

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 ausgewählter russischer Pferderassen**

Diplomarbeit

Veterinärmedizinische Universität Wien

vorgelegt von

Judith Strele

Wien, im Dezember 2021

**Betreuerin:** Dr<sup>in</sup> med. vet. Priv.-Doz<sup>in</sup> Barbara Wallner

Institut für Tierzucht und Genetik, Abteilung Molekulare Genetik

Veterinärmedizinische Universität Wien,

Veterinärplatz 1, 1210 Wien

**Begutachterin:** Dipl. ECEIM Univ.-Prof<sup>in</sup> Dr<sup>in</sup> med. vet. Jessika-Maximiliane Cavalleri

Universitätsklinik für Pferde, Klinische Abteilung für Interne Medizin Pferde

Institutsleitung

Veterinärmedizinische Universität Wien,

Veterinärplatz 1, 1210 Wien

## **Danksagung**

Zuvörderst gebührt mein Dank Dr<sup>in</sup> med. vet. Priv.-Doz<sup>in</sup> Barbara Wallner und Mag. med. vet. Doris Rigler, die mich während des Entstehens meiner Arbeit stets motiviert und freundlich unterstützten. Durch sie habe ich viele spannende Aspekte der Forschungsarbeit kennen und schätzen gelernt.

Des Weiteren danke ich Liliya V. Kalinkova und den Pferdebesitzern, die die Basis meiner Arbeit schufen.

Ein Dankeschön geht auch an Matthias Gleissenberger, der mich bei mathematischen Fragen unterstützte.

Meine ganz besondere Dankbarkeit geht an meine Eltern, die meinen Werdegang erst ermöglichten und mich in jeder Lebenslage zuverlässig unterstützen.

# Inhalt

Inhalt.....	4
1. Einleitung.....	1
1.1. Russische Pferdezeit.....	1
1.1.1. Orlov Traber.....	2
1.1.2. Trakehner.....	4
1.1.3. Mesener Pferde.....	6
1.1.4. Yakuten.....	7
1.2. Eigenschaften des Y-Chromosoms.....	9
1.3. <i>Status quo</i> der molekulargenetischen Typisierung von Hengstlinien anhand Y-chromosomaler Marker.....	11
1.4. Fragestellung und Ziele dieser Arbeit.....	18
2. Material und Methoden.....	19
2.1. Material.....	19
2.1.1. Chemikalien und Reagenzien.....	19
2.1.2. Geräte und Werkzeuge.....	19
2.1.3. Materialien.....	20
2.1.4. Software und Programme.....	20
2.1.5. Proben.....	20
2.2. Methoden.....	22
2.2.1. DNA-Isolation mit nexttec.....	22
2.2.2. Prinzipien der KASP™-Technologie und Real-Time PCR.....	23
2.2.3. Durchführung der KASP™-Technologie und Realtime-PCR.....	24
2.2.4. Verwendete Marker.....	29
2.2.5. Pedigreeanalyse.....	34
2.2.6. Ermittlung der Haplotypendiversität.....	34
3. Ergebnisse.....	35

3.1.	Orlow Traber.....	37
3.2.	Trakehner .....	40
3.3.	Mesener Pferde .....	47
3.4.	Yakuten .....	49
3.5.	Haplotypendiversität .....	52
4.	Diskussion .....	54
4.1.	Neue Einblicke in die Haplotypenverteilung vier ausgewählter russischer Pferderassen.....	54
4.1.1.	Orlow Traber.....	54
4.1.2.	Trakehner .....	55
4.1.3.	Mesener Pferde .....	59
4.1.4.	Yakuten .....	60
4.2.	Erkenntnisse zu den Potenzialen und Limitierungen der Haplotypenanalysen basierend auf der KASP™-Technologie und Betrachtungen anhand der in Abschnitt 1.4 vorgestellten Szenarien .....	61
4.2.1.	Allgemeine Betrachtungen und Vergleich mit NGS .....	61
4.2.2.	Szenario 1: Durchgezüchtete Rasse mit einem einzigen Gründerhengst.....	61
4.2.3.	Szenario 2: Durchgezüchtete Rasse mit langer, bewegter Geschichte .....	62
4.2.4.	Szenario 3: Lokale Landrassen ohne forcierte Zuchtgeschichte.....	62
4.3.	Resümee und Ausblick .....	63
5.	Zusammenfassung .....	64
6.	Summary .....	65
7.	Abkürzungsverzeichnis .....	66
8.	Literaturverzeichnis.....	67
9.	Abbildungsverzeichnis .....	71
10.	Tabellenverzeichnis.....	73
11.	Anhang.....	74

11.1.	Sequenzen der Y-chromosomalen SNPs .....	74
11.2.	Haplotypenermittlung.....	88

# 1. Einleitung

## 1.1. Russische Pferdezucht

Etwa 5500 Jahre ist es her, als die ersten domestizierten Pferde das Leben zentralasiatischer Kulturen revolutionierten (Outram *et al.* 2009). Bald erkannten auch andere Völker die unvergleichlichen Vorteile, die das Pferd in Sachen Krieg, Transport, Kommunikation und Nahrungsproduktion mit sich brachte. So etablierte sich die Pferdehaltung und -zucht in der Alten Welt und später mit den großen Entdeckern auch in der Neuen Welt.

Aufgrund der geographischen Lage ist Russland seit jeher ein Schmelztiegel verschiedenster Einflüsse aus Europa und dem asiatischen Raum. Diese Vielfalt spiegelt sich auch hinsichtlich der Pferderassen und deren Nutzung wider. So existieren heute uralte autochthone Rassen, wie die Pferde der indigenen Yakuten, neben jüngeren Rassen wie dem Mesener Pferd oder dem Orlov Traber und modernen Sportpferden wie dem russischen Trakehner. Nach wie vor werden Pferde in Russland für die Produktion von Milch und Fleisch, aber auch als landwirtschaftliche Zug- und Lasttiere, sowie als Freizeit- und Sportpartner verwendet. (Koveshnikov *et al.* 2019)

### 1.1.1. Orlow Traber



Abbildung 1 Orlow Traber Kulon (1985, Gestüt Chrenowskoi). Copyright: Liliya V. Kalinkova.

Im Russland am Ende des 18. Jahrhunderts stieg der Bedarf an edlen, aber vor allem harten und ausdauernden Kutschpferden. Nachdem er als Günstling von Kaiserin Katharina II. Ländereien übereignet bekam, nahm sich Graf A. G. Orlow dieser Aufgabe an und erschuf im Gestüt Chrenowskoi den Orlow Traber (International Museum of the Horse o.J.).

Der Grundgedanke war, arabische Pferde mit leichten Pferden dänischen, niederländischen und mecklenburgischen Blutes zu kreuzen.

Smetanka (~1772), ein arabischer Hengst türkischer Herkunft, hinterließ vier männliche Nachkommen, wovon Polkan I (1778, Gestüt Chrenowskoi) für die Zucht der Orlow Traber weiterverwendet wurde. Dessen Sohn Bars I (1784, Gestüt Chrenowskoi) erfüllte bereits vollkommen Graf Orlows Ansprüche an die neue Pferderasse und durch gründlich geplante Inzucht und strenge Selektion wurden jene Eigenschaften verfestigt. (Gestüt Chrenowskoi 2016)

Das Ergebnis waren mittelgroße Kutschpferde mit einem funktionalen Körperbau und eleganter Erscheinung. Als Erbe des arabischen Ursprungs sind Schimmel sehr häufig. Der

einflussreiche Zuchthengst Kulon (1985, Gestüt Chrenowskoi) stellt in Abb. 1 ein typvolles Beispiel für einen Angehörigen seiner Rasse dar.

Lange Zeit wurde der Orlov Traber für seine ursprünglich zugeordnete Aufgabe als Kutschpferd der Adligen verwendet, die in ihrer Freizeit auch Trabrennen mit diesen Pferden veranstalteten. Der Orlov Traber, der von manchen als Russlands berühmteste Pferderasse angesehen wird, gilt als am besten geeignet für die traditionelle Anspannungsweise der Troika (Russipedia o.J.).

Seit die Motorisierung den Transport mit Pferden verdrängte, wird ein Großteil der Orlov Traber im Trabrennsport eingesetzt. Doch Vertreter dieser vielseitigen Rasse siegten auch in Dressur-, Spring-, Vielseitigkeits- und Fahrbewerben, bei Distanzritten und anderen Wettkämpfen. (Moscow Stud Farm No 1 2019)

Zurzeit sind etwa 1900 Zuchtstuten russlandweit im Einsatz. Bedeutende Gestüte wären beispielsweise das Ursprungsgestüt Chrenowskoi und die Moscow horse stud farm No. 1. (Information aus persönlicher Kommunikation mit Lilia V. Kalinkova, 2020)

### 1.1.2. Trakehner



Abbildung 2 Trakehner Obolensky (2005, Traken Rossiya horse stud farm). Copyright: Liliya V. Kalinkova.

Diese Rasse besitzt mehrere Bezeichnungen, wovon „Trakehner“ die am weitesten verbreitete und anerkannteste ist. Nach manchen Ansichten ist „Ostpreußisches Warmblut Trakehner Abstammung“ oder kurz „Ostpreuße“ exakter. Dies geht darauf zurück, dass früher ausschließlich jene Pferde als Trakehner bezeichnet wurden, die im damaligen Hauptgestüt Trakehnen gezüchtet wurden. (Schulte 1998)

Eine detaillierte Darstellung der langen und bewegten Geschichte der Pferde Trakehners würde den Rahmen dieser Arbeit sprengen, daher werden lediglich für die Fragestellung essentielle Aspekte behandelt.

Die jahrhundertelange Zucht der Trakehner hat ihre Wurzeln in den Schweiken. Dies waren kleine, dem Konik ähnliche Pferde, die im Ostpreußen (heutige Oblast Kaliningrad) des 14. Jahrhunderts verbreitet waren. Um diese Pferde für den militärischen Gebrauch zu verbessern, wurde dem damaligen Geschmack entsprechend zunächst orientalisches Blut eingekreuzt. Nach der Gründung des Hauptgestüts Trakehnen am 1. September 1732 waren

im 18. Jahrhundert persische, türkische, englische und andere Hengste im Deckeinsatz. Ab dem 19. Jahrhundert verwendete man zur Veredelung der Rasse arabisches Vollblut, Angloaraber und vor allem englisches Vollblut.

Strenge Selektion durch Leistungsprüfungen und eine sorgfältig ausgeführte Zucht, die gut überlegte Inzucht einschloss, prägten die Entstehung des Trakehners. Ein Großteil der Nachzucht wurde als Militärpferde verwendet, doch war auch der Einsatz als Kutschpferde oder in der Landwirtschaft nicht unüblich.

Im Zuge des zweiten Weltkrieges mussten 1944 die Gebiete um das Hauptgestüt evakuiert werden. Die Verluste waren groß und viele Pferde wurden als Kriegsbeute in die damalige UdSSR verbracht.

Auf dieser Population und auf Zuchttieren, die vor und nach dem zweiten Weltkrieg nach Russland verkauft wurden, basiert die russische Trakehnerzucht. (Schulte 1998)

Die einflussreichsten Hengstlinien beim russischen Trakehner lassen sich in den Pedigrees bis zu Darley Arabian (~1700), einem der Begründer des englischen Vollbluts, zurückverfolgen. Weniger vertreten sind Hengstlinien mit Koheilan Adjuze (1876) als Stammhengst.

Heute sind Trakehner weltweit äußerst gefragte Pferde für den Sport. In vielen Disziplinen bringen Vertreter dieser Rasse herausragende Leistungen. Neben seinen ausgezeichneten Eigenschaften als Reitpferd glänzt der Trakehner mit einer vornehmen, harmonischen Erscheinung, die ihn als Warmblutpferd mit hohem Vollblutanteil auszeichnet. Der im Dressursport erfolgreiche Hengst Obolensky (s. Abb. 2) präsentiert das ästhetische Erscheinungsbild dieser Rasse. Der Bestand eingetragener russischer Trakehner-Zuchtstuten beträgt 440 Tiere, die sich auf viele private Züchter und einige größere Gestüte aufteilen. Traken Rossiya horse stud farm, Moscow horse stud farm No 1 und Ryazan (Opytny VNIK) horse stud sind Beispiele für größere Zuchtanstalten. (Information aus persönlicher Kommunikation mit Lilia V. Kalinkova, 2020)

### 1.1.3. Mesener Pferde



Abbildung 3 (20.03.2019) Mesener Pferd Chook (1997). Copyright: Russian Horse Breeds  
<https://russianhorses.tumblr.com/post/183581629578/mezen-horse-stallion-chook>.

Namensgebend für diese im Kaltbluttyp stehende Pferderasse ist der Fluss Mesen in der Oblast Archangelsk, dessen Umland die Ursprungsgegend dieser Tiere ist. Es ist nicht abschließend geklärt, wann und durch wen die Mesener Pferde erstmals gezüchtet wurden. Das Ende des 17. und das 18. Jahrhundert kommt als Entstehungszeitraum in Frage (Harrassowitz-Verlag 1994).

Als gesichert gilt jedoch, dass estnische, dänische, Holsteiner, Mecklenburger und finnische Pferde neben verschiedenen Trabern mit der lokalen Pferdepopulation vermischt wurden. Bis vor etwa fünfzig Jahren wurde die Rasse rein gezüchtet, danach wurden Ardenner Kaltblüter eingekreuzt. Es gibt einen leichten Typus mit kürzerem Körper und einen weniger eleganten, schweren Typ, der durch eine breite, massive Erscheinung ausgezeichnet wird.

Bei der züchterischen Selektion wurde auf eine Eignung als widerstandsfähiges Arbeitstier für die Land- und Forstwirtschaft geachtet. (Hendricks 2007) Das Mesener Pferd in Abb. 3 weist neben dem unverkennbaren Kaltbluteinfluss einige Merkmale primitiver Pferderassen auf.

Seit der Modernisierung der Landwirtschaft sind die Mesener Pferde sehr selten geworden und es gibt starke Bestrebungen, die Rasse am Leben zu erhalten. 170 Stuten werden für die Zucht verwendet (Information aus persönlicher Kommunikation mit Lilia V. Kalinkova, 2020).

