somit wird die bereits aufgestellte Hypothese, aus Wallner et al. 2017, dass in und nahe Europas alle Tiere innerhalb der Krongruppe gefunden werden können, bestätigt.

Das Berberpferd zeigt jedoch eine ausgeprägte Y-chromosomale Haplotypendiversität, was sich durch die Detektion der untersuchten Tiere sowohl am A- und T- als auch am H-Ast zeigte. Somit ließen sich beim Berberpferd alle Kronhaplogruppen feststellen.

Im Vergleich zu Pferderassen Zentraleuropas zeigt sich beim Berberpferd ein deutlicher Unterschied: Während viele moderne Pferderassen ein spezifisches Signal von einigen wenigen HTen aufweisen, lässt sich das Berberpferd in allen HGen und sehr vielen HTen detektieren. Beim Berberpferd wurden insgesamt 19 verschiedene HTen gefunden. Die nachstehenden Beispiele beweisen diese These:

Araberpferde gruppieren laut vorausgegangenen Studien (Michaelis 2019) besonders in den HTen Ao-aA*, Ta*, Ao* und Ta-a*. Das Berberpferd zeigte ebenfalls den Haplotyp Ao* und Ao-aA*. Somit kann man annehmen, dass ein gegenseitiger Einfluss von Berberpferd und Araberpferd bestehen könnte. Um diese Hypothese zu bestätigen, sind jedoch weitere Studien vonnöten.

Ähnlich verhält es sich mit den Englischen Vollblütern und Warmblütern. Wie in Wallner et al. 2017 beschrieben (siehe auch Abb. 2 dieser Arbeit), tragen alle Vollblüter und die meisten Warmblüter die Subhaplogruppe Tb. Mit den HTen Tb-oB*, Tb-oB1*, Tb-oB3b*, Tb-oB3b2a* lässt sich das Berberpferd auch in dieser Subhaplogruppe detektieren. Somit kann der Zusammenhang des Berberpferdes zu den Warmblütern und den Englischen Vollblütern hergestellt werden.

Rassen iberischen Ursprungs lassen sich häufig im H-Ast finden (Felkel et al. 2019). Mit den hochfrequenten HTen Hs-b*, Hs-bL* platziert sich das Berberpferd auch mit den iberischen Rassen.

Kaltblutpferde zeigen am häufigsten die HTen Ad-h und Ad-hA, Ad-bA und den Haplotyp Ao (Mühlberger 2018, Hartsleben 2019). Auch der Berber weist diese HTen, nämlich Ad-bA2, Ad-h*, Ad-hA* und Ad-hA1, auf. Somit gruppiert das Nordafrikanische Pferd auch mit den Kaltblutpferden.

Die Y-chromosomale Variabilität wurde in den meisten modernen Pferderassen durch gezielte Selektion auf Seiten der Hengste reduziert. Dies lässt sich daran erkennen, dass in diesen Rassen einige wenige HTen besonders hochfrequent vertreten sind. Das Berberpferd jedoch wurde diesen Zuchtstrategien nicht unterworfen und weist dadurch eine hohe Anzahl an verschiedenen HTen auf. Aufgrund der Tatsache, dass einige HTen, die im Nordafrikanischen Pferd gefunden wurden, auch in den modernen Pferderassen vorzufinden sind, lässt sich eine Relation des Nordafrikanischen Pferdes zu anderen Pferderassen feststellen.

Diese Entwicklung lässt sich durch die Vergangenheit des Berberpferdes erklären: Das Berberpferd entwickelte sich in seinen nordafrikanischen Ursprungsländern Tunesien, Marokko und Algerien. Es wurde ausschließlich auf Charaktereigenschaften, Robustheit und die vielfältige Verwendbarkeit als Reitpferd selektiert. Rassestandards, wie in Europa, hatten in den Ursprungsländern eine geringere Bedeutung. Da sich Selektion und Zuchtmaßnahmen in den nordafrikanischen Ländern stark von den in Europa üblichen Linienzuchtstrategien, welche die genetische Diversität innerhalb der Zuchten reduziert, stark unterscheidet, konnte im Berberpferd, verglichen zu vielen anderen modernen Pferderassen, beachtliche genetische Variabilität erhalten werden. Diese spiegelt sich auch am Y Chromosom und in der großen Anzahl an verschiedenen HTen aller drei Kronhaplogruppen wider.

4.2. Neue Erkenntnisse in den Haplotypen: *-Haplotypen

Um die Genealogien der Berberhaplotypen zueinander und mit anderen Pferderassen zu vergleichen, wurde die Darstellungsform als phylogenetischer Stammbaum zur Hilfe gewählt (siehe Abb. 7).

Auffallend war die hohe Anzahl an *-HTen. Es wurden 14 von insgesamt 19 HTen des Berberpferdes den *-HTen zugeordnet.

Als *-HTen bezeichnet man HTen, die sich basal an einem Ast befinden. Das bedeutet, dass der terminale HT nicht typisiert werden konnte. Dieses Ergebnis lässt darauf schließen, dass die Berber vermutlich einige private HTen besitzen, die mit der in dieser Studie vorgegebenen Marker nicht ermittelt werden konnten. Eine weitere Differenzierung der Proben mittels Next Generation Sequenzierung wäre möglich.

Innerhalb des Nordafrikanischen Pferdes lassen sich beim Berber in 60 von 88 Tieren *-HTen finden. Die Araber-Berber zeigen sich mit 36 von 39 Tieren und das Pony von Mogod lässt sich mit allen drei Tieren den *-HTen zuordnen.

Ähnliche Beobachtungen ließen sich auch bei den asiatischen Rassen finden.

In einer Untersuchung des chinesisch/mongolischen Pferdes gruppierte ein großer Anteil der Tiere an Basalknoten des phylogenetischen Baumes (Han et al. 2019).

In dieser Arbeit wird vermutet, dass die Rasse eine hohe genetische Variabilität verbirgt, die durch die Verwendung von SNP-Marker nicht festgestellt werden kann.

Das „Estonian Native horse“ (zu Deutsch: Estnischer Klepper) zeigte eine große chromosomale Haplotypendiversität innerhalb der Rasse. Es wurde eine *-Haplogruppe außerhalb der Krongruppe detektiert. Dies legt nahe, dass auch der Estnische Klepper eine einzigartige paternale Linie besitzt, die durch MSY-Sequenzierungen bestimmt werden müssen (Castaneda et al. 2019).

Die Detektion einer hohen Anzahl von *-HTen weist darauf hin, dass sich der phylogenetische Stammbaum, der auf wenigen Markern beruht, für die Untersuchung der Berber noch als unzureichend darstellt. Es besteht somit eine Limitierung der Methode. Das heißt für das Berberpferd, dass die Variabilität der HTen, obwohl sie viel höher ist als bei anderen Pferderassen, noch immer unterschätzt wird. Es müssten mehr Tiere sequenziert

werden, um das gesamte Haplotypenspektrum des Berberpferdes darzulegen. Dazu wären weitere Studien notwendig.

4.3. Betrachtung der Haplotypendiversität des Berbers in Tunesien

Im Gegensatz zur ausgeprägten Haplotypendiversität im gesamten Datensatz, zeigten Tiere tunesischer Herkunft ausschließlich den HT Hs-bL*. Auffällig ist, dass alle drei Typen der Berber in tunesischen Proben, sowohl das Pony von Mogod als auch die Berber und Araber-Berber, diesem HT zuzuordnen waren.

Die Feststellung eines einzigen HTen war durchaus unerwartet. Bei diesem HT handelt es sich um einen *-HT. Wie bereits in Kapitel 4.2. erläutert, besteht bei *-HTen die Möglichkeit einer weiteren Differenzierung der Subhaplotypen. Die Berber Tunesiens könnten einige private HTen besitzen, was bedeutet, dass Sequenzierstudien eine Differenzierung der Linien ermöglichen könnten.

Weiters wurde untersucht, ob Importtiere aus Tunesien abweichende HTen aufweisen. Hierzu wurden alle Tiere Europas basierend auf den Informationen zum importierten väterlichen Ahnen einem Ursprungsland zugeordnet (siehe Kapitel 3.5.). Bei den Importtieren handelt es sich also um jene Tiere, die vor einigen wenigen Jahren aus ihren Ursprungsländern (Algerien, Marokko oder Tunesien) nach Europa importiert wurde (Berber Online. <http://www.berber-online.de/importpferd.html> (Zugriff 2.3.2020, 10:00)). Auch unter Einbeziehung der Importtiere zeigte sich eindeutig, dass bei allen ursprünglich aus Tunesien stammenden Tieren, nur der HT Hs-bL* beobachtet wurde.

Das Ergebnis eines einzigen HTen bei den untersuchten Pferden aus Tunesien könnte auf eine stärkere Selektion auf Hengstseite in diesem Zuchtgebiet hinweisen. Es ist aber darauf hinzuweisen, dass das Ergebnis auf die limitierte Anzahl an Proben zurückzuführen sein kann. In dieser Diplomarbeit standen insgesamt (mit den identifizierten Importtieren) 16 Tiere aus Tunesien zur Verfügung. Weitere Untersuchungen sind notwendig, um das Vorherrschen eines einzigen HTen zu bestätigen. Durch die geringe Anzahl an Tieren könnte es sein, dass die Probennahme nicht repräsentativ war.

4.4. Betrachtung der Y-chromosomalen Linien zwischen Araber und Araber-Berber

Das Y-Haplotypenspektrum von Berber und Araber-Berber ist sehr ähnlich. Zur Einkreuzung in Araber-Berber sind Berberpferde und Arabische Vollblutpferde zugelassen. In der neueren Zuchtgeschichte wurden vermehrt Berberhengste eingekreuzt und Araber-Berber untereinander verpaart. Die Einkreuzung von Arabischen Vollbluthengsten ist vordringlich von den Franzosen um 1890 bis 1900 in Nordafrika erfolgt, um die Trableistung der Pferde für militärische Zwecke zu verbessern. In der neueren Zuchtgeschichte wird die Einkreuzung mit Arabischen Vollbluthengsten nur sehr selten in den Ursprungsländern durchgeführt.