#### 1.1.4. Yakuten



Abbildung 4 Eine Herde von Yakuten in ihrer natürlichen, winterlichen Umgebung. Copyright: Mikhail Cheremkin <https://www.bitmagazine.nl/rassen/alles-over-de-jakoet-uit-jakoetie/97389/>.

Ihren Namen teilen sich die Yakuten mit einer sibirischen Urbevölkerung, die heute noch in ihrem angestammten Gebiet, der ostrussischen Republik Sacha, leben. Die Ansicht, nach der die Pferde dieser Volksgruppe von autochthonen Wildpferden der Region abstammen, konnte in einer Arbeit aus dem Jahr 2015 von Librado *et al.* widerlegt werden. Darin wurde bewiesen,

dass bereits domestizierte Pferde vom mongolischen Typ mit der Einwanderung der Yakuten ins nordöstliche Sibirien gelangten und sich innerhalb kürzester Zeit an die extremen Lebensbedingungen anpassten (Librado *et al.* 2015). Jene yakutischen Reiter sind vor dem 15. Jahrhundert aus dem Cis-Baikal Gebiet nach Norden gewandert (Crubézy *et al.* 2010).

Yakuten sind größer und massiver als vergleichbare Rassen mongolischen Typs, ähneln diesen aber in ihrem urtümlichen Körperbau. Durch natürliche und menschliche Selektion haben sich drei Typen entwickelt: Der wertvolle originale Nordtyp und der kleinere südliche Typ sind rein geblieben, während im größeren und häufigeren Südtypen moderne Rassen wie Traber und Kaltblüter eingekreuzt wurden. Typisch für die Rasse ist das ungewöhnlich dichte und lange Winterfell, das die Pferde vor der extremen Witterung schützt. (Dmitriev und Ernst 1989) Man beachte das dichte, lange Winterfell und das ebenso geartete Langhaar der in Abb. 4 fotografierten Rassevertreter.

Gegenwärtig werden in Russland etwa 180 000 Yakuten zur Fleischgewinnung gehalten (Information aus persönlicher Kommunikation mit Lilia V. Kalinkova, 2020). Daneben dienen diese Pferde als Reitpferde und als Arbeitstiere in der Landwirtschaft.

## 1.2. Eigenschaften des Y-Chromosoms

Aus Autosomen entwickelte sich bei Säugetieren ein Gonosomenpaar, welches die Geschlechtsausprägung beeinflusst. Liegen zwei X-Chromosomen vor, so ist das Tier weiblich. Das männliche Geschlecht entsteht durch das Vorhandensein sowohl eines X- als auch eines Y-Chromosoms.

Während das X-Chromosom in der Größe und in der Anzahl der Gene den Autosomen ähnelt, hat beim Y-Chromosom eine drastische Reduktion dieser Merkmale stattgefunden. Die meisten der wenigen Gene am Y-Chromosom sind für die Ausbildung der Charakteristiken eines männlichen Organismus sowie für die Spermio-genese verantwortlich. (Spektrum der Wissenschaft Verlagsgesellschaft m.b.H. o.J.)

Die Größe des Y-Chromosoms des Hauspferdes beträgt zwischen 45 und 50 Megabasen (Mb), wobei die euchromatische Region, die im distalen Drittel des langen Armes liegt, davon etwa 15 Mb ausmacht. Terminal davon ist die pseudoautosomale Region (PAR) angeschlossen. Hier findet während der Meiose die Paarung der beiden Geschlechtschromosomen und obligates Crossing Over statt, das zur Rekombination führt. Die restlichen Anteile des Chromosoms sind hauptsächlich heterochromatisch. (Raudsepp *et al.* 2004)

Während in der PAR funktionell gleiche Gene vorhanden sind, haben das X- und Y-Chromosom die Homologie zueinander ansonsten weitgehend verloren (Arnemann 2019).

Sieht man von spontanen Mutationen ab, werden die Bereiche außerhalb der PAR unverändert vom Vater an den Sohn vererbt. Diese Anteile des Y-Chromosoms werden aufgrund der fehlenden Rekombination als non-recombining region of the Y chromosome (NRY) bezeichnet.

Analog dazu erfolgt auch die Vererbung der vollständig nicht rekombinanten mitochondrialen DNA (mtDNA) in einer Vererbungslinie. Mütter geben diese Information an ihren Nachwuchs weiter (Jobling und Tyler-Smith 1995).

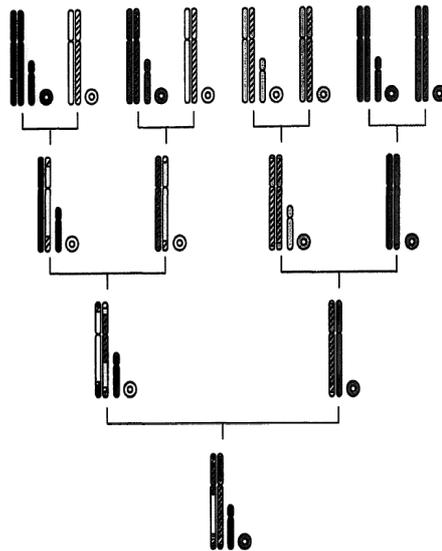


Abbildung 5 Vererbung Y-chromosomaler, mitochondrialer und autosomaler DNA. Entnommen aus (Jobling und Tyler-Smith 1995).

Während bei den Autosomen (großes Chromosomenpaar) in jeder Generation Rekombination stattfindet, passiert das bei der mtDNA (Kreise) und der nicht-rekombinierenden Region des Y-Chromosoms (kleines Chromosom) nicht. Folglich kann die autosomale Erbinformation eines Individuums (unten) auf mehrere Vorfahren (oben) zurückgeführt werden, die mtDNA und die NRY hingegen wurden nur von jeweils einem Ahnen vererbt.

Mit jeder Generation sammeln sich spontane Mutationen am Y-Chromosom an, welche in Form von Einzelnukleotid-Polymorphismen sogenannte Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs), kurze Insertionen und Deletionen (InDels) als y-chromosomale Marker zur Charakterisierung paternaler Genealogien dienen können. (Jobling und Tyler-Smith 1995)

Die Allele mehrerer Marker setzen sich am Y-Chromosom zu einer im Block vererbten Sequenz zusammen – einem sogenannten Haplotyp. Folglich ist es möglich, über die Bestimmung der Marker in der NRY auf Haplotypen zu schließen und damit Verwandtschaftsverhältnisse zu rekonstruieren. (Arneemann 2019)

Hat man eine Reihe verschiedener Haplotypen ermittelt, lässt sich mit dieser Information eine Phylogenie ableiten, die eine Interpretation im Zusammenhang mit der verwandtschaftlichen Entwicklung einer Population gestattet (Jobling und Tyler-Smith 1995). Molekulargenetisch verwandte Haplotypen werden in Haplogruppen assoziiert.

### **1.3. Status quo der molekulargenetischen Typisierung von Hengstlinien anhand Y-chromosomaler Marker**

In der Forschung zu menschlichen Populationen und deren Verwandtschaftsverhältnissen bedient man sich der dort schon fest etablierten Untersuchung Y-chromosomaler und mitochondrialer DNA-Polymorphismen (Underhill und Kivisild 2007).

Die Erforschung geeigneter Marker für die Erstellung paternaler Genealogien bei Pferden wurde durch die ungewöhnlich geringe Sequenzdiversität der untersuchten Y-Chromosomen verzögert (Wallner *et al.* 2004). Der Durchbruch erfolgte im Jahr 2013, als Wallner *et al.* mittels Next Generation Sequencing (NGS) erstmals zwei Haplotypen von Przewalski-Pferden und sechs Haplotypen von domestizierten Pferden verschiedener Rassen nachwiesen (Wallner *et al.* 2013).

Auf diesen Erkenntnissen bauend führte man die Forschungsarbeit in einer Publikation aus 2017 fort. Hierfür wurde die DNA von 52 Hengsten 21 verschiedener Rassen, eines Esels und eines Przewalski-Pferdes bearbeitet. Mithilfe von NGS wurden die DNA-Sequenz der nicht-rekombinierende Region des Y-Chromosoms über eine Gesamtlänge von 1,3 Millionen Basen zwischen den untersuchten Individuen verglichen, um Informationen über die Basenvariationen zu ermitteln. So war es möglich, bei Hauspferden 53 neue Varianten zu detektieren, die mit den zuvor entdeckten Varianten insgesamt 24 Haplotypen bildeten. Esel und Przewalski-Pferd stellten mit ihren Haplotypen in der Struktur Außengruppen dar. Zusätzlich wurde gezeigt, dass die meisten der modernen, hochgezüchteten Pferderassen von einigen wenigen orientalischen Hengsten abstammen. Die Haplotypen ihrer Nachkommen werden in der sogenannten „Krongruppe“ zusammengefasst. Die ausgesprochen deutliche Prävalenz dieser Krongruppe weist auf eine weit verbreitete Zucht mit wenigen aus dem Orient importierten Hengsten hin, die die autochthonen europäischen Haplotypen verdrängten. Wenige nordeuropäische Robustrassen, die von diesen Einflüssen weitgehend isoliert blieben, besitzen Haplotypen abseits der Krongruppe. (Wallner *et al.* 2017)

Felkel *et al.* analysierten in einer Arbeit aus 2018 weitere 52 Proben von fünf europäischen, zwei amerikanischen und sieben asiatischen Rassen. Während für die amerikanischen und europäischen Rassen bereits bekannte Haplotypen innerhalb der Krongruppe ermittelt werden konnten, wurden für die asiatischen Rassen insgesamt acht neue Haplotypen bestimmt. Drei davon befinden sich ebenfalls in der Krongruppe, die anderen außerhalb davon. Anders als bei der Krongruppen-Population blieben viele entfernt verwandte Hengstlinien dieser asiatischen Rassen bis in die Gegenwart erhalten. (Felkel *et al.* 2018)

In einer weiteren Publikation legte man den Fokus besonders auf chinesische Pferde mongolischer Abstammung. Drei von fünf Populationen wiesen starke Einflüsse von Hengsten aus der Krongruppe auf, wohingegen die anderen zwei Populationen davon relativ unberührt waren. Die ermittelten Haplotypen einiger Individuen jener beiden Gruppen zeigen eine Verwandtschaft zu arabischen Pferden auf. (Han *et al.* 2019)

Eine umfangreiche Analyse von Felkel *et al.* 2019, basierend auf einer erweiterten Referenzsequenz von 5,8 Millionen Basenpaaren und auf 130 Individuen verschiedener hochgezüchteter und ländlicher Pferderassen aus aller Welt, konnte der Haplotypenphylogenie zahlreiche Details hinzufügen (Felkel *et al.* 2019). Alleine in der auf ein Alter von etwa 1000 bis 2000 Jahren datierten Krongruppe wurden insgesamt 58 verschiedene Haplotypen festgestellt, die sich in verschiedene Haplogruppen versammeln lassen: Ast H, Ast A und Ast T.

Die Haplogruppe H teilt sich in zwei weitere Äste, Haplogruppe Hc mit einem Chakouyi-Pferd und Haplogruppe Hs mit Sorraias, Lipizzanern und nordafrikanischen Berberpferden.

Die höchste Haplotypenvielfalt auf Ast A besitzt die Haplogruppe Ao, in der sich arabische Pferde, Noriker, Marwaripferde neben Dülmenern und Trakehnern finden. Verschiedene Kaltblutpferderassen sind gemeinsam mit Connemara Ponys in der Haplogruppe Ad anzutreffen und Mangalarga Marchadors besetzen mit der Haplogruppe Am einen eigenen Zweig.

Der Großteil der bisher untersuchten Individuen fällt jedoch in die Haplogruppe T, worin einige der klassischen Veredlerrassen inklusive der drei Gründerväter des englischen Vollbluts zu finden sind. Mittels Pedigreeabgleich konnte festgestellt werden, dass die Haplogruppe Tb-d alleine Darley Arabian (~1700) und seinen Nachfahren zuzuschreiben ist, wo beispielsweise

der Hengst Whalebone (1807, Euston Hall Stud) zu Tb-dW1 oder Bacchus (1861) zu Tb-dW2 beigetragen hat. Für Nachkommen Byerly Turks (1679) hingegen ist die Haplogruppe Tb-oB1, für jene des Godolphin Barb (~1724) die Haplogruppe Tb-oB3b bestimmt worden. Diese Verhältnisse sind in Abb. 6, entnommen aus Felkel *et al.* 2019, aufgeschlüsselt. Weiters sind noch Araber, Freiburger, Achal Tekkiner und Morgan Horses in den vielfältigen Verzweigungen des T-Astes zu finden. (Felkel et al. 2019)

Wie in Abb. 6 dargestellt, konnte durch den Vergleich der Untersuchungsergebnisse mit den Pedigrees eine jahrhundertalte Debatte um die Abstammung des Hengstes Galopin (1872, Lincolnshire) aufgeklärt werden. Als angebliche Nachfahren des Eclipse (1764, Cranborne Lodge Stud) hätten Galopins Abkömmlinge der Haplogruppe Tb-d angehören müssen, tatsächlich aber sind sie in der Haplogruppe Tb-oB1 zu finden, die Byerly Turk begründete.

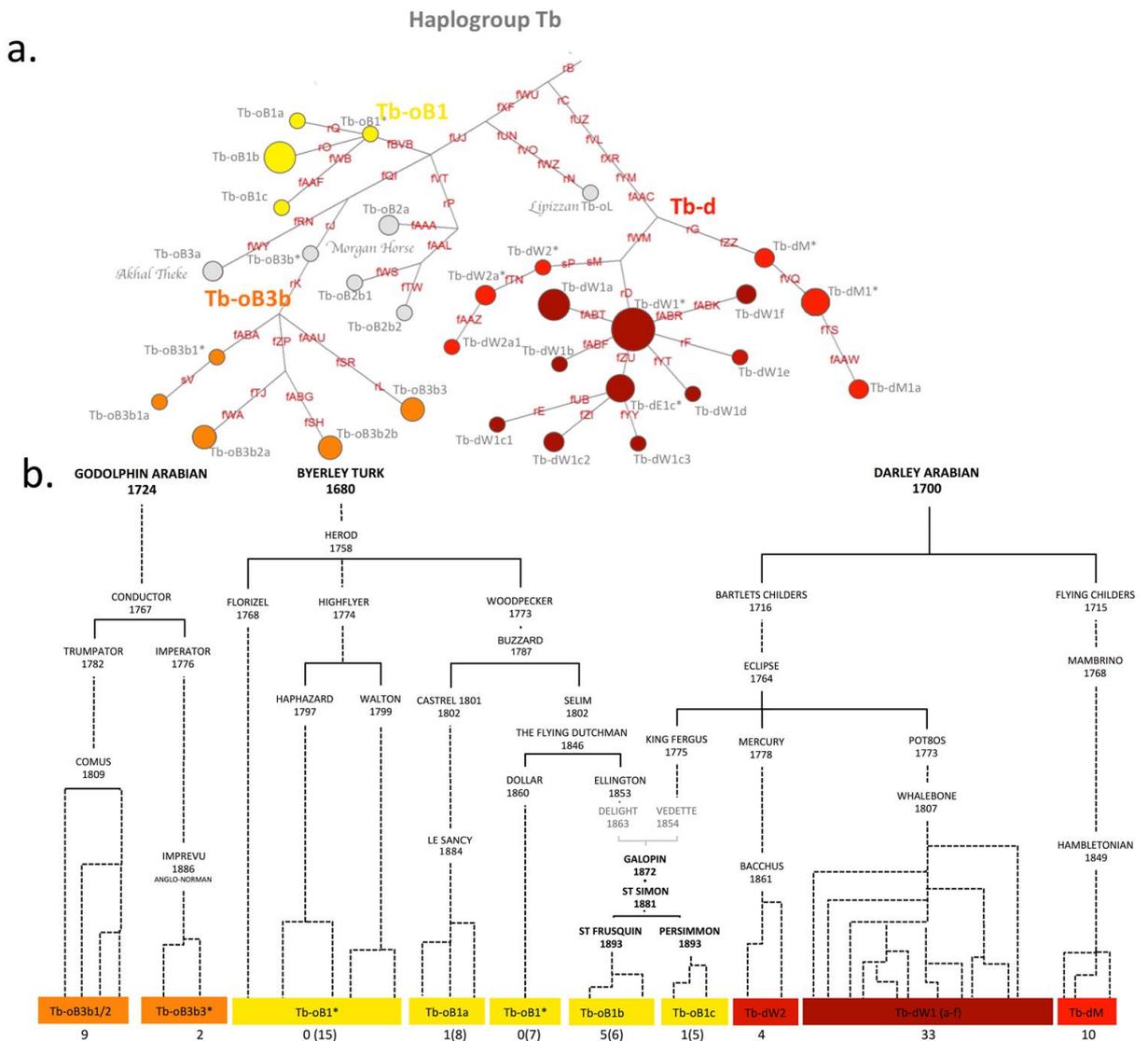


Abbildung 6 Die Genealogien der drei Gründerväter des englischen Vollblutes. Abbildung entnommen aus (Felkel *et al.* 2019).

a) zeigt die Haplogruppe Tb, wobei die Haplotypen als Kreise dargestellt sind und die Größe der Kreise mit der Anzahl der Proben korreliert. Sowohl die Marker (in roter Schrift) und die Haplotypen als auch drei zugeordnete Rassen sind in der Grafik bezeichnet. Grafik b) stellt die Pedigrees der untersuchten männlichen Nachkommen der englischen Vollbluthengste Godolphin Arabian, Byerley Turk und Darley Arabian der Haplotypenstruktur aus a) gegenüber.

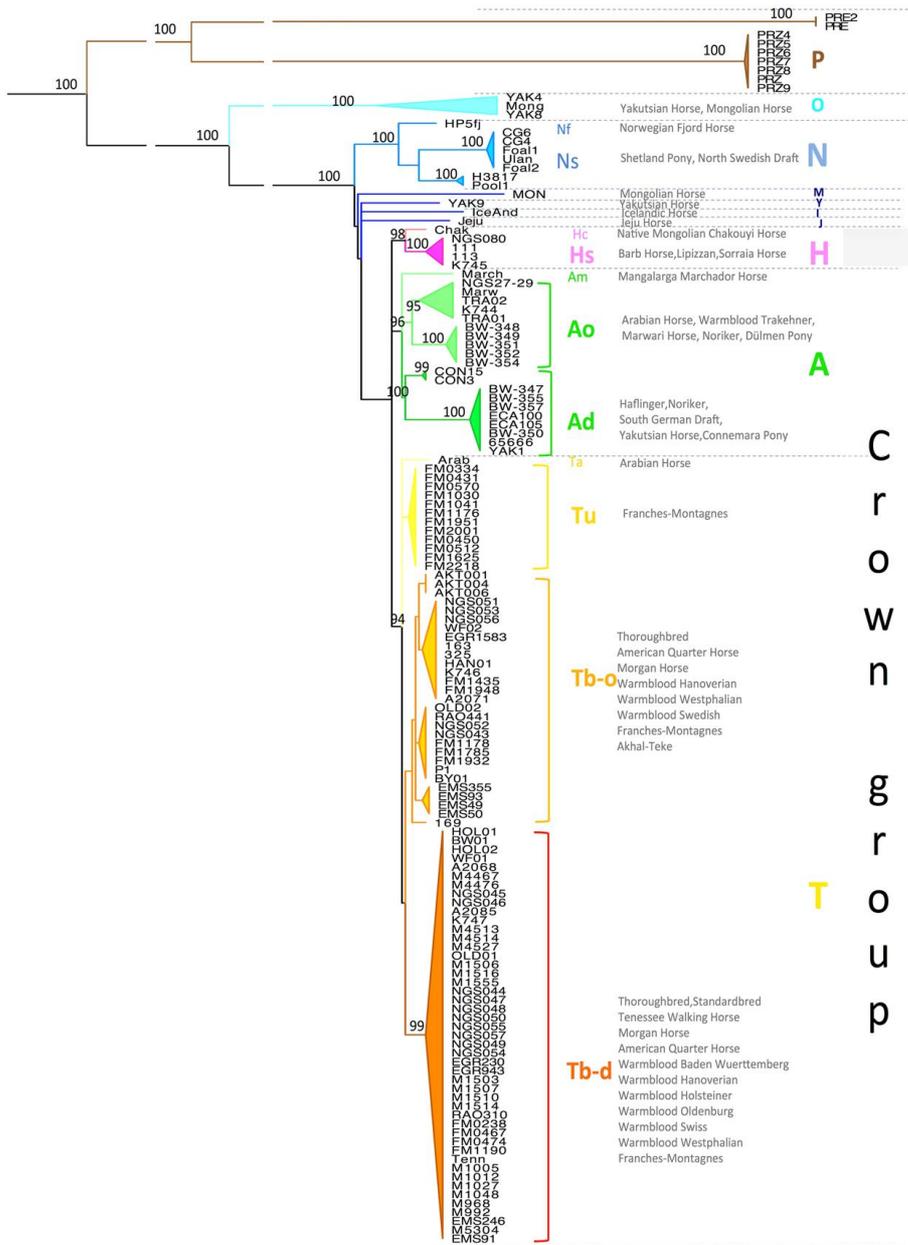


Abbildung 7 Die Haplotyp-Struktur in Form eines Stammbaumes, wie sie Felkel *et al.* 2019 ermittelten (Felkel *et al.* 2019).

Die Farben und Buchstaben kennzeichnen die ermittelten Haplogruppen und hinter den Klammern mit den Bezeichnungen der untersuchten Proben sind jene Pferderassen aufgeführt, die dort gefunden wurden.

Außerhalb der Krongruppe finden sich zahlreiche, teilweise entfernt verwandte Haplotypen, die oft nur in einer oder wenigen verschiedenen Pferderassen vorkommen.

Ast I enthält Isländer, J die koreanischen Jeju-Pferde, Y die russischen Yakuten und M nur mongolische Pferde. Haplogruppe N wurde für norwegische Fjordpferde, Shetlandponys und nordschwedische Kaltblüter detektiert. (Felkel *et al.* 2019)

Die letzte Haplogruppe, Ast O, separiert sich bereits sehr früh (laut Felkel *et al.*, 2019 passierte die Auftrennung vor 13 000 Jahren) von allen anderen Haplogruppen und markiert die entferntesten Haplotypen. In dieser Haplogruppe sind die drei Haplotypen Oa-a, Oa-b und Ob enthalten, die in Pferden mongolischer Abstammung und Yakuten gefunden wurden. (Felkel *et al.* 2018)

Für verschiedene asiatische Pferderassen wurde in einer Arbeit aus 2020 ein weiterer Ast R entdeckt, dessen Ursprung sich bei der Abzweigung des N-Astes befindet. Zudem konnte ein Zusammenhang zwischen basalen Knotenpunkten und einigen der untersuchten Rassen außerhalb der Krongruppe hergestellt werden. (Chilla 2020)

Eine aktuelle Arbeit aus 2021 fügte der Haplotyp-Struktur im Bereich des A- und T-Astes mehrere, bisher seltene Haplotypen hinzu. Als Basis wurden verschiedene Pferderassen aus Griechenland und dem Nahen Osten verwendet (Schug 2021).

Die Abbildungen 6 und 7 zeigen die eben abgehandelten Sachverhalte. Die auf diesen Informationen aufbauende und im Zuge dieser Arbeit erstellten Haplotypen-Struktur findet sich in Abb. 11.

Tabelle 1 Haplotypen und Beispiele für Pferderassen in denen sie detektiert wurden.

Die Originalarbeit, in der ein Haplotyp mit einer bestimmten Pferderasse assoziiert wurde, ist in Klammer gesetzt.

Haplogruppe	Haplotyp	Pferderasse
O	Oa-a	Mongolisches Pferd (Felkel et al. 2018)
	Oa-b	Yakut (Felkel et al. 2018)
	Ob	Mongolisches Pferd (Felkel et al. 2018)
N	N	Norwegisches Fjordpferd, Shetlandpony (Mühlberger 2019)
R	R	Asiatische Pferderassen (Chilla 2020)
M	M	Mongolisches Pferd (Felkel et al. 2018)
I	I	Isländer (Fey 2018)
J	J	Jeju-Pony (Felkel et al. 2018)
Y	Y	Yakut (Felkel et al. 2018)
H	H	Sorraia, Lipizzaner (Wallner 2019)
T	Tb-1	Andravida, Armenisches Pferd, Kaspisches Kleinpferd, Pindos Pony, Tushuri (Schug 2021)
	Tb-dM	Standardbred, Morgan Horse (Wallner 2019)
	Tb-dW1	Warmblutpferde, Quarter Horse (Wallner 2019)
	Tb-dW2	Warmblutpferde, Quarter Horse (Wallner 2019)
	Tb-dW3	Warmblutpferde, Quarter Horse (Wallner 2019)
	Tb-oB	Warmblutpferde, Quarter Horse, Freiburger (Wallner 2019)
	Tb-oL	Warmblutpferde, Morgan Horse, Lipizzaner (Wallner 2019)
A	Ad	Skyros Pony (Schug 2021)
	Ad-b	Shire Horse, Friese, Schleswiger Kaltblut, Dartmoorpony (Mühlberger 2019)
	Ad-h	Pindos Pony (Schug 2021)
	Ad-hA1	Süddeutsches Kaltblut, Rheinisch-Deutsches Kaltblut, Murgese (Wallner 2019)
	Ad-hB	Noriker (Wallner 2019)
	Ad-hC	Haflinger (Wallner 2019)
	Ao-aA1b	modernes arabisches Vollblut (Wallner 2019)

## 1.4. Fragestellung und Ziele dieser Arbeit

Die vorliegende Arbeit soll Potential und Limitierungen der Charakterisierung männlicher Genealogien von Pferden mittels bereits bekannter SNPs und InDels darstellen. Die Y-Haplotypen männlicher Pferde werden aus DNA-Proben mittels KASP™-Technologie ermittelt.

Es werden drei Szenarien beleuchtet:

1. Bei der seit der Gründung sorgfältig rein gezüchteten Rasse der Orlov Traber sind alle heute lebenden Tiere in der väterlichen Linie auf ein einziges männliches Gründertier zurückzuführen. Es liegen lückenlose Pedigrees vor, durch die sich die männlichen Linien bis zu jenem Gründerhengst verfolgen lassen.

2. Trakehner besitzen eine außerordentlich lange und ereignisreiche Vergangenheit, die gesellschaftliche Umbrüche und Kriege einschließt. Während die Ursprünge verhältnismäßig unklar sind, wurde die Zucht später hinsichtlich Leistung forciert und systematisch mit Pedigrees dokumentiert. Der Einfluss orientalischer Hengste ist groß und prägte diese Rasse maßgeblich.

3. Lokale Landrassen wie die Yakuten oder Mesener Pferde wurden und werden bis heute weniger intensiv züchterisch bearbeitet. Es sind nur lückenhafte Pedigreeaufzeichnungen vorhanden. In vorangegangenen Arbeiten zeigte sich, dass sich vor allem in den Yakuten Haplotypen abseits der Krongruppe finden.

In dieser Arbeit wird untersucht, wie die Untersuchung der Y-Haplotypenvariationen in Zusammenhang mit den obigen Szenarien nutzbar ist, welche Aussagen damit zu treffen sind und welche Einschränkungen zu erwarten sind. Weiters werden die Möglichkeiten bezüglich der Kombination des Verfahrens mit den dazugehörigen Pedigrees hochgezüchteter Pferderassen ausgelotet.

Im Werdegang vieler anderer Pferderassen findet sich in mehr oder weniger abgewandelter Form eines dieser drei Szenarien wieder, wodurch sich Vergleichsmöglichkeiten mit den in dieser Arbeit untersuchten Pferderassen ergeben.

## 2. Material und Methoden

### 2.1. Material

#### 2.1.1. Chemikalien und Reagenzien

Tabelle 2 Verwendete Chemikalien und Reagenzien

Produkt	Hersteller
Tris(hydroxymethyl)-aminomethan (Tris)	Sigma-Aldrich®, Österreich
EDTA	Roth®, Österreich
2xKASP™ Master mix	LGC genomics, Großbritannien
KASP™ Assay mix	LGC genomics, Großbritannien
Nexttec™ 1-step DNA Isolation Kit for Tissue & Cells	Nexttec™ Biotechnologie GmbH, Deutschland
Haarwurzelpollen (Mähne) von Pferden	aus Privatbesitz
Blutproben von Pferden	aus Privatbesitz

#### 2.1.2. Geräte und Werkzeuge

Tabelle 3 Verwendete Geräte und Werkzeuge

Produkt	Hersteller
Thermomixer	Eppendorf, Österreich
Thermoblock	DITABIS, Deutschland
Tischzentrifuge	Eppendorf, Österreich
Plattentischzentrifuge	Labnet, U.S.A.
Vortexer	IKA®, Deutschland
Pipetten	Gilson®, U.S.A.; Corning®, U.S.A.
elektronische Pipette	Eppendorf, Österreich
CFX Real-Time System 1000 Touch®	Bio-Rad, U.S.A.