Um sich der Ausprägung der HTen zwischen dem Araber und dem Araber-Berber anzunähern, wurden die Ergebnisse der Diplomarbeit von Michaelis zu Hilfe genommen. In dieser Arbeit wurden 116 männliche Araber mittels Y-chromosomalen Markern untersucht. Dabei ließen sich 63 Individuen in den HTen Ao-aA und Ao-a* feststellen (Michaelis 2019).

Die Ergebnisse dieser Diplomarbeit zeigen, dass der Araber-Berber und der Berber ähnliche HTenspektren aufweisen. In beiden wurde, die hochfrequent im Araber vorkommenden HTen, Ao-a* und Ao-aA, detektiert. Das bedeutet, dass sich Araber-Berber und Berber mit paternalen Untersuchungsmethoden nicht eindeutig unterscheiden lassen.

Ähnliche Ergebnisse lieferte die Studie „Genetische Analyse und phylogenetische Beziehungen des Berbers durch die Verwendung von Mikrosatelliten“ (Piro et al. 2019). Es wurden Allelfrequenzen an 17 autosomalen Mikrosatelliten ermittelt, um die genetischen Beziehungen der Berberpferde zu untersuchen. Das Ergebnis zeigte, dass es Allele gibt, die für die Berberpferde spezifisch sind. Die Rasse, die die meisten Allele gemeinsam mit den Berbern haben, sind die Araber-Berber (Piro et al. 2019).

Eine weitere Studie untersuchte fünf Pferderassen mittels 14 polymorphen Mikrosatellitenmarkern. Die Ergebnisse zeigten, dass sich eine relativ große Anzahl von rassespezifischen Allelen in Berber und Araber-Berbern wiederfinden. Berber und der Araber-Berber konnten basierend auf Mikrosatelliten nicht klar differenziert werden (Berber et al. 2014).

Ebenso verhält es sich bei einer weiteren Studie, die auf die genetische Vielfalt von Berber und Araber-Berbern abzielt. Die Ergebnisse zeigten, dass sich Berber und Araber-Berber mit autosomalen Mikrosatelliten auch nicht eindeutig differenzieren (Jemmali et al. 2015).

Es konnten keine signifikanten Unterschiede zwischen Berbern und Araber-Berbern durch Y-chromosomale Analysen und mittels autosomalen Untersuchungen festgestellt werden. Dies lässt vermuten, dass eine Relation zwischen Berber und Araber-Berber besteht und die Einkreuzung der Araber länger zurückliegt.

5. Schlussfolgerung

In dieser Arbeit wurde die Vorherrschaft der Kronhaplogruppe in Nordafrikanischen Pferden gezeigt. Weiters wurde eine beachtliche Diversität an Kronhaplotypen HTen beobachtet. Um das gesamte Haplotypenspektrum des Nordafrikanischen Pferdes beleuchten und somit die Geschichte des Nordafrikanischen Pferdes und die Verwandtschaftsbeziehungen zu anderen Pferderassen noch gezielter betrachten zu können, ist es notwendig, differenziertere Untersuchungen durchzuführen. Das sollte durch eine Erweiterung der Probenanzahl erzielt werden.

Für diese Arbeit wurden bereits etablierte Marker von Wallner et al. 2017 und Felkel et al. 2019 verwendet. Aus diesem Grund konnte das Nordafrikanische Pferd nur auf bereits bekannten HG und HTen untersucht werden. Die Ergebnisse zeigen, dass die *-HTen genauer charakterisiert werden müssen, um die Haplotypendiversität der Nordafrikanischen Pferde genau feststellen zu können.

Durch NGS Sequenzierung könnte das gesamte Haplotypenspektrum des Nordafrikanischen Pferdes erfasst und die Genealogien genauer charakterisiert werden. Die vorliegende Arbeit kann als Grundlage dienen, um geeignete Pferde zur Sequenzierung auszuwählen.

Der Einfluss des Nordafrikanischen Pferdes auf moderne Pferderassen sollte in weiteren Studien genauer untersucht werden.

6. Zusammenfassung

Ein großer Teil des Y-Chromosoms rekombiniert während der Meiose nicht. Das bedeutet, es wird fast unverändert von Generation zu Generation vom Vater an den Sohn weitergegeben. Mutationen am Y-Chromosom können somit als Marker verwendet werden, um väterliche Genealogien zu rekonstruieren.

In dieser Arbeit wurden Nordafrikanische Pferde der Rassen Berber, Araber-Berber und Pony von Mogod auf ihr Y-chromosomales Haplotypenspektrum untersucht und die väterlichen Ursprünge dieser Pferderassen beleuchtet.

Die verwendeten Proben dieser Arbeit stammen von 130 männlichen Pferden von Berbern, Araber-Berbern und dem Pony von Mogod. Die genomische DNA der Tiere wurde aus Haarwurzelzellen isoliert.

Die Untersuchung auf Y-chromosomale Haplotypen erfolgte durch Allelbestimmungen an 62 Y-chromosomalen Markern. Die Genotypisierung der Marker wurde mittels fluoreszierender KASP™-Technologie durchgeführt. Basierend auf den Ergebnissen wurden die Haplotypen der untersuchten Proben rekonstruiert und die Haplotypenstruktur als phylogenetischer Stammbaum dargestellt.

Alle untersuchten Proben wurden der etwa 1500 Jahre alten Kronhaplogruppe zugeordnet. Kronhaplogruppe A stellte mit 85 Proben den dominantesten Zweig dar. Die Kronhaplogruppe H wies 35, die Kronhaplogruppe T 10 Proben auf. Insgesamt wurden 19 verschiedene Haplotypen detektiert.

Es wurde gezeigt, dass das Nordafrikanische Pferd eine ausgeprägte Y-chromosomale Haplotypenvielfalt aufweist. Klare Unterschiede zwischen Berbern und Araber-Berbern konnten durch Y-chromosomale Analysen nicht festgestellt werden.

Die Variabilität der Haplotypen im Nordafrikanischen Pferd ist viel ausgeprägter als bei anderen Pferderassen. Weiters wird aus den Ergebnissen ersichtlich, dass die Haplotypendiversität des Nordafrikanischen Pferdes aufgrund technischer Limitierungen noch unterschätzt wird.

Zusammenfassend lässt sich an dieser Stelle nochmals betonen, dass die ausgeprägte Y-chromosomale Haplotypenvielfalt des Nordafrikanischen Pferdes auf die Besonderheit dieser Pferdepopulationen hinweist.

7. Summary

The male specific part of the Y-chromosome does not recombine during meiosis. This means that it is passed on almost unchanged from father to son from generation to generation.

Mutations on the Y chromosome can thus be used as markers to reconstruct paternal genealogies.

In this study, North African horses of the breeds Barb, Arab-Barb and Pony of Mogod were examined for their Y-chromosomal haplotype spectrum and the paternal origins of these horse breeds were illuminated.

The study is based on genomic DNA of 130 male Barb, Arab-Barb and Pony of Mogod horses. The DNA of the animals was isolated from hair root samples.

The investigation for Y-chromosomal haplotypes was carried out by allele determinations on 62 Y-chromosomal markers. Genotyping of the markers was performed with Fluorescent KASP™ technology. Based on the results, the haplotypes of the examined samples were reconstructed and the haplotype structure represented as a phylogenetic tree.

All samples examined were assigned to the approximately 1500 year old crown haplogroup. Haplogroup A represented the most dominant branch with 85 samples. Haplogroup H had 35, and haplogroup T 10 samples. A total of 19 different haplotypes were detected.

It has been shown that the North African horse has distinctive Y-chromosomal haplotype diversity. Clear differences between Barbs and Arab-Barbs could not be determined by Y-chromosomal analyzes.

The variability of haplotypes in the North African horse is much more pronounced than in other horse breeds. The results also show that the haplotype diversity of the North African horse is still underestimated due to technical limitations.

In summary, it can be emphasized that the large Y-chromosomal haplotype diversity of the North African horse shows the distinctiveness of these populations.

8. Abkürzungsverzeichnis

A	Adenin
Abb.	Abbildung
Bzw.	Beziehungsweise
C	Cytosin
EDTA	Ethylenediamintetraacetat
FAM	6-Carboxy-Fluorescein
FRET	fluorescence resonant energy transfer
G	Guanin
HEX	Phosphoramidite, Hexachloro-Fluorescein
HG	Haplogruppe
HT	Haplotyp
Indels	Insertionen und Deletionen
KASP	Kompetitive Allel-spezifische PCR
Mb	Megabasen
MSY	male specific region
mtDNA	Mitochondriale DNA
NGS	Hochdurchsatz-Sequenzieretechniken
NRY	Non recombining Y-chromosome
NTC	No template control (Leerwert)
OMCB	Organisation Mondiale du Cheval Barbe
PAR	Pseudoautosomale Region
PCR	Polymerase Chain Reaction
SNP	Single nucleotide polymorphism
T	Thymin
Tab.	Tabelle
v.Chr.	Vor Christus
VFZB	Verein der Freunde und Züchter des Berberpferdes
VV	Großvater
VVV	Urgroßvater

9. Literaturverzeichnis

All Breed Pedigree. <https://www.allbreedpedigree.com/> (Zugriff 02.03.2020, 10:15).

Berber N, Gaour S, Leroy G, Kdidi S, Tabet Aouel N, Saidi Mehtar N. 2014. Molecular characterization and differentiation of five horse breeds raised in Algeria using polymorphic microsatellite markers. Blackwell Verlag GmbH. *J. Anim. Breed*, 131(5):387-394. DOI 10.1111/jbg.12092.