### 2.1.3. Materialien

Tabelle 4 Verwendete Materialien

Produkt	Hersteller
Pipettenspitzen	Sarstedt, Deutschland
Combitips advanced® 0,1ml	Eppendorf, Österreich
Safe Seal Reagiergefäß 2ml	Sarstedt, Deutschland
„nexttec™ clean Columns“	Nexttec™ Biotechnologie GmbH, Deutschland
„nexttec™ collection Tubes“	Nexttec™ Biotechnologie GmbH, Deutschland
Hard-Shell® PCR plates, 96-well, white	Bio-Rad, U.S.A.
Microseal® ‚B‘ seal Seals	Bio-Rad, U.S.A.

### 2.1.4. Software und Programme

Tabelle 5 Verwendete Software und Programme

Software-Programm	Hersteller
MS Excel® 2016	Microsoft Corporation, U.S.A.
MS Word® 2016	Microsoft Corporation, U.S.A.
MS PowerPoint® 2016	Microsoft Corporation, U.S.A.
Bio-Rad CFX-Manager 3.1®	Bio-Rad, U.S.A.

### 2.1.5. Proben

Alle Haarproben wurden von Liliya V. Kalinkova, tätig im Labor für Genetik des All-Russian Research Institute for Horse Breeding (Institutsdirektoren: A. M. Zaitsev und V. V. Kalashnikov; Adresse: 391105, Ryazan Region, Rybnovsky District, Divovo settlement) und Prof. Dr. Nataliia Anatolievna Zinovieva, Institutsdirektorin des L.K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry, Federal Agency of Scientific Organizations (Adresse: 142132, Moscow Region, Podolsk Municipal District, Dubrovitsy 60) Verfügung gestellt. Die Einverständniserklärungen der jeweiligen Besitzer und Besitzerinnen liegen den russischen Kollaborateuren und Kollaborateurinnen vor und die Beprobung wurde durch die Ethik- und Tierschutzkommission der Veterinärmedizinischen Universität Wien genehmigt. Die Entnahme

der Haare inklusive der Wurzeln geschah unter der Einhaltung der russischen Tierschutzgesetze.

Weiters wurden von Liliya V. Kalinkova und Prof. Dr. Nataliia Anatolievna Zinovieva gesamtgenomische DNA-Proben, isoliert aus Haar oder Blut, zur Verfügung gestellt. Diese Proben wurden im Rahmen früherer Studien von den Kollaborateurinnen gesammelt und die DNA isoliert. Sämtliche Proben wurden anonymisiert.

Untersucht wurden 73 männliche Pferde vier verschiedener Rassen. Von 63 standen Haarwurzelproben zur Verfügung und für 10 Proben stand bereits isolierte genomische DNA aus Blut- oder Haarproben zur Verfügung. Tab. 6 veranschaulicht die Verhältnisse der Anzahl der Haarwurzelproben und der DNA-Proben der einzelnen Rassen.

Tabelle 6 Verteilung der Proben auf die Pferderassen

<b>Pferderasse</b>	<b>Anzahl Haarwurzelproben</b>	<b>Anzahl DNA-Proben</b>
Orlow Traber	16	-
Trakehner	23	-
Mesener Pferde	12	-
Yakuten	12	10
Gesamt	63	10

Bereits typisierte Proben aus dem Pool von Mag. med. vet. Doris Rigler dienten als Kontrollen für die Allelbestimmung. Genomische DNAs weiblicher Tiere wurden als Negativkontrollen verwendet.

## 2.2. Methoden

### 2.2.1. DNA-Isolation mit nexttec

Für die DNA-Isolierung aus Pferdehaarproben wurde der „Nexttec™ 1-step DNA Isolation Kit for Tissue & Cells“ benutzt.

#### 1) Vorbereiten der Proben

Ca. 20 Haarwurzeln kamen in ein Tube („Safe Seal Reagiergefäß“). Hierfür wurden die Haare etwa einen Fingerbreit oberhalb der Wurzel mit einer Schere durchtrennt. Die Haarwurzeln sollten sich möglichst am Boden des Tubes befinden.

Nach jeder Probe wurden alle Werkzeuge und Flächen, die mit Proben-DNA in Berührung gekommen sein könnten, mit Ethanol gereinigt.

#### 2) Zellyse

Es wurden 150 µl Lysis Puffer in jedes Tube mit Haarproben pipettiert. Bei einer Temperatur von 56 °C, einer Drehzahl von 800 rpm und einer Dauer von zwei Stunden hat der Verdau in einem Wärmeschüttler stattgefunden.

Tabelle 7 Zusammensetzung des Lysis Puffers

Reagens	Menge
Proteinase K (10 mg/ml)	10 µl
Buffer G	140 µl
Lysis Puffer Gesamtvolumen	150 µl

#### 3) Vorbereitung der Säulen

350 µl Prep-Solution wurde auf ein Säulchen („nexttec™ clean Columns“) pipettiert und anschließend für fünf Minuten bei Raumtemperatur inkubiert.

Dieses Tube wurde danach eine Minute lang bei einer relativen Zentrifugalbeschleunigung von 350 rcf zentrifugiert. Nachfolgend wurde die Säule in ein neues Tube („nexttec™ collection Tubes“) gesteckt und das Alte verworfen.

#### 4) DNA-Isolation

100 µl des Verdau (aus Schritt 1) wurden auf das vorbereitete Säulchen aufgebracht und drei Minuten lang bei Raumtemperatur inkubiert. Danach wurden die Säulchen eine Minute lang mit einer relativen Zentrifugalbeschleunigung von 700 rcf zentrifugiert.

Für die spätere Verwendung wurden die DNA-Proben mit 100µl Tris-EDTA verdünnt und bei einer Temperatur von -20 °C eingelagert.

#### **2.2.2. Prinzipien der KASP™-Technologie und Real-Time PCR**

Die im Zuge dieser Arbeit durchgeführte kompetitive allel-spezifische PCR (KASP™) ist ein bereits seit vielen Jahren benutztes fluoreszenzbasiertes System zur Detektion und Quantifizierung von Variationen der Nukleotidsequenz. SNPs oder InDels können mit dieser Methode gescreent werden. Die hohe Flexibilität des Systems erlaubt die Analyse tierischer, menschlicher und pflanzlicher DNA für jegliche ausgewählte SNPs oder InDels. (He et al. 2014)

Alle in dieser Arbeit verwendeten KASP™ Assays und der 2xKASP™ Mastermix stammen von der Firma LGC Genomics. Die Real-Time PCR wurde mit dem CFX Real-Time System 1000 Touch® von Bio-Rad nach der vom Hersteller empfohlenen Vorgehensweise bewerkstelligt.

Drei Komponenten sind nötig, um die Genotypisierung zu ermöglichen: Ein SNP-spezifischer Assaymix und der universelle KASP™ Mastermix werden zur genomischen DNA des zu untersuchenden Tieres hinzugefügt. Anschließend erfolgt die Real-Time PCR, welche mit einer Endpunktmessung der fluoreszierenden Farbstoffe abschließt.

Bestandteile des KASP™ Assaymix sind zwei unterschiedliche allelspezifische forward Primer und ein universeller reverse Primer. Die allelspezifischen Primer sind am 5'-Ende jeweils mit einer bestimmten Sequenz versehen ("tail sequence"), die mit einer fluoreszenzmarkierten Sonde [FAM (6-Carboxy-Fluorescein) und HEX (Hexachloro-Fluorescein)] reagieren. Dabei können die Amplikons der beiden forward Primer an dem auf diese Weise entstehenden "HEX-" oder "FAM-Fluoreszenzsignal" unterschieden werden. (LGC Limited 2015)

### 2.2.3. Durchführung der KASP™-Technologie und Realtime-PCR

#### 1) Vorbereitung der PCR

Vor jedem Lauf wurden sowohl die zu untersuchenden DNA-Proben, Positiv- sowie Negativkontrollen und die zu testenden Marker nach reiflicher Überlegung ausgewählt. Anschließend wurden die Mengen für den KASP™-Assaymix und 2xKASP™ mittels einer Excel®-Tabelle berechnet. Es empfiehlt sich, den Mastermix mit ca. 10% Überschuss zu berechnen, da durch das Pipettieren Volumen verloren geht.

Stock	Final	Component	x 1	x n
		DNA	3,00	45
		2xKASP	3,00	135,00
		KASPassaymix	0,084	3,78
		EV	6,08	
		aliquot		3,08

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	

KASPI3						20190206					
neuer Name	fam	hex				neuer Name	fam	hex			
KGH	fwu_T_0	fwu_A_1				KGH	fwu_T_0	fwu_A_1			
	rg_A_0	rg_G_1					rg_A_0	rg_G_1			

fwu	1	2	3	4	5	6	rG	7	8	9	10	11	12
A	Y_PR_03_103	Y_PR_03_111	Y_PR_03_119	Y_PR_03_129	<del>Y_PR_03_136</del>	ntc	Y_PR_03_103	Y_PR_03_111	Y_PR_03_119	Y_PR_03_129	<del>Y_PR_03_136</del>	ntc	
B	Y_PR_03_104	Y_PR_03_112	Y_PR_03_120	Y_PR_03_130	Y_PR_03_137	ntc	Y_PR_03_104	Y_PR_03_112	Y_PR_03_120	Y_PR_03_130	Y_PR_03_137	ntc	
C	Y_PR_03_105	Y_PR_03_113	Y_PR_03_121	Y_PR_03_131	Y_PR_03_138		Y_PR_03_105	Y_PR_03_113	Y_PR_03_121	Y_PR_03_131	Y_PR_03_138		
D	Y_PR_03_106	Y_PR_03_114	Y_PR_03_124	Y_PR_03_132	fam_KO		Y_PR_03_106	Y_PR_03_114	Y_PR_03_124	Y_PR_03_132	fam_KO		
E	Y_PR_03_107	Y_PR_03_115	Y_PR_03_125	Y_PR_03_133	fam_KO		Y_PR_03_107	Y_PR_03_115	Y_PR_03_125	Y_PR_03_133	fam_KO		
F	Y_PR_03_108	Y_PR_03_116	Y_PR_03_126	Y_PR_03_134	hex_KO		Y_PR_03_108	Y_PR_03_116	Y_PR_03_126	Y_PR_03_134	hex_KO		
G	Y_PR_03_109	Y_PR_03_117	Y_PR_03_127	Y_PR_03_135	hex_KO		Y_PR_03_109	Y_PR_03_117	Y_PR_03_127	Y_PR_03_135	hex_KO		
H	Y_PR_03_110	Y_PR_03_118	Y_PR_03_128	Y_PR_03_136	female		Y_PR_03_110	Y_PR_03_118	Y_PR_03_128	Y_PR_03_136	female		

fam_KO	hex_KO
Y_PR_03_122	Y_PR_04_011
Y_PR_03_123	Y_PR_04_013

fam_KO	hex_KO
Y_PR_03_122	Y_PR_01_002
Y_PR_03_123	Y_PR_01_009

Abbildung 8 Beispiel einer Excel®-Datei nach Mag. med. vet. Doris Rigler.

Berechnet wurde das Volumen des Mastermix für zwei SNPs (fwu und rG) für jeweils 34 Proben und die notwendigen Kontrollen.

#### 2) Herstellung des KASP™-Mastermix

Die im ersten Schritt berechneten Volumina für KASP Assaymix und 2x KASP Mastermix wurden in ein Tube pipettiert, danach gevortext, zentrifugiert und kaltgestellt.

### 3) Befüllung der 96-well-Platte

Nun wurden die Wells jeweils mit 3,084 µl Mastermix und 3 µl der zu untersuchenden DNA-Probe befüllt. Dies geschah entsprechend des im Vorhinein ausgearbeiteten Schemas, wonach Proben unbekannter und bekannter Haplotypen (FAM-/HEX-Positivkontrollen), Proben weiblicher Tiere (Negativkontrollen) und Leerlaufproben (ntc) verwendet wurden. Als Leerlaufprobe diente Tris-EDTA.

Tabelle 8 Zusammensetzung des Reaktionsvolumens

Substanz	Menge/Well
DNA	3 µl
2xKASP	3 µl
KASP Assaymix	0,084 µl
gesamtes Reaktionsvolumen	6,084 µl

### 4) Weitere Behandlung der 96-well-Platte

Nach der Befüllung wurde die Platte mit einer Microseal®-Folie zugeklebt und kurz zentrifugiert. Um die darin enthaltenen Substanzen möglichst wenig zu schädigen, wurde die Platte danach durch Abdeckung vor Licht geschützt und auf Eis gestellt.

### 5) Real-Time PCR Lauf

Benutzt wurde das CFX Real-Time System 1000 Touch® von Bio-Rad. In Tab. 9 befindet sich jenes Protokoll, das gemäß den Empfehlungen des Herstellers verwendet wurde.

Tabelle 9 Real-Time PCR-Protokoll

Schritt	Beschreibung	Temperatur	Zeit	Anzahl Zyklen
1.	Aktivierung	94 °C	15 min	ein Zyklus
2.	Denaturierung	94 °C	20 s	zehn Zyklen
	Primerhybridisierung, Elongation	61–55 °C	60 s (Senkung um 0,6°C pro Zyklus)	
3.	Denaturierung	94 °C	20 s	26 Zyklen
	Primerhybridisierung, Elongation	55 °C	60 s	

## 6) Recycle-Zyklus

Genügte das in Schritt 5) beschriebene PCR Protokoll nicht, um eine auswertbare Alleldiskriminierung zu erreichen, schlossen sich ein oder mehrere Recycle-Zyklen an. Das Protokoll für diesen Recycle-Zyklus ist in Tab. 10 angeführt.

Tabelle 10 Recycle-Zyklus Protokoll

<b>Schritt</b>	<b>Temperatur</b>	<b>Zeit</b>	<b>Anzahl Zyklen</b>
Denaturierung	94 °C	20 s	drei Zyklen
Primerhybridisierung, Elongation	57 °C	60 s	

## 7) Auslesen der Platte und Auswertung der Daten

Sind alle Zyklen abgeschlossen, misst das Gerät das Fluoreszenzsignal und stellt die Daten mittels des Bio-Rad CFX Manager 3.1® graphisch als Streudiagramm dar. Diese Rohdaten wurden zwecks weiterer Analyse in eine Excel®-Datei exportiert. Die Kontrollen dienen als Referenz zur Zuordnung des Genotyps zu der jeweiligen Probe.

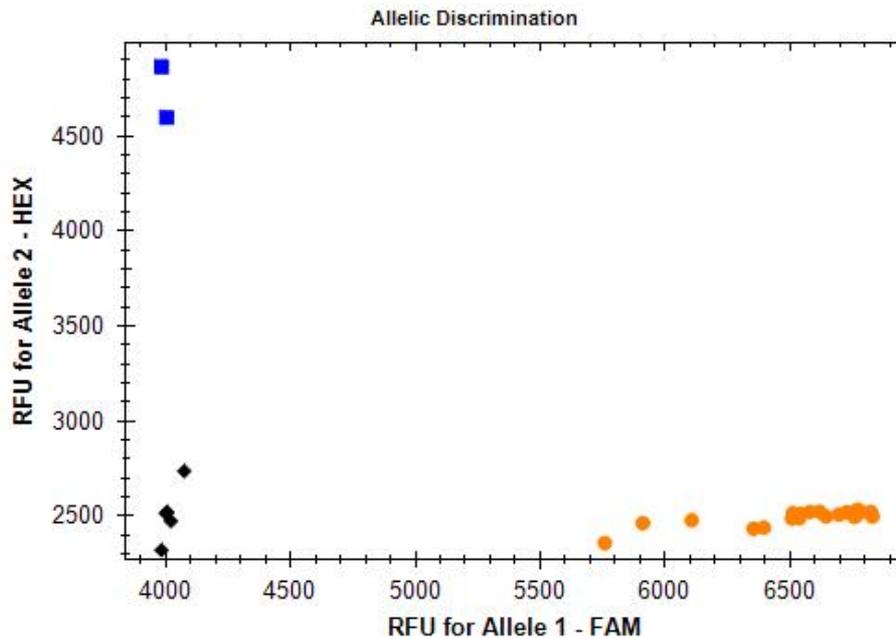


Abbildung 9 Beispiel eines Streudiagramms. Untersucht wurde der Marker rX.

Auf der X-Achse werden die Werte des FAM-Fluoreszenzsignals, auf der Y-Achse die Werte des HEX-Fluoreszenzsignals angeführt. Basierend auf dem Clustering findet die Kategorisierung der Allele statt. Jedes Symbol steht für eine einzelne Probe. Emittiert eine Probe verstärkt das FAM-Signal, so wird dieser die Benennung „Allel 1“ zugeteilt und als oranger Kreis visualisiert. Eine Probe mit einem HEX-Signal ist entsprechend „Allel 2“ und erscheint als blaues Quadrat. Besitzt eine Probe beide Allele, so wird diese als heterozygot bezeichnet und in der Grafik als grünes Dreieck dargestellt (in Abb. 9 nicht sichtbar).

Wurde keines der beiden Signale festgestellt, weist das Programm jenen Proben eine schwarze Raute zu.

Well	Sample	Call		RFU1	RFU2
A05	fam_KO	Allele 1		6247,68	2544,24
H04	fam_KO	Allele 1		6696,11	2593,94
D05	female	No Call		4197,21	2570,28
B05	hex_KO	Allele 2		4054,82	4708,87
C05	hex_KO	Allele 2		4005,07	4640,31
E05	ntc	No Call		4056,85	2569,20
F05	ntc	No Call		4096,74	2536,87
B03	P080293/0	Allele 1	rC_T_0	6758,21	2582,58
C03	Y_PR_03_103	Allele 1	rC_T_0	6618,06	2571,61
D03	Y_PR_03_104	Allele 1	rC_T_0	6833,90	2573,12
E03	Y_PR_03_105	Allele 1	rC_T_0	6476,29	2554,69
F03	Y_PR_03_106	No Call	rC_NO_CALL	4011,88	2476,43
G03	Y_PR_03_107	Allele 1	rC_T_0	6542,25	2591,17
H03	Y_PR_03_108	Allele 1	rC_T_0	5952,30	2444,38
A04	Y_PR_03_109	Allele 1	rC_T_0	6035,58	2408,23
B04	Y_PR_03_110	Allele 1	rC_T_0	5360,23	2304,75
C04	Y_PR_03_111	Allele 1	rC_T_0	6941,11	2665,61
D04	Y_PR_03_114	Allele 1	rC_T_0	6847,01	2634,37
E04	Y_PR_03_115	Allele 1	rC_T_0	6815,97	2624,27
F04	Y_PR_03_116	Allele 1	rC_T_0	6443,14	2532,55
G04	Y_PR_03_117	Allele 1	rC_T_0	6420,48	2558,45
A01	Y_PR_03_119	Allele 2	rC_C_1	4026,98	4596,78
B01	Y_PR_03_120	Allele 2	rC_C_1	3983,00	4211,98
C01	Y_PR_03_121	Allele 2	rC_C_1	4011,37	4445,94
D01	Y_PR_03_124	Allele 2	rC_C_1	3972,75	4650,38
E01	Y_PR_03_125	Allele 2	rC_C_1	3982,31	4626,09
F01	Y_PR_03_126	Allele 2	rC_C_1	3969,90	4465,46
G01	Y_PR_03_127	Allele 2	rC_C_1	4030,60	4772,33
H01	Y_PR_03_128	Allele 2	rC_C_1	3904,77	4539,26
A02	Y_PR_03_130	Allele 2	rC_C_1	4075,52	4438,37
B02	Y_PR_03_131	Allele 2	rC_C_1	4099,17	4606,00
C02	Y_PR_03_132	Allele 2	rC_C_1	4059,49	4672,17
D02	Y_PR_03_133	Allele 2	rC_C_1	4065,91	4459,30
E02	Y_PR_03_134	Allele 2	rC_C_1	3977,96	4362,82
F02	Y_PR_03_135	Allele 2	rC_C_1	4010,67	4461,85
G02	Y_PR_03_136	Allele 2	rC_C_1	4105,60	4704,99
H02	Y_PR_03_137	Allele 2	rC_C_1	3978,27	4277,33
A03	Y_PR_03_138	Allele 2	rC_C_1	4090,83	4456,54
		KASP05			
		Allel 1 = fam	rC_T_0		
		Allel 2 = hex	rC_C_1		

Abbildung 10 Beispiel für die tabellarische Excel®-Darstellung der Daten. Untersucht wurde Marker rC.

In der vierten Spalte von Abb. 10 werden die detektierten Signale ‚Allele 1 und 2‘ in die jeweiligen Varianten des Polymorphismus transformiert. Als erstes steht die Bezeichnung des

untersuchten Markers (rC), an zweiter Stelle befinden sich die Sequenzvarianten beziehungsweise eine Abkürzung. Hier erkennt man, ob der untersuchte Marker ein SNP (ein einziger Buchstabe), eine Insertion oder eine Deletion (eine Kombination aus zwei bzw. drei Buchstaben) ist. Der Wert „\_1“ an dritter Stelle bedeutet, dass das untersuchte Individuum die abgeleitete Version des Allels trägt. Findet man stattdessen „\_0“ vor, so bedeutet das das Gegenteil, nämlich das Individuum trägt das ursprüngliche ‚anzestrale‘ Allel. Tab. 11 veranschaulicht diese Verhältnisse mit Beispielen. Die Zusammensetzung der Allelvarianten an mehreren Markern ermöglicht es, das Individuum einem bestimmten Haplotypen zuzuordnen.

Tabelle 11 Benennung von Allel 1 und Allel 2 der Marker rC, rY und rD.

Allel	SNP	Insertion	Deletion
Allel 1	rC_T_0	rY_ACC_0	rD_TT_0
Allel 2	rC_C_1	rY_AC_1	rD_T_1

#### 2.2.4. Verwendete Marker

Insgesamt wurden in dieser Arbeit 50 verschiedene Marker untersucht. Diese sind in Tab. 12 tabellarisch und in Abb. 11 als Haplotyp-Struktur visuell angeführt. 44 jener Marker sind mittlerweile im Routineeinsatz. Die Marker fAAC, fUZ, fXR, sAI, sAS und sDB wurden in dieser Arbeit erstmalig verwendet. Die Nukleotidsequenzen der Marker finden sich im Anhang.

Anhand vorangegangener Untersuchungen, der züchterischen Aufzeichnungen und des Phänotyps der jeweiligen Rassen erfolgte die Auswahl der verwendeten Marker.

Sowohl die Zuchtgeschichte als auch die dazugehörigen Pedigrees der Trakehner und Orlov Traber weisen auf eine maßgebliche Beeinflussung durch englische Vollbluthengste und arabische Hengste hin. Basierend auf der Haplotypenphylogenie aus Felkel *et al.* 2019 wurden die geeigneten Marker für die Typisierung ausgewählt. (Felkel *et al.* 2019) Zuerst wurde zwischen T- und Ao-Haplogruppe differenziert, indem die Marker rA und rX untersucht wurden. Ergab die Analyse eines Tieres das abgeleitete Allel für die Marker rA\_A\_1 bzw. rX\_G\_1, so wurden die Untersuchungen entlang des T- bzw. des Ao-Astes weitergeführt.

Es ist darauf hinzuweisen, dass vertiefende Untersuchungen des Haplotyps Tb-oB im Rahmen dieser Arbeit nicht veranlasst wurden, da hierfür eine spezielle Analyse der Mikrosatelliten nötig ist. An einem späteren Zeitpunkt fand die weitere Differenzierung der betreffenden zwei

Proben durch Mag. med. vet. Doris Rigler jedoch statt und die Ergebnisse fließen nun in den vorliegenden Datensatz ein. (s. Abschnitt 3.2.)

Da es über die Zuchthistorie der Yakuten und Mesener Pferde vergleichsweise wenige Informationen gibt, musste eine relativ große Anzahl an Markern verwendet werden. Gewisse Anhaltspunkte lieferten die von Mag. med. vet. Doris Rigler bereits durchgeführten Typisierungen einzelner Individuen.

Begonnen wurde die Analyse der Mesener Pferde deshalb bei der A- bzw. Ad-Haplogruppe mit den SNPs rW, rAF und rAE. Jene Individuen, die keine Haplotypen dieser Gruppen besaßen, wurden in weiterer Folge auf Marker des T-Astes, sowie auf Äste außerhalb der Krongruppe getestet.

Bei den Yakuten wurde als Erstes überprüft, ob sie SNPs der Krongruppe aufwiesen, indem Marker rund um die Ursprungsgebiete der A- und T-Äste getestet wurden. Diese waren rAX, rAY, rA und fXK. Da die Yakuten mehr noch als die Mesener Pferde Haplotypen abseits der modernen Varianten besitzen zu scheinen, fokussierte sich die Untersuchung auf mehrere Marker entlang des Hauptastes, welcher zur Krongruppe führt, sowie auf viele Seitenzweige dieser (Siehe Übersichtsabbildung 11).

Eine Eigenheit unter den in dieser Arbeit verwendeten Y-chromosomalen Markern weisen Marker rD und fAAC auf. Aufgrund der hochgradigen Sequenzhomologie zu Regionen des X-Chromosoms (s. Abschnitt 1.2.) gibt auch der Allelstatus des X-chromosoms ein Signal und es kann sowohl zu homozygoten als auch heterozygoten Kombinationen kommen. Bei der Ermittlung der KASP Ergebnisse muss daher ein besonderes Augenmerk auf den Abgleich mit den FAM-/HEX-Positivkontrollen gelegt werden.

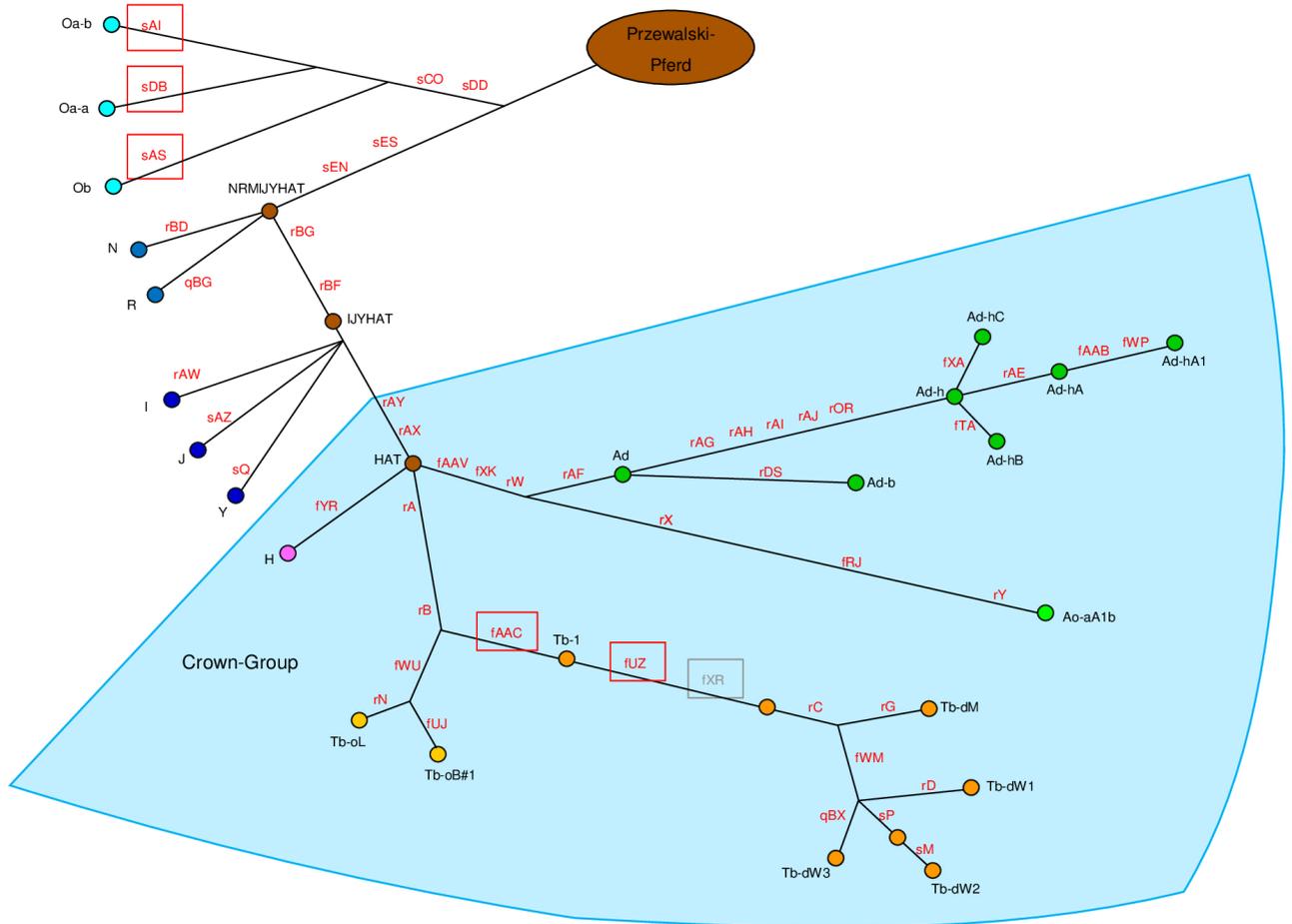


Abbildung 11 Vereinfachte Haplotyp-Struktur modifiziert nach Felkel *et al.* 2019 (Felkel *et al.* 2019).