Berber Online. <http://www.berber-online.de/importpferd.html> (Zugriff 2.3.2020, 10:00).

Castaneda C, Juras R, Khanshour A, Randlaht I, Wallner B, Rigler D, Lindgren G, Raudsepp T, Cothran E. 2019. Population Genetic Analysis of the Estonian Native Horse Suggests Diverse and Distinct Genetics, Ancient Origin and Contribution from Unique Patriline. *Genes*, 10(8): 629. DOI 10.3390/genes100806292019.

Felkel S, Vogl C, Rigler D, Dobretsberger V, Chowdhary BP, Distl O, Fries R, Jagannathan V, Janečka JE, Leeb T, Lindgren G, McCue M, Metzger J, Neuditschko M, Rattei T, Raudsepp T, Rieder S, Rubin CJ, Schaefer R, Schlötterer C, Thaller G, Tetens J, Velie B, Brem G und Wallner B. 2019. The horse Y chromosome as an informative marker for tracing sire lines. *Sci Rep*, 9(1):6095. DOI 10.1038/s41598-019-42640-w.

Felkel S, Vogl C, Rigler D, Jagannathan V, Leeb T, Fries R, Neuditschko M, Rieder S, Velie B, Lindgren G, Rubin CJ, Schlötterer C, Rattei T, Brem G und Wallner B. 2018. Asian horses deepen the MSY phylogeny. *Animal Genetics*, 49 (1): 90-93. DOI 10.1111/age.12635.

Jemmali B, Haddad M, Lasfer F, Ben Aoun B, Ezzar S, Kribi S, Ouled Ahmed H, Ezzaouia MH, Rekik B. Investigation de la diversité génétique des races Barbe et Arabe Barbe en Tunisie. 2015. *Journal of new sciences, Agriculture and Biotechnology*, 21(1), 948-956.

Han H, Wallner B, Rigler D, MacHugh DE, Manglai D, Hill EW. 2019. Chinese Mongolian horses may retain early domestic male genetic lineages yet to be discovered. *Animal Genetics*, 50(4):399-402. DOI 10.1111/age.12780.

- Hendricks BL. 2007. International Encyclopedia of horse breeds. United States: University of Oklahoma Press.
- Jobling MA, Tyler-Smith C. 1995. Fathers and sons: the Y chromosome and human evolution. *Trends in Genetics; TIG*, 11 (11): 449–456. DOI 10.1016/s0168-9525(00)89144-1.
- Krischke D. 2011. Selektion in kleinen Populationen am Beispiel Berberpferd [Masterarbeit]. Wien: Georg-August Universität Göttingen.
- Springer Nature Switzerland AG. https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-662-48986-4_3495 (Zugriff: 27.2.2020).
- LGC Group. <https://www.lgcgroup.com/LGCGroup/media/PDFs/Products/Genotyping/> (Zugriff 01.08.2019, 18:00).
- Michaelis E. 2019. Analysis of Arabian stallion lines with Y chromosomal markers [Diplomarbeit]. Wien: Veterinärmedizinische Universität.
- Mühlberger M-L. 2018. Genetische Untersuchung zu paternalen Linien in Kaltblutpferden und Kleinpferden Europas [Diplomarbeit]. Wien: Veterinärmedizinische Universität.
- Piro M, Alyakine H, Ezzaouia M, Lasfar F, Ouled Ahmed H, Ouragh L. 2019. Analyse génétique et relations phylogénétiques du cheval Barbe par l'utilisation des microsatellites. *Rev. Mar. Sci. Agron. Vét*, 7 (1): 149-157.
- Pony von Mogod. <http://die-pferderassen.de/index.html?/rassen/mog.html> (Zugriff: 5.6.2020; 18:00).
- Raudsepp T, Santani A, Wallner B, Kata SR, Ren C, Zhang H-B, Womack JE, Skow LC, Chowdhary BP. 2004. A detailed physical map of the horse Y chromosome. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 101 (25): 9321–9326. DOI 10.1073/pnas.0403011101.
- Verein der Freunde und Züchter des Berberpferdes e.V.

<https://www.vfzb.de/rassen/geschichte/> (Zugriff 1.3.2020, 15:25).

Verein der Freunde und Züchter des Berberpferdes e.V.

<https://www.vfzb.de/rassen/rassen-und-herkunft/> (Zugriff 1.3.2020, 15:49).

Verein der Freunde und Züchter des Berberpferdes e.V.

<https://www.vfzb.de/rassen/anschaffung/> (Zugriff 1.3.2020, 18:00).

Wallner B, Palmieri N, Vogl C, Rigler D, Bozlak E, Druml T, Jagannathan V, Leeb T, Fries R, Tetens J, Thaller G, Metzger J, Distl O, Lindgren G, Rubin C-J, Andersson L, Schaefer R, McCue M, Neuditschko M, Rieder S, Schlötterer C, Brem G. 2017. Y Chromosome Uncovers the Recent Oriental Origin of Modern Stallions. *Current biology: CB*, 27 (13): 2029-2035.e5. DOI 10.1016/j.cub.2017.05.086.

Wallner B, Vogl C, Shukla P, Burgstaller JP, Druml T, Brem G. 2013. Identification of genetic variation on the horse y chromosome and the tracing of male founder lineages in modern breeds. *PloS one*, 8 (4): e60015. DOI 10.1371/journal.pone.0060015.

10. Tabellenverzeichnis

Tab. 1: Verwendete Chemikalien	11
Tab. 2: Verwendete Geräte.....	11
Tab. 3: Verwendete Materialien	11
Tab. 4: Verwendete Software und Programme	11
Tab. 5: Auflistung der beprobten Berberpferde nach Ländern.....	13
Tab. 6: Temperaturprotokoll für die KASP Real-Time PCR.....	19
Tab. 7: Temperaturprotokoll für den Recycle Zyklus der KASP Real-Time PCR.....	19
Tab. 8: Die zur Analyse genutzten Marker.	22
Tab. 9: Determinierung der HTen durch die Allele an den jeweiligen Markern	26
Tab. 10: Auflistung der ermittelten HTen mit der Anzahl der Proben.....	28
Tab. 11: Haplotypenverteilung in absoluten Zahlen gruppiert nach den drei Typen der Berber	29
Tab. 12: Tabellarische Auflistung aller Herkunftsländer und die Frequenz der vorkommenden HTen.....	34
Tab. 13: Zuordnung aller Proben zu ihren Ursprungsländern.....	37
Tab. 14: Zuordnung aller Proben zu ihren Ursprungsländern.....	40

11. Abbildungsverzeichnis

Abb. 1: Darstellung des Y-Chromosom (Wallner et al.2013)	6
Abb. 2: Netzwerk Y-chromosomaler Haplotypen (aus Wallner et al. 2017)	8
Abb. 3: Die Komponenten der KASP-Analyse (LGC Group, 2019).....	15
Abb. 4: Beispiel einer Mastermix-Datei nach Doris Rigler für die Real-Time PCR.....	18
Abb. 5: Graphische Darstellung der Ergebnisse mit KASP Real-Time PCR.....	20
Abb. 6: Beispiel einer tabellarischen Auflistung der Ergebnisse mit KASP Real-Time PCR .	21
Abb. 7: Zuordenbare Haplotypen aufgrund der Y-chromosomalen Marker.....	25
Abb. 8: Beispiel einer Rekonstruktion eines Pedigrees	27
Abb. 9: Haplotypenverteilung der gesamten Proben	29
Abb. 10: Verteilung der Haplotypen nach Typen der Berber	30
Abb. 11: Verteilung der Tiere in der Haplogruppe A	32
Abb. 12: Verteilung der Tiere in der Haplogruppe T und H.....	33
Abb. 13: Haplotypenverteilung nach dem Herkunftsland.....	36
Abb. 14: Die Frequenz der Haplotypen, unter Zuordnung der Importtiere zu ihren Ursprungsländern	38
Abb. 15: Die Frequenz der Haplotypen in den einzelnen Ursprungsländern.	41

12. Danksagung

Ich möchte mich zu allererst bei meiner Betreuerin Dr. med. vet. Barbara Wallner bedanken, die immer versucht hat, mir in jeder Schwierigkeit mit ihrer enormen Fachkompetenz weiterzuhelfen und viel Zeit in die Korrektur und Verfeinerung meiner Arbeit investiert hat. Vielen Dank für die Leitung und Begleitung zur Erstellung der Diplomarbeit.

Einen großen Dank möchte ich Dr. med. vet. Doris Rigler zukommen lassen, die mir während der Arbeit im Labor immer mit Hilfestellungen zur Seite gestanden ist.

Des Weiteren möchte ich mich für die Organisation der Haarproben, die durch Dr. Max Dobretsberger, Dr. Dr. habil. Ines von Butler-Wemken, Mag. Viktoria Dobretsberger zur Verfügung gestellt worden sind, bedanken.

Vielen Dank an Ursula Schwab, Claudia Lazzarini, Ahmed Rayane, Malak Benamar und Dr. Khadija Driss für das Zusenden von Proben aus Frankreich, der Schweiz, Algerien, Marokko und Tunesien.

Einen weiteren Dank möchte ich meinem Gutachter O. Univ.-Prof. Dr. med. vet. Gottfried Brem für die Durchsicht aussprechen.

Am allermeisten möchte ich meinen Dank meiner Familie und Freunden aussprechen, die mich im Prozess der Arbeit und in der Absolvierung meines Studiums immer wieder tatkräftig unterstützt haben.

Besonderen Dank möchte ich meiner Mutter und meinem Stiefvater aussprechen, die mich durch ihre psychische Unterstützung und Überzeugung, dass ich alles erreichen kann, immer motiviert haben weiter zu machen und mich bis zum Schluss bei jeder Aufgabe unterstützt haben, ganz gleich, wie komplex oder fremd die Themen für sie waren.