Gezeigt werden nur jene Haplotypen auf die in dieser Arbeit untersucht wurde sowie die zugrundeliegenden Marker. Die farbigen Kreise markieren die einzelnen Haplogruppen. Jeder Kreis stellt einen eigenen Haplotyp (schwarze Schrift) dar. Die Marker sind in roter Schrift dargestellt und in dieser Arbeit erstmals verwendete Marker sind umrahmt. Marker, die kein bewertbares Ergebnis lieferten, haben eine graue Schriftfarbe. Die Krongruppe ist blau hinterlegt. In Tab. 1 sind für die einzelnen Haplotypen und -gruppen beispielhaft Pferderassen angeführt.

Tabelle 12 Auflistung der verwendeten Marker, der zugeordneten Haplotypen bzw. der Haplogruppen, und die zwei Allele der jeweiligen Marker

Die Haplotypen und Haplogruppen werden durch das abgeleitete Allel des jeweiligen Markers bestimmt.

<b>Marker</b>	<b>Haplotyp/Haplogruppe</b>	<b>Allel 1 (FAM)</b>	<b>Allel 2 (HEX)</b>
sCO	O	sCO_A_0	sCO_C_1
sDD	O	sDD_T_0	sDD_C_1
sDB	Oa-a	sDB_G_0	sDB_A_1
sAI	Oa-b	sAI_G_0	sAI_T_1
sAS	Ob	sAS_A_0	sAS_G_1
sEN	NRMIJYHAT	sEN_A_1	sEN_C_0
sES	NRMIJYHAT	sES_A_1	sES_C_0
rBD	N	rBD_C_0	rBD_T_1
qBG	R	qBG_A_0	qBG_C_1
rBG	MIJYHAT	rBG_CTT_0	rBG_CT_1
rBF	IJYHAT	rBF_C_0	rBF_T_1
rAW	I	rAW_C_1	rAW_T_0
sAZ	J	sAZ_C_0	sAZ_T_1
sQ	Y	sQ_A_0	sQ_G_1
rAX	HAT	rAX_C_1	rAX_T_0
rAY	HAT	rAY_A_1	rAY_G_0
fYR	H	fYR_A_1	fYR_T_0
fAAV	A	fAAV_T_0	fAAV_C_1
fXK	A	fXK_G_0	fXK_A_1
rW	A	rW_G_0	rW_A_1
rAF	Ad	rAF_G_0	rAF_A_1
rDS	Ad-b	rDS_T_0	rDS_A_1
rAG	Ad-h	rAG_A_0	rAG_G_1
rAH	Ad-h	rAH_T_0	rAH_C_1
rAI	Ad-h	rAI_A_0	rAI_C_1
rAJ	Ad-h	rAJ_T_0	rAJ_A_1
rOR	Ad-h	rOR_G_0	rOR_A_1

rAE	Ad-hA	rAE_G_0	rAE_C_1
fAAB	Ad-hA1	fAAB_G_0	fAAB_C_1
fWP	Ad-hA1	fWP_C_0	fWP_T_1
fTA	Ad-hB	fTA_A_0	fTA_C_1
fXA	Ad-hC	fXA_C_0	fXA_T_1
rX	Ao	rX_G_0	rX_T_1
fRJ	Ao-a	fRJ_A_0	fRJ_G_1
rY	Ao-aA1b	rY_ACC_0	rY_AC_1
rA	T	rA_A_1	rA_T_0
rB	Tb	rB_C_0	rB_G_1
fAAC	Tb-1	fAAC_A_0	fAAC_T_1
fUZ	Tb-d	fUZ_C_0	fUZ_T_1
fXR	Tb-d	fXR_C_0	fXR_A_1
rC	Tb-d	rC_T_0	rC_C_1
rG	Tb-dM	rG_A_0	rG_G_1
fWM	Tb-dW	fWM_T_0	fWM_C_1
rD	Tb-dW1	rD_TT_0	rD_T_1
sM	Tb-dW2	sM_A_1	sM_G_0
sP	Tb-dW2	sP_A_0	sP_C_1
qBX	Tb-dW3	qBX_A_0	qBX_T_1
fWU	Tb-o	fWU_T_0	fWU_A_1
fUJ	Tb-oB	fUJ_T_0	fUJ_C_1
rN	Tb-oL	rN_G_0	rN_A_1

### 2.2.5. Pedigreeanalyse

Zu den untersuchten Trakehnern und Orlov Travern sind Aufzeichnungen über die männlichen Linien in Form von Pedigrees vorhanden, die in die Untersuchungen und die Diskussion einfließen. Jene Pedigrees wurden von Liliya V. Kalinkova, tätig im Labor für Genetik des „All-Russian Research Institute for Horse Breeding“ in Rjasan, besorgt. Falls nötig, wurden mittels der Online Datenbank "All Breed Database" Lücken und Unsicherheiten kontrolliert und korrigiert (All Breed Database o.J.). Zuchtdateien wurden zusätzlich noch mit der Datenbank russischer Trakehner ergänzt (Rus Trakehner Database o.J.). Die Pedigreedaten wurden mit PowerPoint für diese Arbeit visualisiert.

### 2.2.6. Ermittlung der Haplotypendiversität

Um die Haplotypendiversität in den Populationen der vier Pferderassen zu berechnen, wurde untenstehende Formel nach Nei und Tajima angewandt (Nei und Tajima 1981).

$$H = \frac{N}{(N-1)} * (1 - \sum_i x_i^2)$$

### 3. Ergebnisse

Sämtliche, durch die Analysen des Bio-Rad CFX-Manager 3.1® generierte Daten wurden mit der in Abschnitt 2.2.3. beschriebenen Tabellen und Streudiagramme ausgewertet und in einem Excel®-Dokument gesammelt.

Zur Auswertung in dieser Arbeit gelangten nur jene Proben, für welche in den Untersuchungen eindeutig der Allelstatus an den untersuchten Markern und folglich der Haplotyp ermittelt werden konnte. Ausschlaggebend für die eindeutige Allelbestimmung war der Abstand zur x- oder y-Achse im Streudiagramm, das vom Gerät nach dem Messen des Fluoreszenzsignales erstellt wurde (s. Abschnitt 2.2.3., Abb. 9). Dabei galt: Je näher an einer der beiden Achsen und je weiter vom Nullpunkt entfernt, desto aussagekräftiger das Signal. Proben, die keine der beiden Erfordernisse erfüllten, wurden vom Programm mit „No Call“ bzw. im Diagramm mit einem schwarzen Punkt gekennzeichnet. Diese Proben wurden von der Auswertung ausgeschlossen. Besonders jene Proben, deren DNA schon vor längerer Zeit aus den Haarwurzeln isoliert wurde, erbrachten häufig uneindeutige Ergebnisse.

Der in dieser Arbeit das erste Mal verwendete Marker fXR lieferte keine auswertbaren Ergebnisse, weshalb diese in der vorliegenden Arbeit nicht berücksichtigt wurden. Die anderen neuen Marker fAAC, fUZ, sAI, sAS und sDB hingegen führten zu verlässlichen Aussagen.

Weiters wurde die Probe eines Orlow Trabers nicht in den Datensatz mit aufgenommen, da diesem kein Pedigree zugeordnet war.

Tab. 13 stellt die Anzahl sämtlicher untersuchter Proben mit der Anzahl der Proben, deren Ergebnisse auswertbar waren und in die Diskussion einfließen, gegenüber. Im Anhang (s. Abschnitt 11.2.) befinden sich von jenen ausgewählten Proben alle Resultate, die zu der Haplotypenermittlung geführt haben.

Tabelle 13 Anzahl der untersuchten Proben und Anzahl der auswertbaren Proben

<b>Pferderasse</b>	<b>Anzahl der untersuchten Proben</b>	<b>Anzahl der auswertbaren Proben</b>
Orlow Traber	16	13
Trakehner	23	23
Mesener Pferde	12	10
Yakuten	22	11
Gesamt	73	57

### 3.1. Orlow Traber

Alle 13 auswertbaren Proben der Rasse Orlow Traber waren in der Haplogruppe T (orange in Abbildung 12 und 13) aufzufinden, wobei zwei (15,4%) davon dem Haplotyp (HT) Tb-dM und elf (84,6%) dem HT Tb-1 zugeordnet wurden. In Tab. 14 sind die einzelnen Proben den für sie ermittelten Haplotypen zugeordnet. Die Ergebnisse sind in Abb. 12 als Säulendiagramm dargestellt und in Abb. 13 erfolgt die Visualisierung anhand der Haplotyp-Struktur nach Felkel *et al.* 2019 (Felkel *et al.* 2019).

Tabelle 14 Probenverteilung der Orlow Traber.

Tb-1		Tb-dM
Y_PR_03_103	Y_PR_03_111	Y_PR_03_112
Y_PR_03_105	Y_PR_03_114	Y_PR_03_113
Y_PR_03_107	Y_PR_03_115	
Y_PR_03_108	Y_PR_03_116	
Y_PR_03_109	Y_PR_03_117	
Y_PR_03_110		

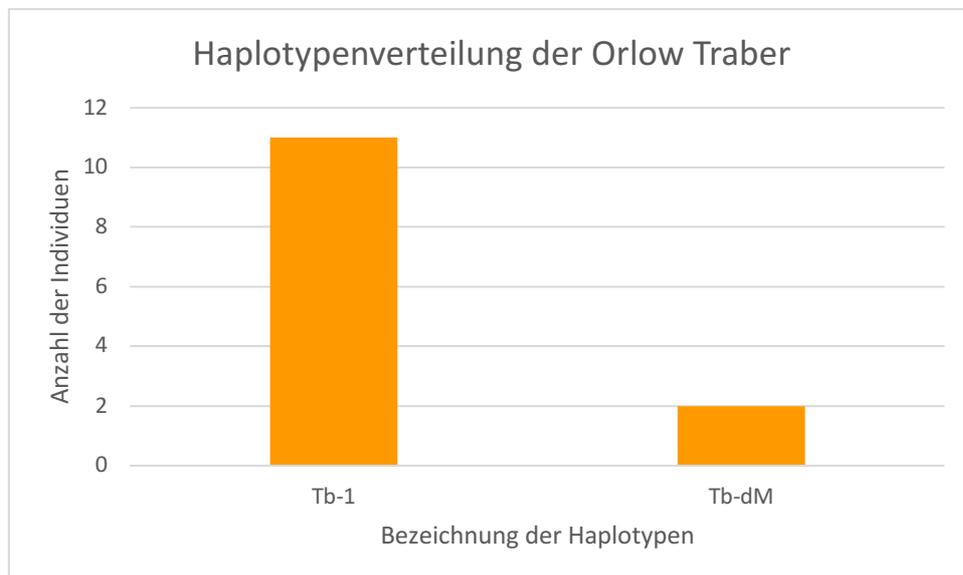


Abbildung 12 Haplotypenverteilung der Orlow Traber.

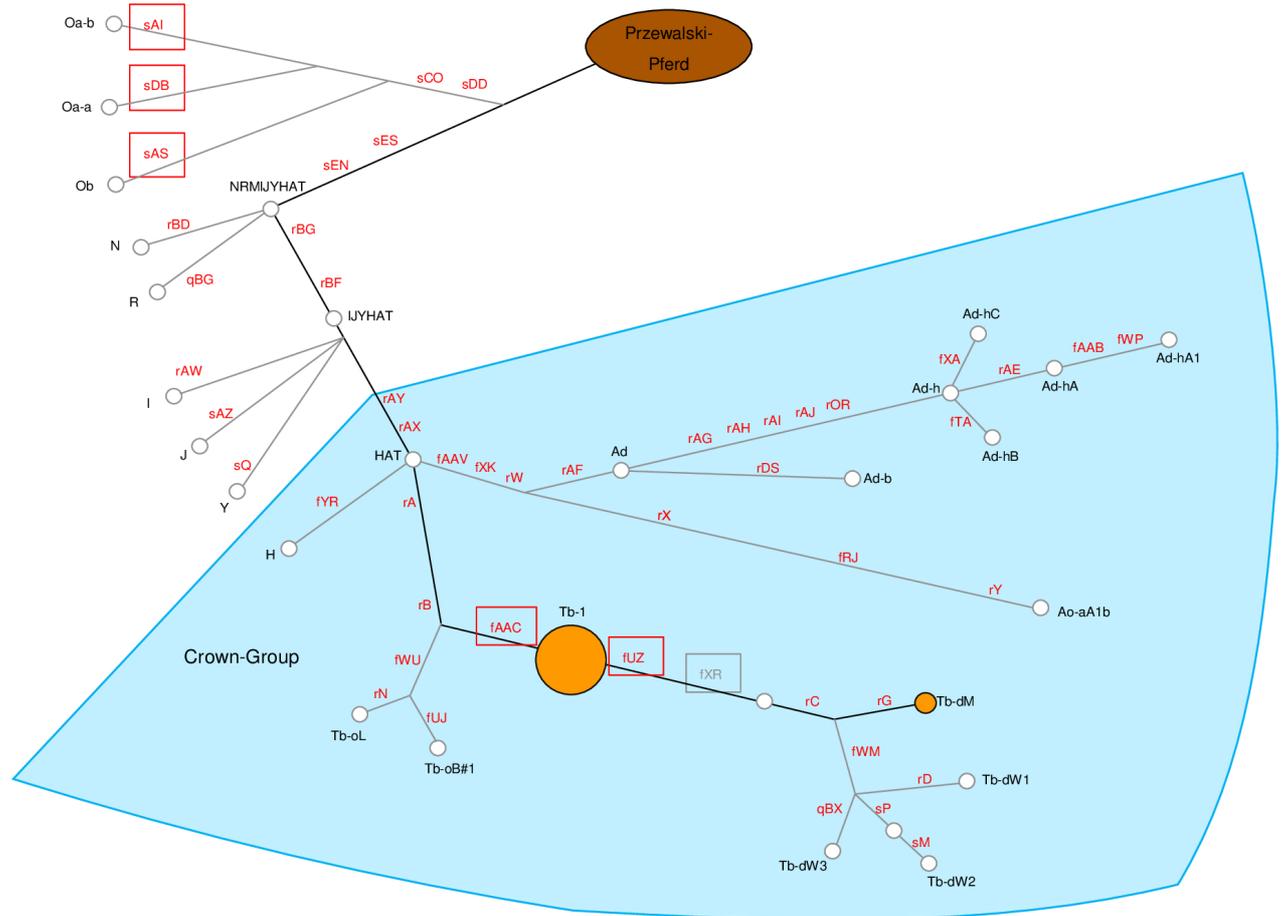


Abbildung 13 Vereinfachte Haplotyp-Struktur modifiziert nach Felkel *et al.* 2019 (Felkel *et al.* 2019).

Orange eingefärbt sind die in den Untersuchungen nachgewiesenen Haplotypen für Orlov Traber. Jeder Kreis stellt einen eigenen HT (schwarze Schrift) dar. Die Größe der Kreise korreliert mit der Anzahl der Individuen. Die Farben markieren die einzelnen Haplogruppen. Die in dieser Arbeit erstmals verwendeten Marker sind umrahmt. Marker, die kein bewertbares Ergebnis lieferten, haben eine graue Schriftfarbe. Die Krongruppe ist blau hinterlegt. Haplotypen ohne Nachweis bei dieser Rasse werden farblos abgebildet.

Abb. 14 zeigt einen vereinfachten Stammbaum, der die väterlichen Verwandtschaftsverhältnisse der untersuchten Individuen darstellt. Letztere sind, um die Anonymität zu wahren, mit der fortlaufenden Probenbezeichnung benannt. Ihre Vorfahren sind jeweils mit Namen und Geburtsjahr versehen. Die durchgehenden Linien zeigen eine unmittelbare Verwandtschaft zwischen zwei Pferden an. Strichlierte Linien bedeuten, dass der Übersichtlichkeit halber einer oder mehrere Tiere nicht angeführt wurden.

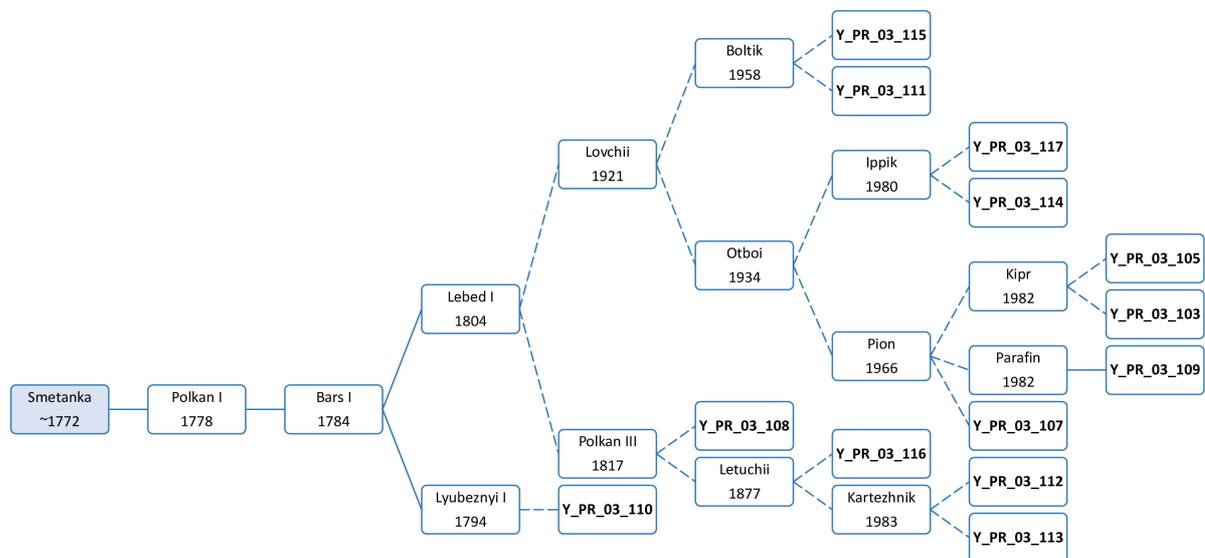


Abbildung 14 Stammbaum der männlichen Linien der untersuchten Orlov Traber. Der Gründerhengst Smetanka ist blau hinterlegt.

Für sämtliche Individuen wurde eine lückenlose Verwandtschaft zu Smetanka aufgezeichnet. Jene zwei Proben, für die der HT Tb-dM nachgewiesen werden konnte (Y\_PR\_03\_112, Y\_PR\_03\_113), haben als letzten gemeinsamen männlichen Vorfahren den Hengst Kartezhnik (1983). Zwei weitere untersuchte Hengste aus der Linie von Polkan III (1817) besitzen wie alle anderen jedoch den HT Tb-1.

### 3.2. Trakehner

Insgesamt wurden im Rahmen dieser Arbeit 23 Proben untersucht, die sich auf vier verschiedene HTen verteilen. In Tab. 15 sind die einzelnen Proben den für sie ermittelten Haplotypen zugeordnet.

Tabelle 15 Probenverteilung der Trakehner. Ergebnisse aus dieser Arbeit.

Tb-dW1		Tb-dW2	Ao-aA1b	Tb-oB#1
Y_PR_03_056	Y_PR_03_128	Y_PR_03_022	Y_PR_03_122	Y_PR_03_129
Y_PR_03_119	Y_PR_03_130	Y_PR_03_023	Y_PR_03_123	
Y_PR_03_120	Y_PR_03_133	Y_PR_03_126		
Y_PR_03_121	Y_PR_03_134	Y_PR_03_131		
Y_PR_03_124	Y_PR_03_135	Y_PR_03_132		
Y_PR_03_125	Y_PR_03_136	Y_PR_03_138		
Y_PR_03_127	Y_PR_03_137			

Mag. med. vet. Doris Rigler und Jennifer Zahn typisierten in unpublizierten Vorstudien russische Trakehner, von denen zehn Individuen mit ihren Untersuchungsergebnissen in den Datensatz aufgenommen wurden. Sie sind in Tab. 16 angeführt.

Tabelle 16 Probenverteilung der Trakehner. Ergebnisse aus Vorstudien.

Tb-dW1		Ao-aA1b	Tb-oB#1
Y_PR_03_021	Y_PR_03_029	Y_PR_03_031	Y_PR_03_034
Y_PR_03_026	Y_PR_03_031		
Y_PR_03_027	Y_PR_03_033		
Y_PR_03_028	Y_PR_03_055		

Für die Proben Y\_PR\_03\_034 und Y\_PR\_03\_129 wurde in der vorliegenden Arbeit der Haplotyp Tb-oB ermittelt, wobei aber weiterführende Untersuchungen durch Mag. med. vet. Doris Rigler für die betreffenden Individuen den HT Tb-oB1 ergaben. Um diesen Sachverhalt im Text hervorzuheben, wird der diesen Proben zugeordnete Haplotyp mit Tb-oB#1 bezeichnet.

Alle Ergebnisse aus Tab. 15 und Tab. 16 sind in Abb. 15 als Säulendiagramm dargestellt und in Abb. 16 erfolgt die Visualisierung anhand der Haplotyp-Struktur nach Felkel *et al.* 2019 (Felkel *et al.* 2019). Bis auf drei (9,1%) der insgesamt 33 untersuchten Hengste waren alle anderen 30 Proben in der Haplogruppe T (orange) zu finden. Hiervon stellt den Großteil mit 22 Proben (66,7%) der HT Tb-dW1, während sechs (18,2%) dem HT Tb-dW2 und zwei Proben (6,1%) dem HT Tb-oB#1 zuzurechnen sind. Für jene drei Tiere, welche nicht in diese Gruppe fallen, wurde die Haplogruppe A (grün) mit dem HT Ao-aA1b ermittelt.

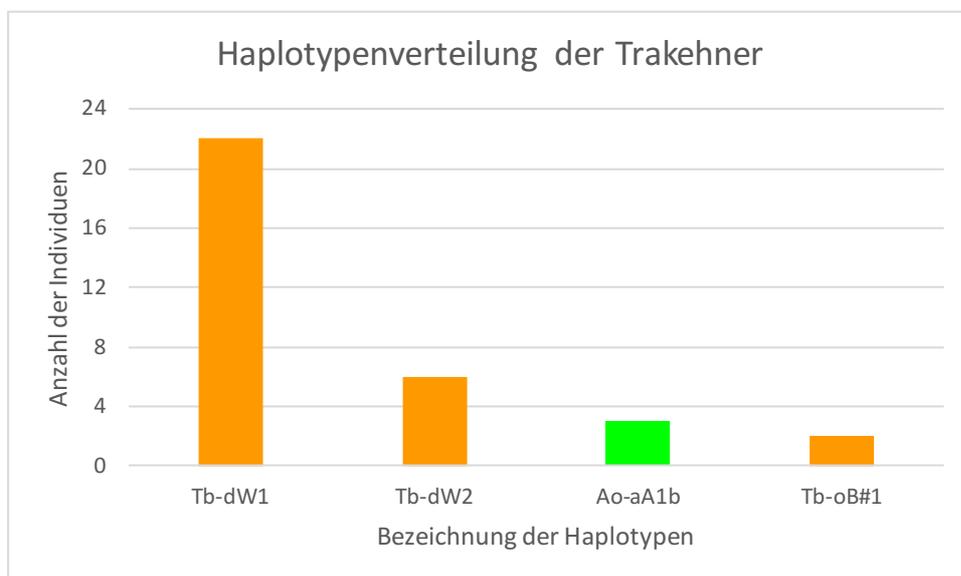


Abbildung 15 Haplotypenverteilung der Trakehner.



Die Abbildungen 17 bis 21 zeigen den Stammbaum aller untersuchten Hengste im Datensatz, die auf Darley Arabian (~1700) zurückgehen. Linien der Pferde, die Koheilan Adjuze (1876) als Vorfahren haben, finden sich in Abb. 22. Die beprobten Hengste wurden, um die Anonymität zu wahren, mit ihrer Probenbezeichnung benannt. Ihre Vorfahren werden mit Namen und Geburtsdatum angegeben. Ein durchgehender Strich bedeutet, dass eine direkte Verwandtschaft zwischen den zwei Hengsten besteht, während ein unterbrochener Strich zeigt, dass der Übersichtlichkeit halber einer oder mehrere Hengste in der väterlichen Linie nicht eingezeichnet wurden. Eine rote Umrandung zeigt eine nicht-russische Eigentümerschaft an dem betreffenden Pferd an. Die Pferde, deren Name blau umrahmt ist, befanden bzw. befinden sich in russischem Besitz. Der Begründer einer Linie ist farbig hinterlegt. Dies gilt für Abb. 17, Abb. 18, Abb. 19, Abb. 20, Abb. 21 und Abb. 22.

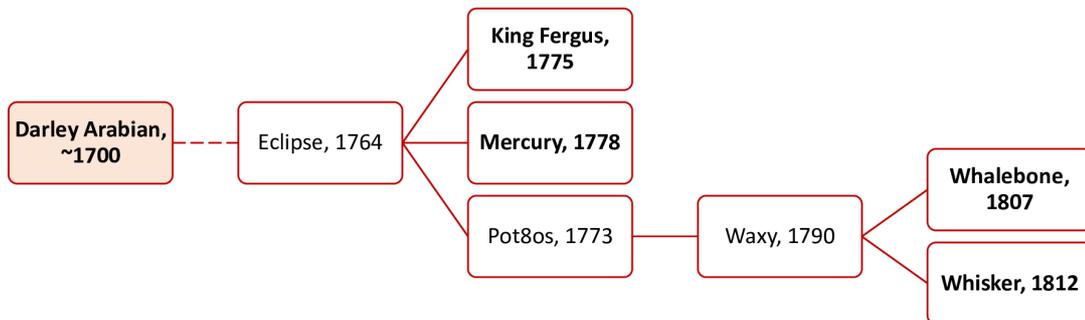


Abbildung 17 Stammbaum der männlichen Linie ausgehend von Darley Arabian (~1700).

Eclipse (1764, Cranborne Lodge Stud), der berühmte Nachkomme des orientalischen Hengstes Darley Arabian (~1700), begründete vier sehr einflussreiche Linien des Englischen Vollblutes, die in den Abb. 18 (King Fergus), Abb. 19 (Mercury), Abb. 20 (Whalebone) und Abb. 21 (Whisker) dargestellt werden.



Abbildung 18 Stammbaum der männlichen Linie von King Fergus (1775, Clay Hill Stud).

Der einzige russische Trakehner, dessen verwandtschaftliche Aufzeichnung auf den Hengst King Fergus (1775, Clay Hill Stud) zurückführt, weist den erwarteten HT Tb-oB#1 auf.