Zu guter Letzt möchte ich mich bei meinem Freund für seine motivierenden Worte, den Antrieb nie aufzuhören und die Unterstützung, in jeglicher Hinsicht, bedanken. Vielen Dank für die Befassung mit meiner Diplomarbeit und die Bereitstellung deiner Hilfe, auch wenn es eine völlig neue Materie war.

.

13. Anhang

13.1. Sequenzen der Y-chromosomalen Marker

Vari- ant_ ID	Contig:pos_yre f2016	Sequenzabfolge der SNP Marker
fAAB	LipY764_contig468: 1814	TTGACCTCAAATTTCCAGGTTCCAGGACTGTGAGAAATAAACACCTGCTTTAAGCTGCC AGTCTGTGGCATTCTTATTGCAAGCCAAGAAAACCAACACACCATCTGATCCAGAACCA AATTGCAAGAAATATTTTTTAATAAT[G/C]TGTGTATAGAAATGATTCTTAATAGAACTAATG AGTAGCTCTACTAATCAATAAAAATTTATTTTCAGTCAATAATTTAAAAAATTAATTATGTA ATTTGTAATAATCATAAATTTGTGTCCCCATTTCTCTTACCCTGGTTGAATG
fAAF	LipY764_contig494: 3637	AACCTTCAAAGCATTATGCTGAGTGAGAGAAGCCAGACACAAAACACCACATGGTATACA GTTCTGTGTATCAGAAGTGTCCAACATAGGCAGCTCCACAGAGATAGAATTTAGATTAGTG GTTCCGGGAGTTGGAGGCAGTGGGAAT[G/T]GGGAGTGACCACTAATGAGTATGTAATTT TTTTTTGGAGTGGTGAACAGCTTGTAATTTGAGACGGTGGTGCACAACAATGTGAGTG CAATTAAGCCACTGTACTGTACTTATAATAGTTAATTTTATGTTACTTATATTTATGT
fAAJ	LipY764_contig506: 3650	TGCCTGTGGGAGGATCATATTGAAAGGATACAAAAGACATTATAAGGCTAGCATTAGAGAT TCCTTTAACAAAATTAAGGAACAGAAATCAGACTTAGAACAAAAGTTAAAAATCCACATCCA CCTTAAATCCTACTCCCTTTTATCGA[C/T]AACTTCTTGTCTTGACCTCCTAAACATCTTT TGGATCTGGGATGTCTGGGCCCTTTCCTTAAACCCTTTGTCACTGAGCAAGGGTTCACAT GACATACGCAGAAGCCCATACAAGCTCATTAGCTTTTGAGAAAAGAAAGAGCTTTAT
fABA	LipY764_contig14:5 2596	CAATGAAGCAGTGCTGTTAGACTAAGGTGCATGCAGACATCTCCATCTTAGACCCGTGAG GGTAAGTTTTTGAATAAATTGATTCTATTGGGAGCATCTTTTCAAAGGATGGTACTTGT AGCACCTTTGACTCAAAGGAAGAAAT[G/T]TAGGAGTTGACTTTATCACATAAATGTCA CAATTCATAAGTTTTGCTGATGAAGCAATAACTCAGAAGATAAAGTTAGAAGAGTATGAG GTAGAATTGGAGGTACACTATCAAAGGCAACATGTTTTAAAAATAAAATTGTTCAACTT
fABO	LipY764_contig159: 11818	TATCTCTATGCAGTGCGGCCCTCTGTTTTATTTTGTACGTTATGTCTATAAATGCCACAG TTCCAGCAATTATATTGTTGTAATATATAAACTATATGTAATAATACATTTTTATAATAGTAAT TTATGTAATTTGTTGCTTTTTA[G/A]ATAGGAAAAATACATGTTTGGTTTTGTTATGTTAG ATTTTTAAATCCCATTTCTGTTCTCTTCACTTCTTCTGTACGTTCAATTTGCCACCCGGA GTCATTTCTTTAGCCCAAGACAGCCTTGCTCTTACTTACTTCAATTATGTAT
fABP	LipY764_contig174: 10287	TTTCTACTGGTAATGAAGAAATGCATCCACTACAGAGTTCTGCTACATGGCTTTTCTAAAAT CTATACACACTTATTCTGAAGAATCAATAAATAATCCAGGGTGGTCCATAAGGCTTTTGCC AAACGTCGGACATTGGTATAGCCAGG[T/A]TCTGTCCACAAAGTGAACATAAGATTTAAAT TAATTCAGCAGACTGATCACTTTCTAGTCATGACTGCATTTATCTCAACCACAAATGCTTT ACTTTATGACACTTGTTAAAACAGTACCTAAGACTTGAACCTGTTGCTCAGCAAATA
fQI	LipY764_contig94:1 9794	AACTGATGAAATCCTGGGCCACCAAAGTGAAGCGTGCAAACCTTAACCACTCTGCTATGGG GCTGGCCCATGTTTTTTTTTTTTTACCTTCTACTGTGGCTACTAGAAAAGTGTAATTACA TTTTGGGCTCACATTCTATCTCCATGA[G/C]ACAGTGTGAATCTAGACAGCTTCTATGGTAC CTGTAGGCTCTAAATTTGTTGACTGCAGTCGGCAACACGAAGGCAGAGAGTTTTTTAGGT

		TACATGATTTCTTTTTGAACTGTGCCCACTGCAGATTTTAATTATATGCCACAAAAAT
fRQ	LipY764_contig32:400	CCCTTATTGGCTAAGAATTTGAACACACAACCTCAATCATGATCCAGATTAGCTGGGCATAG AATCAGATCCCATAGTACTACATTCCACCCGGAACCCATTTACACAGTGAATGCAAGTTC ATTTTGCCACCTGTGCTCCTGACCAA[T/G]GGCCACAAGACTGCAGGTGCCAACCAAGCCT ATCCTTGTTTTGAGTGCTTTGAATGAATGGCTCATAGAACTCAGGAAAAGCTTTAACTTAT TAAGAGTCAATGAAAGAGATGTATACAGCTAAACAGGTGGGGAAGGTAGGAGGATCTCC
fSQ	LipY764_contig49:30278	ATATGGTGAGTACAGTTGAGGAGAGTTCTTCGACAATACTGAGAGGCAGGTGTAAGCTTT GCAGGGTTTTGATAGTTGTTCTTTTTAAATGTGGTTATGTTGCAGCATATTTTATGTTAATG CCATGATACTGTAGAAGGAAATGCTGT[T/C]AGCTGAGAATAATATCAGTGGAGCATCATTG ATGCACAGGTGAGGAAAGATTGAACCAAGGTGCCAAGCAAAGGGAGAGACTTTAGGAAA GAACAGAAGGAAAAACACATCTGTAGATGAAATCTAGAGAAGTCACACACAATATCTGAAG
fST	LipY764_contig50:29378	CTGATGCATTGTAAATTAAGAGGACTGAAGGAAGTCTTAACCAGCAAGTGAGAAAAGTAACT TGCAGATAGATCAAAATCTTCTTATTTTTATAAAATTACATGTAAGGTAATTTAATTTCCCT AAATCAAGAAATGATGGATTCTGCA[T/A]TTTCAGGGACACCGTCATGATGACATCTACTTC TTTCTTTTTAGCCAGAGGCTTCAACAATTAATTTCTTCTTACTACCTTTTGAAGAAGCCAG ATTTAGATGAAAATAAACCTAATGTTCCCTGAATTCAAAATGAGATTATGAAAAT
fTA	LipY764_contig59:25124	AAATACAAAATCCCTCATAAGTAACCTAACAGTGCACCTAAAGGACTGCAAAAAGTTGAAC CAAGAAAGCCCAATCAGAAGAAGGAAGGAAATAATAAAGCGAGAGCAGAAATATGTGA AATAGAGATGAAAAATAAGAGAAAA[A/C]AAAGCAATGAAATCAAGAGGTGGTTCTCTTG TAAACATAAACAAAATTGGCAAACCTTTAGCTAGACTCAACAAGAAAAAAGAGAATGGCTC AAATAAATAAAATCAGAAATGAAAGAGAAGAAATTACAATGGACATCTCAGAAATACAAA
fTI	LipY764_contig78:6725	CGTAGTGGCACGTGCAACGCCAGCCCTCCTAGCAGTTGGGGCTGCCTTGATGACCGTAC AGCCCCAGTATCAGCAGCATTGCCTGAGGTTCCAGGAATCGTGCCGATGCTTGAGACCA GAGGCTTCAAGAACCATGGCAGCACACAA[T/C]ACTCTATCCTCTCCGCTCCCCAGAGT AGCACCTCCAAACCTGGCTTTACAGTAGCAAGAGCTGCATTAAGACCCTGGTGCCTG ACAGCAGCATTGGTGCTTGTGACCTGAGGTTCCAGGAAACACAGCAGCACCCATGACGAA GGTAC
fTJ	LipY764_contig4:60091	TGTGTGTGTATTATGTGAGATTGGTCTATAGTTTCATTTTCTGTGGTTGTGTCTGTTTT TTGTTATTTGGCTAATGCTGACATAGAATGAGATAGGAAGTATTTCTCCCCTTCTATTATTT TTGAAAATAATTGATATTAATTTCTT[A/T]CTTAAACGTTTTAATAGAATTATCAGTGAGGGGGC TGGTCCCATGGCTGGGTGGCTAAGTTACAGGGTCTGCTTCGTTGGGCCAGGGTTCCAG GGTTCAGAGCCTGGGCATGGACCTATGCACCACTCATCAGGTGTGCTGTGGCAGCATC
fTM	LipY764_contig79:30881	AGCAGTAGGAGATGAGGGTGGATACCAGGTTTGACCAACTGGTGTAAAGTCTTGAAAGTTA GATTATATTTACCTACTTCTTCTTCTCCTCCATCATTCTTGAAAGCCTTGAATCTCAAATAA AGGTGTGCGAATTTTTCTGGAGATC[C/T]CATGGAGGCATTAAGGCAATGCAGAAGTGA TCAAAGCATCACTGTGGGAGGGAAATGCCTGTGGGATTTGTACCTGTGGGGTTCCAGA AGCATTCTTAGAGCCAGGGTCTCCTATTCTTCCACCAGCCTTGGTCCCAGGTTACT

fTO	LipY764_contig80:2 9674	GATAGATTATCAAGAACTAAACAAGGAAATAGTGGATTTAAATGAAAAATTAGACCAAGT GGACTTAATAGATATTAGAATAGTCCATCCCAAAACAGCAGAATACACACATTCTTCTCAA GTGCACTTGGACATTCTCAAGGATAGT[REF:C ALT:T]CATATGTTGGGAAGCAAGGCAAGC CCCAATGAATTA AAAAAGATTGAAATTGTATCAAGCATCTTTTCTGATCATAATGCTATGAC ATTAGAAATCAACCAGAAAAAAAAGCTGGGAAAGTCACAAATATGTGGAGAATAAACAAAC ATGC
fUJ	LipY764_contig99:2 0419	CCTCAGTCTGTCTGCAGCTCAATGACTTCCAATCTGTAATCCCTGGTTCCTCAAGATTCT GCAAGGGAAGGAATGGGAGACCTTGAGCCCTTCAATGACCAGCCACCCAAAAGATAGTT GTCCTTTTCTCTTGGGGTGTCTTTGTG[T/C]CTCTTCCCTCATGTCCCTCTCCTCCATGC AGTTCTAAAATGTCAGTGTCCCTAGAATTCTGCCTGAAGCCCAGCAATGACTCTCCCCATA ATTTTAACCACCTTCTCTGTGGTAATCTCTGAGAAATGAAGGGAGACCCCAAGGACCA
fUS	LipY764_contig107: 18904	GAAGGTGTCACCTTTATCTGAGATGCACCCAGAGGCTACCAGCTAGATATCATTTCACCAA AGGACTGAGCACTTTTCTTCTGGTGATTTAAGTTGCTGTCTGAGGTGGGGGAATTTGTG TGTGGGACTTTAAGAGACAGATTTTTT[T C]TTTGGCTTATGTCCAATATCTTTTCTGGGGC TATTCCTCATTGCAGTTAACAGCCATCAAAGCCAGATACTATGAGACTTATCTCACTTGTAC TGAATCTGAAGTATGCTTATAATGAGAATGCACCTCTGTTCCACATCCCTTCTCCTCAA
fUZ	LipY764_contig117: 3091	AATAGGACCATTGGAATCAAGGAGCAGGGTACCTGGGTTAAGGTAATGACAGTGTTTTA AAGAAATCTGAGGGGAATCTAGCAGCATAACTTGACATTACCGTATCCTTTTCTTGGGTAG CCAGAGATGTCTTTAGTCTCTAGTAGG[C/T]TAGACACTTGACGAGGGGGTCCACATCAT CATAGTTTGGCCATAGTCAGTTGTTCTGCTTTTGTGATTAATAGGCAGGTGGCAGCTACA GCTCTCAAGCATGGAGGCCATCCTTTCTCCATGGTGTCTAGCTTACCCTATTCAAACGGAT
fVK	LipY764_contig142: 11412	AGCAAATGGGGCAAATTTAACATGTCCTGAATCTGGGAAAATGTTTACAGCCAATTTTGT ATTATATTTAGACATTTTCTGTGTGCTTGAAAACATATTA AAAAAGTGACAAAAATACA CAAGAATTTGGGATAAATGAAAAAT[A/G]ACTCTAAATAATTGTTTATCTTTATGTAACCAAT GTGTTGTTTTGAGTTCATCCTGACTAAATTTCTTGATGAATTGAGTTAGTGGTGGACCTT GCTTTCTGATAGATTTGTGCTGTCTGTTAGGCTGTATGATAGACAAAAGTCACT
fWA	LipY764_contig169: 5976	AAAAATATTTCTCTAAAGTCAACACAAACACACACACATTTAAGAAGAGAGAACAAGCACA GTTATTTGGGAGTCTTCCAAAACAAATATTTTACTTTTCGGCTATTAACAATATTGTCAATTGT TAAGCCTCATTTTGATCAAGAGATG[G A]TTAATGAGATTTTATCCTTGCTCTATTTGCTGC ATTATATTTCTTAGATGTGGGATTTAAAAATGCCGTGAGACAGGGAACCAATTTGTGGA TAATCTAAAAATACAGTAGCAAAATTTAAGCAAATGCTGTCTTCTAATATCTTC
fWB	LipY764_contig169: 6045	GGAGTCTTCCAAAACAAATATTTTACTTTTCGGCTATTAACAATATTGTCAATTGTTAAGCCT CATTTTGATCAAGAGATGGTTAATGAGTATTTTATCCTTGCTCTATTTGCTGCATTATATTCT TCTAGATGTGGGATTTAAAAATGC[C/T]GTGAGACAGGGAACCAATTTGTGGATAATCTTA AAATATACAGTAGCAAAATTTAAGCAAATGCTGTCTTCTAATATCTTCTAAAGATCCCCAAA TCATGGATGAACATATATTTTGTGTTGAGTTCAGATCACTGAAGTCAGAGCAATTTCAA

fWP	LipY764_contig192: 14225	TTGGGAAGAATGTTAGCACAGGACTAATCTTGCTCAACAAAAATAAATTGATTAGTTAATTA AATAAATACCAGTTACTAAATTCAAAGATATGATACTATTTCTGCACAATCAGTGCTCCAT TAATGCAGAGGGATTTATGAGTATG[C T]TTGTGTGCCCATATATTTTTTTTTAAAGATTGG CACCTGAGCTAACTGCTGCCAATTTATTTTTTTCTTTCTGCTTTTTCTCCCAAATTC CCCAGTACATAGTTGTATATTTAGCTGTGGTCTTCTAGTTAAGGCATGTGG
fWU	LipY764_contig198: 17295	TGGCACTGACTTTCAGTATGCAGTACTGCCATAAACCTTCAGTTAGTACAAAATGCACAT CTGGGAAATGCAATAAAGCAAAGTGAATAAATGATGATGCCTGTATCTGATAAGGGGT TAATATCTAAAACATAAAAAGAAGTCA[T/A]ACAACCTAATAGGAAAACCCAAAATCTGATAA AAAATGGGTGGAAGACCTGAAGAGACATTTCCCAAAGAAGATGGCCATATAGATGAAT GGTTCATACAGATAACCAGCAAGGACATGAAAAGGTGATCAACATTATTAGTCATCAAG
fWY	LipY764_contig205: 13658	AATACGGATAACTTAAAATTTACCATCTTACTTATTTTTAAGTGTTTAGCAGTAGTGATTCA CATTATTGCACAATACTCTACATCTTTCTTCTTATAAACTGAACTCTACACTCATGA AACAAGTTCCAATTTCTCTCTCC[G/A]CCCAGCTGCTGGCAAGCACCGTTAACCAGTTTTGT TTTGTGGTGAGGAAGATTGGCCCTGAGCTAACATCTGCTGCCAATCTTCTCTTTTTGC TTTAGGAAGATTGTGACTGAGCTAACATCTGTGCCTGTATTCTTCAATTTGACG
fXA	LipY764_contig207: 4276	ACATCTGCTTTCCCATCTTCCACCCAGTGTATGAAGGGTAATGGGTCCCTCTTACCTCT ATCAGTTCTCAGTAGGACACAGATTAAGACCCAAAACACAAAATAGTTTCCTCTAGTTAC TAATTACATTGAAAGCATAGCTGCCT[C T]ACTGTTTTATCCCATTCAAAATCTCTTCCGAA AATATTCATTGCATTCAAAGACATTGTGTTTCATAGTTAAAACAACCTGAACTCCCAA AAGAATGCAGAAAAGAAACCCAGAAAATTAGAGAACAGGAAGATATTCTGTAGTA
fXI	LipY764_contig222: 6314	AACATGGATGGACCTCAAGAGCATTTTGCTAAGTAAGATAAATCAGACAGAGAAAGGCCAAA TACCATATGGTCTCACTTATATGTGGAATCTAAAAAAGATGTGGAGAACTTATGG GTGTTGGTCAGAGGAAGAGGATGGAGT[G T]TGGGTGAAATAAGTGAAGAGGGTCAAAG GTACAACTCCAGTTATAAATAAATGAGTCCCTGGGGATGCAAAGTACAGAATGGTGACT ATAGTTAATAATATGATTGCATGTTGAAAATTGCTAATAGAATAAACCTTAAAACCTTCT
fZC	LipY764_contig345: 3648	AAAACGCACAGTTGGGTTTTGTTTTGTGTACACTCTGACCACCTCTGTCTTTTAGTTGGTA TATTTAGACCATTAGATTAAAGTGATTATTGATATAGTTGGGTTAATATCTACCATAATTG TTTTCTACTTGTGGTGCCTATTTT[C G]GTTTGTCTATATCTTTACCTGTTTTTCTACCTTC TCGAGTTTTAATTGAGCATTTTATTGAATTCATTTCTCTCTTCTTCTTAGGATATCAATTAT ACTTCTTTAAATTTTTTTAAACACTTGCCTGAAATTTGCAATATACATTT
fZP	LipY764_contig393: 360	CCCCTCTCCTTGATGTGCTTGGGAAGCATTTATCACTTCTGAGGTTCTTCTTTCATGCATG TCTTTATTTTCTCATGCATTTTATGCTCAATGCCATAATGATGCACCTTCATCAGGACACAA GACTTGCCTAACCATACCATATTACA[C T]GTGCACCCCTAGAACAGATGCTGAAGTGGGA TAGTCCACACCTGCCTAGTGCTTAAATATAAGCTGAATGGCAGGAAGATAAGAGTTTAACA TGAGGCCCTGTAGCCTGAAAAATTCACAGGTAGAAAAACAACAGAAAACCTGCCCTTG
qBF	LipY764_contig31:1 1946	AGAATGCTTATACAGTCTACATCACTTATGGATGAGGATGCATTTTGATAAATTTATCGTT AAGCTATTTTGTCAATTTGCAAACACCATAGACTGTACTTATACAACCTAGATAGTATAGC CTACTATACACCTAGGCTATAAGGT[REF:A/ALT:G]CTAATCTTATGTGACCGCTATTATATA TGAGTCATTTCATTGACTGAAACATCATTATGTGGCACATGACTGCATGTATGTGAAGCCC CTGAGATGTAAGTTTGTCTTGTCACTGCATTATTACCTCTCCTAGTCTGACACAAAACAAAA

		A
qBI	LipY764_contig39:1 2593	CAGGTTTTGTGTGGACATAAGTTTTCAATTCCTTTGGGTAATACTGAGAAGTTCTATTCCT GGATTGCATGGTAAAGATATGTTATTTTTGTAAGAACTAGCAACGTGTCTTTCAAAGGA GCTGTACCATTTCACTTTCTACCAG[REF:C/ALT:T]AATGAATGAGGGTTTCTGTTGCCA TACCTCACAGGCCTTGATGTTGTCAGCTTTCTGGATTATAGCCATTCTAACAGGTGTGTA GTGCTATCAATTGCTTTTTACTTTGCATTTTCTAAAGACACATGATGTGGAGTATCTTTTC AT
qBO	LipY764_contig47:6 076	TCCTATTTGCACAATATTTAGGATCACCATGCTTTAAATTTTAGTTGTGTAGAACGTTTAAA GACATATCAATACTTTAAACAAGGGCATTTTTTACAAAAGCAAATTAATGAATAACAGAT ATTATAGTACTATTATTTGATAATA[REF:C/ALT:T]ATTAACAAAGTCTTTTCTGAAGCT TTTTAACATTACTGTGTTGCACACAGAACTGCTCTACTGAGTAAATAGAAGTTTCTAATCT GAATGGGAATCCCTAATCAAGTCTGAATCAAGGTATGGGTTGACTATGTCTACAACCAGA
qCU	LipY764_contig158: 20638	AGTGCTGACAGAAATATAGTTGCCAACCAAGAAAACACTATACCCAGCAAACTGTTATTCAA AAATGAAGTAGAAATTAAGACATTCTCAGACAAAACAGAAGCTGGGAGAAGTCTTACCCT AGAGCTGCTCTACAACAAATGTTAAAG[T/A]GGTGGCTTAAGTCAAACGAAAGAGTGCCAG ACAGCAGACAACACATGCATATAAAGCTCTCTGGTAAAGGTCAATGCATAAAGACAAATA TTGATTTCTGCAGTATTGTAACGTAGGGACATATACACTTTTTAATCTGTATAAAATTT
qDA	LipY764_contig268: 7015	AAGGCAGAAGTCAGGTGTGGGGAGGTCAAAGAAATGGAGATCAAAGGAATCCTGCAGCT GGCAGACCTTCTATTAATAATCCATAAAGCTTCACTGTGGAGATCCCCATACTCTCAGGTA ATCGCACAGGATTTAGTTTTTTGGCAGGT[C/T]JACACTATTGGGTAAATTTTGCCTTAAATG CAAATGTATGAATTTTCCCAAGTCTTTTATCAGTGTAGAGTATAATTTGTTGTTATTCCTG CTGAGTAGATTCTGACTACTAGCAACCCTCTGTATAGCAGAGTGAACCCTGCATGGTCT
qDR	LipY764_contig229: 14454	GAGAATGTGAAAGAATAATTAATAAAACATGCTCAGGGATCAAAAAAGTAGGGCAATGATA TTCAATGTTAGAGTTTTATCAATGTTGAAGAATCATCCAACCATGTGTATGATACTCATATTT TGATCCAGATAATGGGAGAAATCAT[G/T]AGTGCCAATAGGGCTCAACTCATAATATGTGTT TGAAAATTTTCCCATGCTATATTTTCAAAGACTTATCTAAAAGAAAGTCTATTTTGTGCCTT TGTTTTATGAAGATATCTTCTCAGAGGGGGGAAAACCAAACACTGGAGTAAAACAAAT
qDZ	LipY764_contig263: 10483	CTTACATATTTAAGATGTACAGCTGAACAGAAAAAGAAAAGAAGAGGAACACAACCTCAA AGTGCATGCAGACAGAAACAAACACACCTACCCAACAGCCAAGTAAACCAGGCATAGA GAAAATAGTGTTAGTAAAGAGAGATCTAG[C/-]CTTTCCCTTCCCTCCTCCGAAGAAGTATGTCAGAATGCTCAGCCTGATAAGAGCGTC TTTGTTTACCTCGGGGTAGCTGGCCACACCCGATAGTCTAACCATGCAAACAGAGTAGG GGCTTTGGGTCACTCAGTACCTTCTCCACC
qEF	LipY764_contig287: 8406	CTGTTCCCTGGTCTTCCCTTCTCTCTCTCCAGGTATTAATAATTCATATCTATCTCAAGAA TCCTGACCCAGAACATCACATGTGTTTCTTCTCCAATTAACATCACACTTCAGTAAAGAAC CCTTTGTAATCTATCTTTTATCA[C/T]AAGGGAGATGAGGCAAGAAATGAAAGCAGCACC TGATTCCAGGCCAAGCAAAAACCAACAAGGAAAACCACTGAAGCAACTGCTTGTAAAGCCA TCATTCCTACATGACACTTTCTTAGCAGCAGTGGATGATCTGGAATCTATTCTGATGA

qEM	LipY764_contig301:7367	CTTGCCTTTGAACCATGATCATTGTGGCTGTACTTGTTGCAAGTTGATGACCTTAAGAAAT CCCCTGGTAGCTGGCTGCATTCATCCTTCTGCTCACACTGGAGCCACAGCTCTTGGGACC AGCCTTTGGGTGGGGTGTGTGGCACAG[G/A]GGCAGCAAAGCACTGGAGGCAGGAAAGA GCCATAAGCAGAGGCAGGGGGCAAAGAGGAAATAGTGGCCACCAAGATTCTGGCAGAC AGAAAGCCCTCTACTGCAAGGAGGCATGACAAGTTAATGGGCATAATTCAGAGCAGAAGG AGAG
qEW	LipY764_contig351:2301	GATACATCTTCTGTAGAAAATGACTAGTCATGCTTCCCTGGCGCATACTTTTGCAAACCTAT TTGCCCTATTGGCCTCTCAGGGCTCTTTGCAAACCTTTTGTCTGTGATTTTTCTGTATAGT TCACAACAATGTAAGAGAAATGTTT[C]ATATATTTAAAAACAATTCAAATACTTTTTATTT CGTCCTTGAAGTGAAGTACTTCAGCAGTAATGCAACTCAACTCTGAGTGTCTAGATCAGTG CTTTTCAAATTTAGCTATTTTAAAAGCAGCTTGTTTAAATACAGCTTCTTGAGC
qFM	LipY764_contig539:1417	AAATGCTCCTTGACAAAAATGTATAACAAATTCATTTTGCATAGACTCAATGACTCACTAA AAATAGTACTTTCAAACCTGTAGATTCCTGACAAAGGCACATTTCTGGTAGCTCACACATTC AGTCAAAGGAGACATTTCTAAATAAT[REF:TAATGGAGC/ALT:-]AAACGATATCTTGAATCATCATTATTTAGAATGCACTAAGATAGTGTGCCTTGCAATGAAA ACACACTGATGAAGAAAATTTATTTTCCCTGCCTTTATGTGGTTTAAAAATAGATTGGAGGCA TGTTGTTAATTCAAGTAGA
qW	LipY764_contig22:1458	CTGTGTCCCAGAGCAGCCTGAGTTAGGTTTTTTATATTTAAAAACAATTAGTTTTGATT AACAGCTATACATCACTGCTCCTTTGCTGCCGGCTCAAAGGTGCAAAGGTTATAGTTGGC CTATTTGATGAGGAATCAACATGATCT[C/T]GTGTAATTCAGAGATGTCTCCTGTGCTGTG GGAGTGCTTCACAATCATAATTAATAGAAACAGGGACAGTGTCTCCTTTGATTTTTTCATAA AAACCATGTAGCGCACACTCCATATACATAGAGGAAAAATATCCTTTTGAATGTGATT
rA	LipY764_contig54:27348	ATACTTGAGAGCACATGTTGCAAAGCCAAGATGCAGGGCCTAAGTTGTTTCGAGAGAGCA AGATTACCTCCTGGGACAACCTAGAGCAGGACCCAGAGGTGCTGCCTTTGCAACAGAGCTA GGCTTCCATGAATGACTCTCGAGTTCTACA[T/T]TCACAGTTTGAGATTACTGTTTGAAGAG CACACTTCTGTTGGTTGCAGGCGTGAATAACAGTGATTGTATAAAGTGTAATCACTTAT TAGAAATCAGAGACAATCTATCTGTTGTTTCAGCCGGGTGGACACTGGACACCACAGTCA G
rAB	LipY764_contig323:7217	ATACATTTACCTTTACTTTTATGTAATTCATTTTATTGAAATTGGTTATTATAGCAATTGATT AAATATTCATCTGATCCTATAACTTTCATTGACTATTAECTCAGAAGTATCTCCTACAGAG ACATTCATGTAATACTTCTTACC[A/T]GACGATAATCCTCTCAGATTTTAACTAGAAACAA TCTGTACTAAGTACGCAAATGCCTGGACACTGCCTCTATTTTCAGTATAGATCCAGGCAGGT AAGTATTAATCCTTTCTGGTTCATTTTATAATTTTTTTTATAGATTTTCTCTTG
rAE	LipY764_contig198:10724	AGGCAGTCTAGGAGTGCCTTA[G/C]TGACAGCTGCAAGACTGGGGCCTCAGATGAGGGT ATAAGCCTGTGTGCCAAAGTGAGGCAGAGCGAGAATACAAAGATGGGAGAAGGAGTGCA ACTAGGCAGAAGGCTTTTATTTCTTGAGTGCACCTCCATAGGCCCTATATCTGCGC

rAF	LipY764_contig112:2021	TATATAACATATAATAAATTAATATAAATGAATCAAAAATTAATAAATATAAAGTACACATA TAAGTGTAGAGAGATTGATAGATAGTTTGACATGCATTTTCTGGAAGAACCTGTCATATGT GATAAGTAGATTTTCA[G A]GTGGGTCCATGGTATCTATATTTTTTTTCCACAATATCTATCTT TAATAGTCCACACAAACTACAATTTCACTTTCAAGTGAAGTGAAGAAGTATTAATGTTTCT GTGGTAACAATCATATTATAGTACTGACTGAAATATAATTAATTG
rAX	LipY764_contig359:7646	TTTTCAACCATCACTTAATTTATAGAGAAAATCTGTTTAAGAAAGATAGTGTACAGGAAAC AACACAACACCCAAATATTATCTCTGGCAAACAGTCTGTGATTAGTTGCCAGAATTATTGG AAAAAATAAATTGAAACCAAATCTT[C T]TGTAAGACGAAATCCTCTATGAAGACGG AACGAAATATCACCCTTTTATGGAGCCAAAAGGCACATTGCATTACATACATCCTTGCGAG GATAAAAATAACTAGTCGTCACTTAGAAGGAATTGACAGTACGGTTTGTCAAACATAGT
rB	LipY764_contig233:6238	AACCATGATGGTAAAAAATTTAGTAATATTACGTTTGAAGTTATGAGCAGTTTTGTGTTGA CATAAACCCTAATATGGAGATACCCAGAACAATAAATCATCTAGCATTTAATTCTTAAGAAA AACAATATATTAACAAATGGTAATT[C/G]TTATAAAAGTTTCTTCTGTATATGTACTTTGTGA TAGTGATGTCCTACACAGTAAAAATGATACATCCTATAAGATTTCTTTTCAGATCTCATTCAA TTGTTATTGATGTA AAAAGTGCTTGTTTAGCAAAAGATAAAGGTTAAATATTTA
rDS	LipY764_contig327:4566	AAAAGCAAACCCCTGCCTTCCCTTGAGCCTTTTTTGGCACAATGTAGGTTGCATTCTTTTTT GCAAGCTGCTTGTGTGCTCTGTGGCTTCTAGAAAGAGATGCCTGCAGAGGAAAAAAGTG CATAGTGATTTCTATTTCTCTGTCTGC[T A]TTTGCCTGTGTTTTTTTCTCTTCTGTCAA CCAGGAAGAGCCTCTCATGGAGAGAACATTAGAAGTGATACAACCTCTATTGGACAATCT ATTTTCAAACAGATTTGCTTGGAAAATCTATTTAACTTTGACATTGAGAATGATAT
rJ	LipY764_contig24:7498	AAAATAAGCAATGTTATAGCCCAATCTGTCTGAGACACACTCTTTTGTA AAAAAACAATAA AAATGCCACAGCAATGACAAACTGCTTCAAGTTTCTGAAGACTCTCATTTTCTTTATCTATC AAAGACTGGTAACAATTCAAGGACTA[G/C]TGGACAACATTCTGACTAGTTCTGTAACATTC CATAAAGCAGAGAACTGCATACATGAAACCTGATGCCAACACTGAAGAAGCCTGAATTT GGTTACATACCATTTTCTCAACATCAACCCAGTGTGCTCAAATATCTTTTACCACAC
rK	LipY764_contig235:12976	AAGCCAAATAACAGTTTGTCCAGTTTCTTTTATAGCTAGGTATAGACAGTGACCTAGCTCT CGTCAGGGAGGAAGAGGGAAAAGTGCTTGGGTAAGTATGGGAAAGAGACAGCACATATT ATGGGCTTGTGGAGATCTGAGCAGAGTACT[A/C]GGTAAAAGTGTGCTTAGACTCCTGACT TATAAAGGTGTTTATGAGATTATGCTGATGGCTGAAGGGGGCTAGCTTCTGAGGCCAAG TGGCCGTGGGTAGATAAATACAAAGCCATCTTCTGAGTTGTAAGAGGGGCGCAACAGTAC TTT
rL	LipY764_contig51:36097	CGTTTTGGAGAAGAGTAGGTGAAGAGGATCGACATTTTGAAGCACAGCTTTTGTGAGTCAAA GAAGTTCTCTTTGCTATCCAAAAAATTC AAAGCAACATTCCAAGGGAAAAGGGCTAAAG AAAATTAAGACAACCAATAGATACAGAAA[C G]ACAGCTAATGAGTTCATGAGAAAATATTA AAGCCAAACAAGCACAACAATGAGAAGATATTTTCCATTTCCACACATTATTTACTGAGCA TTTGCTACAACCTATCCATACTTCTATTAAGTATTGTTTCCCCCACTTAAAAAATG
rO	LipY764_contig10:3227	TTATTTTAAAGGTACCCATGGAGAAGGCAGCCTCCAGACGTTCACTCTCTTATGCAAGACC ATGAAGACAGTAGCTGGCTCATCATCTAACATAAATACAAATCTTGGGCCCTTATGTGATC CTAGAGCGCAATACAATTCAGACACTA[C/T]AAACAATAGCATCTATTATGATAAACTCCA

		CAAATAGGCACAGTGTCTCCTAGAAATGTTTACCTTCTGGAGATAACACATACTATTAATCA TTCTCCTCCAGATAAGACATATTATGCTACTAGAAAGTCAAATGCTTTCCCGCGGGGA
rOR	LipY764_contig62:7 40	AGGAACAAATCCTGAGACTCCCCATGTCTCTTCTGTAGTTGGGATATCAAATGGAAATT GCACACAATTTCCCTGAGAAGAAAAATGTTAGGACAGGGTCCATGTTTTATTTTTCCACATT GGATTGAACTACATAATCCTATCCTT[G/A]CTTTATAGTAGCATCTCAATAAATATTTGCTG AAGAAATGGAGGGATGGGTCGTGGTTCAGTAGTTAAGTAGGTAAGTGAATGGACAG GTGGATGGTAGATGAGTGACTAGAGGGAGAGGTGGTTGAATAATTCTGCAGAGTTTGG
rP	LipY764_contig46:1 0000	GTTAATGAAGTGTTCTGACCATTCTTTATGTATACGGCAGCTTCCCATAATCAAATTTAGCT CATAGGTTTTTCAGATCAGTCATCAAACTATTGTGTTCTATTGGTTTTAACATCGCCGC CTTTTTT[T/G]TTTGTGTTGTTTTGGGGATGTTTTTCTGTGCAAAAAGAAAGTGGTGTCTTA CATAGCTTGATGATAAATTTGTCCTGCTCGCAATTTATCGGTGAATGGAAAATCACAAATT TGAAGTTGCTCTAATTGAACCCTACATTGTTCAAGT
rQ	LipY764_contig245: 2330	TACATGAGATTACATAGCAAAGATTAGTCAAATGCTTTGCAGGATAAGTCCTTTACTCCTT AATCATCATTTAATTCTCAACTAGATTTTTGTTGTATTTCACTGAAAACTGAGAATAAT TCATTCTTATTGTTTTAGCACAGTT[T C]ATGCATCCATCCAGTCTGTGCAATGTATTCTTC CTTTCAAATTCCTTTGTGGAAGAGCTCTTCTCACTCAAGTTTGTGGTTCTCGACTAGGAGT GGTTGTATTTTCACTTAAGGACATTTGGCAATAGCTGGAGACATATTTAGTTG
rW	LipY764_contig79:1 3451	ATCCCAGAAGTGCAACTGAATAAGCATTGACTGGTATCTGAATTTCAAGAGTGCTCTCGTC AAGGCCACGTTTTGTATTTTCAAGAGTAATTTTTTAAAAAGAGAGAGAAGCAAAAAGAAAA TCAATACCGTCGGTTAATAAATGAAAT[G A]AAATAACAGTTCTTCAAGGAGGATTAATA TCTATTTTCTGTGTGATTCTTTTGAAGTGGTATGTATGTTGATGGGTATACATGCATTTTCA TTATTTATGTGTTAGTTAATTACTAACATATTAACAGTATAATATAGTGCTTCAA
rX	LipY764_contig296: 1984	ACATGCAATTTTCAACCTGCACTACCTGATCAACGAAATCAAATAAATTCGACATACC CATATTATTTCTATTTTTTTTTTTCTTTCTTGATGACACAAGCTTCTTGTACATTCGAGT CAGGGTCCATTAGAGTTTTATCTTT[G/T]CGTGTGGAATAAGATGACCAATGTGGTGATTTT TGTTCTGCATTTGTGAGAGTCCCCATAGTTATAAATAAATCATCTGATGAAGGTTTAAGAG CACTGGTAGTATTTTGCATCAGCCAAGGGAGTATGAGTCTTAGAAATGTTTTCC
rY	LipY764_contig2:26 649	AGACAAAATAGAAACAAGCACTCTGGAGGGTCTACCAGAAGTCTGGATATGGGACAAAA GTTCCATTCTTTCTGTTTTTCATCTAGGAGAAATATTGTCTCCATGACATTCTCCATAACC CCTCCTCTAGAACCACCTCTTGATACT[ACC/AC]ACCACAGTGGCAAGAAGAGGGGCTCT GAAGAGTGTGTGCCACTATTTTCTCATAGAGCTTTAATGTGGTTGACTTTGTGCTTGCTG GGGTGGGAACATCATAGTTGATTTCTAGATTTTCTCACGAAAGAACTGGCACATGTTTTG
sE	LipY764_contig398: 2471	GATAGTGTGGGTTGTATTATCAGGATCTACTATAGTACTTTCCGTAACCTATTTATTGAGGA TACTGATTTGTCAAGTTAGGTGACAAATAATGACTGAATACTCAAAGGCAGCATGATTATTA GCAATCTGTGCCTATGAAATGGTTT[G/C/T]TTGATAAGGAGGTTCTGAAACCTTTTGGTA TGTCAATATTCAGCTACCTGCTACTTTTTGAACACTTGCTTTTTCTTCAAAAATGGTTTCCA GAAAAACAAATCCTGTACACCCAAGGACTATGCTGGACAGGGAGTTAAATGT

sQD	LipY764_contig176: 4993	CTAATTTAAAAAGGAAAGGTAAATAGATTTCCCTAGACATTGTATGAGAAAAAGGGACAAA TAAAAGAGATATTTAATTCCATTCCAAGTGTGTTTCCTGATTCTTGCAAGACCTGCTGGGT GCCCCCTCCCCTGTATTCTTTGTGCACCA[T G]GCACATCCTTCCTCATGATTCATGGCAC ACTGTAAGTATTTGTCTGCAAATCTTTCTCCAGTACTAAACAGGAGACCAGAAATC ATGTCAGACCTATATGTGCATCCCCAGCACTTAGCAAACAAATTCACACATCATCGATAT
sQF	LipY764_contig4:24 776	TTCCCTCCTGTTTTCTGACGACTTCCCTTCAGGGCTCCCCTGGAGAGCAACTCCGCAAC CAACACAACGAGCCTAAAGAACCCGGATGTGAGTGAGCGCTGAGCCGAGAGGCAGTAG GGAATGAGGAAGTTGTAGAAAGTGGAGGAGG[G T]GTTAGCGGCGCAACTCGGCGGGAA AAGAGAGTCTGAAGAAAATTGAAGGACCAAAATGTGTTCTCTACTTCCTTTTTATTATACAC TTTGTCTAGTGCTTTAATGTAATTGAGATAAAGGAAAGCGGGTTTTTAGTATCAAATAGGCA CT

13.2. Ergebnisse

Probennummer	Typ	Haplotyp	Variant
BW-364	Berber	Am-aA	qBI_1
BW-365	Berber	Ao-aA3	qEW_1_NGS
BW-366	Berber	Ao-aA3	qEW_1
Y_PR_14_003	Berber	Am-a	qCU_A_1
Y_PR_14_005	Berber	Ao-aA1b*	rY_1
Y_PR_14_008	Berber	Ao-aA3	qEW_1
Y_PR_14_010	Berber	Ad-hA1*	fAAB_fWP_1
Y_PR_14_011	Berber	Ad-hA1*	fAAB_fWP_1_NGS
Y_PR_14_012	Berber	Am-aA	qBI_1
Y_PR_14_013	Berber	Ao-aD2	qW_T_1
Y_PR_14_014	Berber	Ad-hA1*	fAAB_fWP_1
Y_PR_14_015	Berber	Am-aA	qBI_1
Y_PR_14_016	Berber	Am-aA	qBI_1_NGS
Y_PR_14_017	Berber	Ad-bA2	qH_1
Y_PR_14_018	Berber	Am-a	qCU_A_1
Y_PR_14_019	Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_020	Berber	Ao-aD2	qW_T_1
Y_PR_14_021	Berber	Ao-aA*	fAAJ_fST_fVK_fXI_1
Y_PR_14_023	Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_025	Berber	T2*	fVZ_1
Y_PR_14_026	Berber	Ao-aD2	qW_T_1
Y_PR_14_028	Berber	Ad-hA1*	fAAB_fWP_1
Y_PR_14_030	Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_031	Berber	Am-a	qCU_A_1
Y_PR_14_034	Berber	Tb-oB1*	fBVB_208_1
Y_PR_14_035	Berber	Ad-hA1*	fAAB_fWP_1
Y_PR_14_056	Berber	Ao-aD2	qW_T_1
Y_PR_14_075	Berber	Am-aA	qBI_1
Y_PR_14_076	Berber	Am-aA	qBI_1
Y_PR_14_077	Berber	Am-aA	qBI_1
Y_PR_14_080	Berber	Tb-oB3b2a*	fTJ_1_NGS
Y_PR_14_081	Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_094	Berber	Am-aA	qBI_1
Y_PR_14_116	Berber	Am-aA	qBI_1
Y_PR_14_117	Berber	Ao-aA1b*	rY_1
Y_PR_14_118	Berber	Am-aA	qBI_1
Y_PR_14_119	Berber	Am-aA	qBI_1
Y_PR_14_120	Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_121	Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_122	Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_123	Berber	Am-aA	qBI_1
Y_PR_14_124	Berber	Tb-oB1*	fBVB_208_1

Y_PR_14_125	Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_126	Berber	Ao-aA1b*	rY_1
Y_PR_14_127	Berber	Tb-oB1*	fBVB_208_1
Y_PR_14_130	Berber	Ad-h*	rOR_1
Y_PR_14_133	Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_134	Berber	Tb-oB3b*	rK_1
Y_PR_14_139	Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_141	Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_143	Berber	Ao-aA1b*	rY_1
Y_PR_14_144	Berber	Tb-oB1*	fBVB_208_1
Y_PR_14_165	Berber	Ao-aA1b*	rY_1
Y_PR_14_167	Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_168	Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_170	Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_171	Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_172	Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_174	Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_175	Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_176	Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_177	Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_184	Berber	Ad-h*	rOR_1
Y_PR_14_200	Berber	Ad-hA*	rAE_C_1
Y_PR_14_204	Berber	Ad-h*	rOR_1
Y_PR_14_159	Berber	Hs-b*_fABP_0	fABO_1
Y_PR_14_166	Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_006	Araber-Berber	Hs-b*_fABP_0	fABO_1
Y_PR_14_007	Araber-Berber	Hs-b*_fABP_0	fABO_1
Y_PR_14_009	Araber-Berber	Hs-b*_fABP_0	fABO_1
Y_PR_14_022	Araber-Berber	Ao-nM1b	qEN_1_NGS
Y_PR_14_024	Araber-Berber	Ao-aD2	qW_T_1
Y_PR_14_029	Araber-Berber	Am-a	qCU_A_1
Y_PR_14_032	Araber-Berber	Tb-oB1*	fBVB_208_1
Y_PR_14_033	Araber-Berber	Ao-aA1b*	rY_1
Y_PR_14_037	Araber-Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_078	Araber-Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_079	Araber-Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_082	Araber-Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_106	Araber-Berber	Am-aA	qBI_1
Y_PR_14_107	Araber-Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_108	Araber-Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_109	Araber-Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_110	Araber-Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_111	Araber-Berber	Am-a*	qCU_A_1

Y_PR_14_112	Araber-Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_113	Araber-Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_114	Araber-Berber	Tb-oB*	fUJ_1
Y_PR_14_115	Araber-Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_147	Araber-Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_148	Araber-Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_151	Araber-Berber	Ao-aD2	qW_T_1
Y_PR_14_157	Araber-Berber	Tb-oB1*	fBVB_208_1
Y_PR_14_169	Araber-Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_173	Araber-Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_140	Araber-Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_136	Araber-Berber	Ao-aA1b*	rY_1
Y_PR_14_138	Araber-Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_142	Araber-Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_128	Araber-Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_129	Araber-Berber	Ao-aA*	fAAJ_fST_fVK_fXI_1
Y_PR_14_131	Araber-Berber	Ao-aA1b*	rY_1
Y_PR_14_132	Araber-Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_135	Araber-Berber	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_145	Araber-Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_137	Araber-Berber	Ao-aD2	qW_T_1
Y_PR_14_178	Pony von Mogod	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_179	Pony von Mogod	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_180	Pony von Mogod	Hs-bL*	fABP_1
Y_PR_14_181	Berber	Ao-aD2	qW_T_1
Y_PR_14_182	Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_183	Berber	Ao-aA1b*	rY_1
Y_PR_14_185	Berber	Ao-aD2	qW_T_1
Y_PR_14_186	Berber	Ao-aA1b*	rY_1
Y_PR_14_187	Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_188	Berber	Ao-aA1b*	rY_1
Y_PR_14_189	Berber	Ao-aA1b*	rY_1
Y_PR_14_190	Berber	Ao-aA1b*	rY_1
Y_PR_14_191	Berber	Ao-aA1b*	rY_1
Y_PR_14_192	Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_193	Berber	Hs-b*_fABP_0	fABO_1
Y_PR_14_194	Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_195	Berber	Ao-aA1b*	rY_1
Y_PR_14_196	Berber	Am-a*	qCU_A_1
Y_PR_14_197	Berber	Ao-aA1b*	rY_1
Y_PR_14_198	Berber	Ao-aA1b*	rY_1
Y_PR_14_199	Berber	Am-aA	qBI_1
Y_PR_14_201	Berber	Am-aA	qBI_1
Y_PR_14_202	Berber	Ao-aA1b*	rY_1

Y_PR_14_203	Berber	Ao-aD2	qW_T_1
-------------	--------	--------	--------