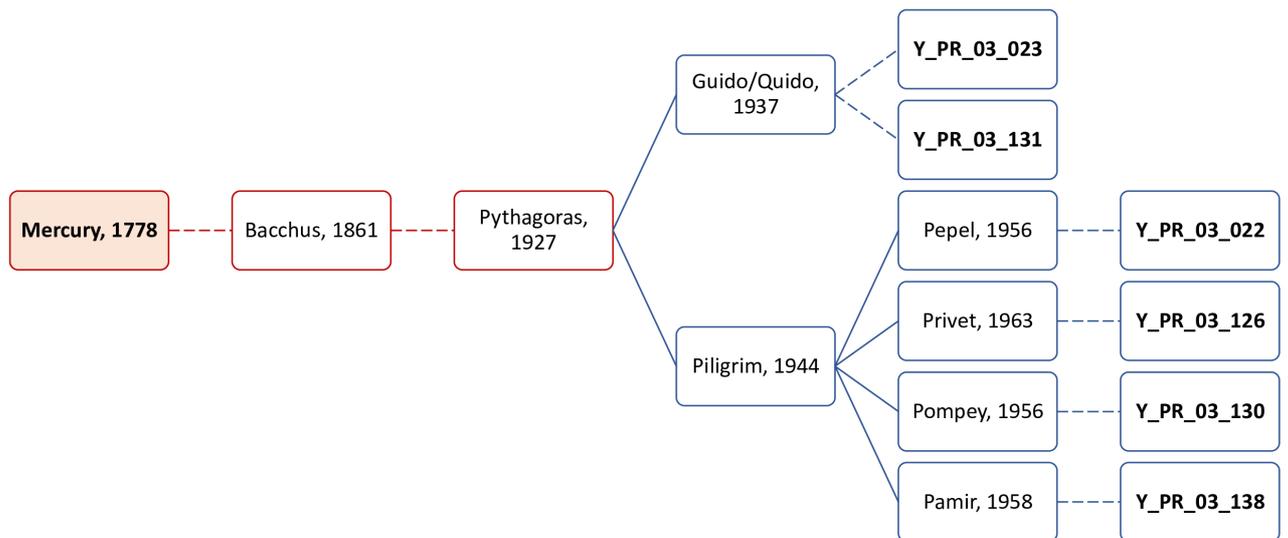


Abbildung 19 Stammbaum der männlichen Linie von Mercury (1778, Clay Hill Stud).

Die Nachkommen von den Pilgrim-Söhnen (1944, Hauptgestüt Trakehnen) Pepel (1956, Kirow Stud), Privet (1963, Kirow Stud) und Pamir (1958, Kirow Stud) und die Nachfahren von Guido/Quido (1937, Hauptgestüt Trakehnen) besitzen den HT Tb-dW2. Probe Y\_PR\_03\_130, der Ausreißer in dieser Gruppe, für den der HT Tb-dW1 ermittelt wurde, hat als Vorfahren den Hengst Pompey (1956, Kirow Stud).

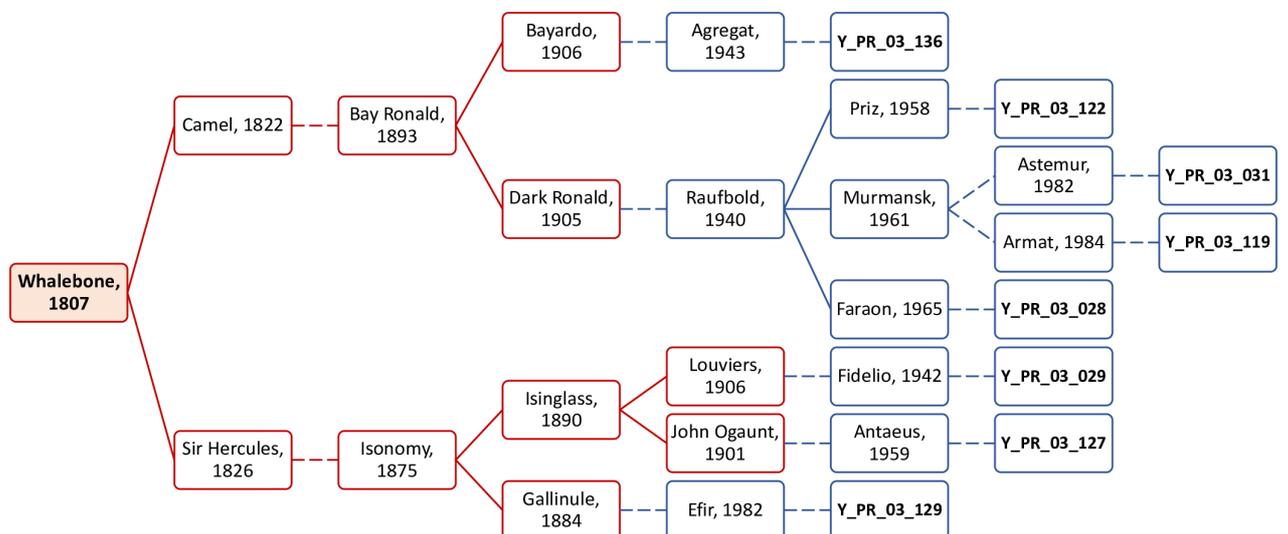


Abbildung 20 Stammbaum der männlichen Linie von Whalebone (1807, Euston Hall Stud).

Fast alle untersuchten Hengste, die als Vorfahren Whalebone (1807, Euston Hall Stud) in ihrem Stammbaum haben, besitzen den HT Tb-dW1. Mit zwei Ausnahmen: Für das Individuum von Probe Y\_PR\_03\_122, dessen Vorfahre Priz (1958, Voskhod Stud) einer der Raufbold-Nachkommen ist, wurde der HT Ao-aA1b bestimmt. Probe Y\_PR\_03\_129 besitzt den HT Tb-oB#1 und stellt mit seiner Verwandtschaft zu Gallinule (1884, Sefton Stud) eine in der getesteten Population relativ separat stehende Linie dar, die von Isonomy (1875, Yardley Stud) ausgeht.

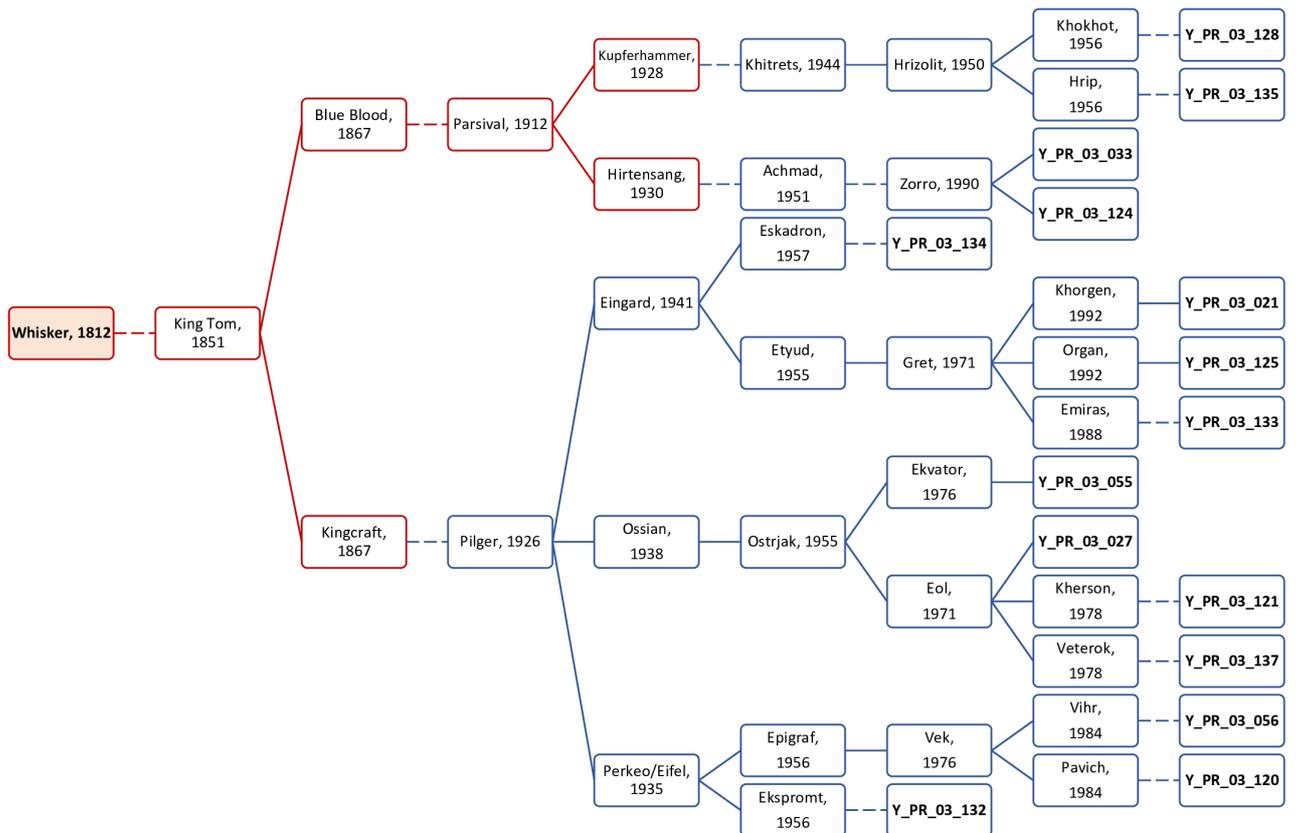


Abbildung 21 Stammbaum der männlichen Linie von Whisker (1812, Euston Hall Stud).

Die Nachkommen von Whisker (1812, Euston Hall Stud) tragen erwartungsgemäß den HT Tb-dW1. In der Nachkommenschaft von Perkeo/Eifel (1935, Hauptgestüt Trakehnen) finden sich drei untersuchte Hengste, von denen einer (Y\_PR\_03\_132) den HT Tb-dW2 besitzt. Für die anderen zwei Individuen dieser Linie (Y\_PR\_03\_056 und Y\_PR\_03\_120) ergibt sich wie für alle anderen Nachkommen von Whisker (1812, Euston Hall Stud) der HT Tb-dW1.

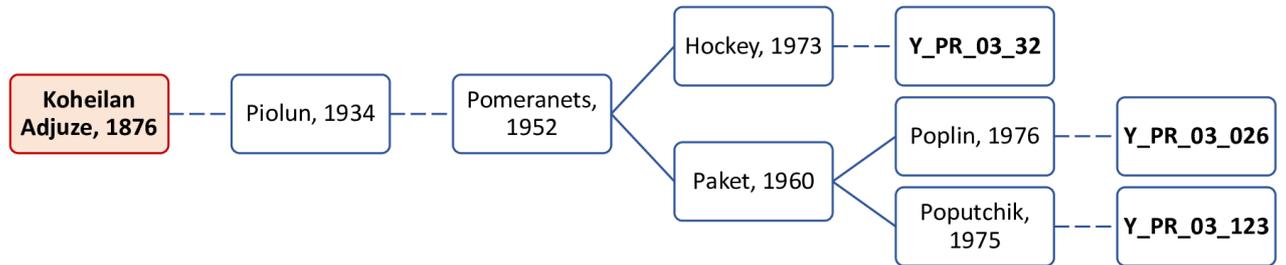


Abbildung 22 Stammbaum der männlichen Linie ausgehend von Koheilan Adjuze.

Zwei der drei russischen Trakehner, deren Pedigree auf Koheilan Adjuze (1876) zurückgeht, haben den HT Ao-aA1b. Für Probe Y\_PR\_03\_026 wurde jedoch der HT Tb-dW1 nachgewiesen.

### 3.3. Mesener Pferde

Die Hälfte (50%) der zehn untersuchten Individuen konnte dem HT Ad-hA1 in der Haplogruppe A (grün) mit zugeordnet werden. Ebenfalls in dieser Haplogruppe zu finden waren jeweils eine Probe mit dem HT Ad-h und eine mit dem HT Ad (jeweils 10%). Der HT Tb-dM aus der Haplogruppe T (orange) war einmal (10%) vertreten. Zwei Proben waren außerhalb der Krongruppe lokalisiert (braun), wobei die eine am Knotenpunkt HAT und die andere am Knotenpunkt NRMIJYHAT zu liegen kam (jeweils 10%).

In Tab. 17 sind die einzelnen Proben den für sie ermittelten Haplotypen zugeordnet. Die Ergebnisse sind in Abb. 23 als Säulendiagramm dargestellt und in Abb. 24 erfolgt die Visualisierung anhand der Haplotyp-Struktur nach Felkel *et al.* 2019 (Felkel et al. 2019).

Tabelle 17 Probenverteilung der Mesener Pferde.

Ad-hA1	Ad-h	Ad	HAT	NRMIJYHAT	Tb-dM
Y_PR_03_068	Y_PR_03_097	Y_PR_03_095	Y_PR_03_096	Y_PR_03_094	Y_PR_03_102
Y_PR_03_069					
Y_PR_03_093					
Y_PR_03_098					
Y_PR_03_099					

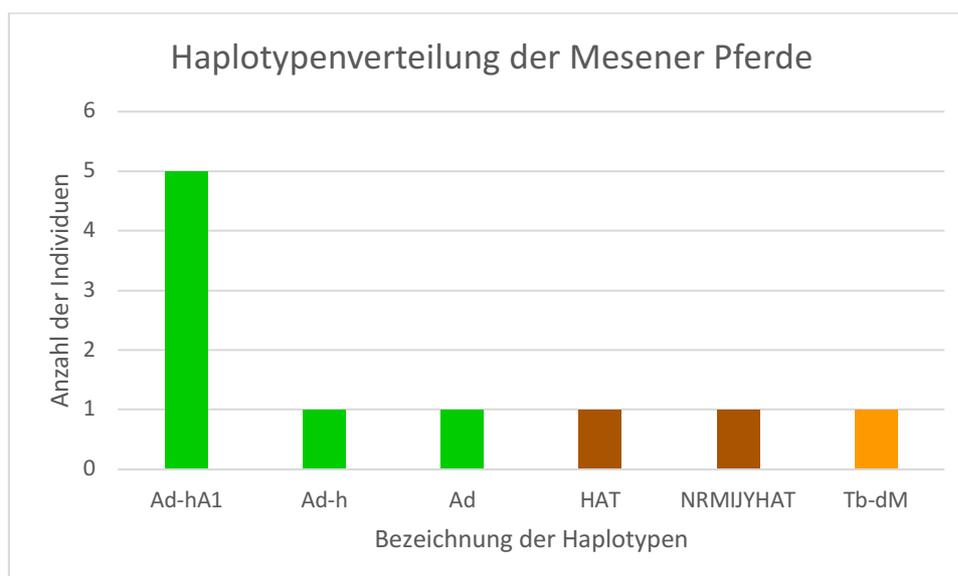


Abbildung 23 Haplotypenverteilung der Mesener Pferde.

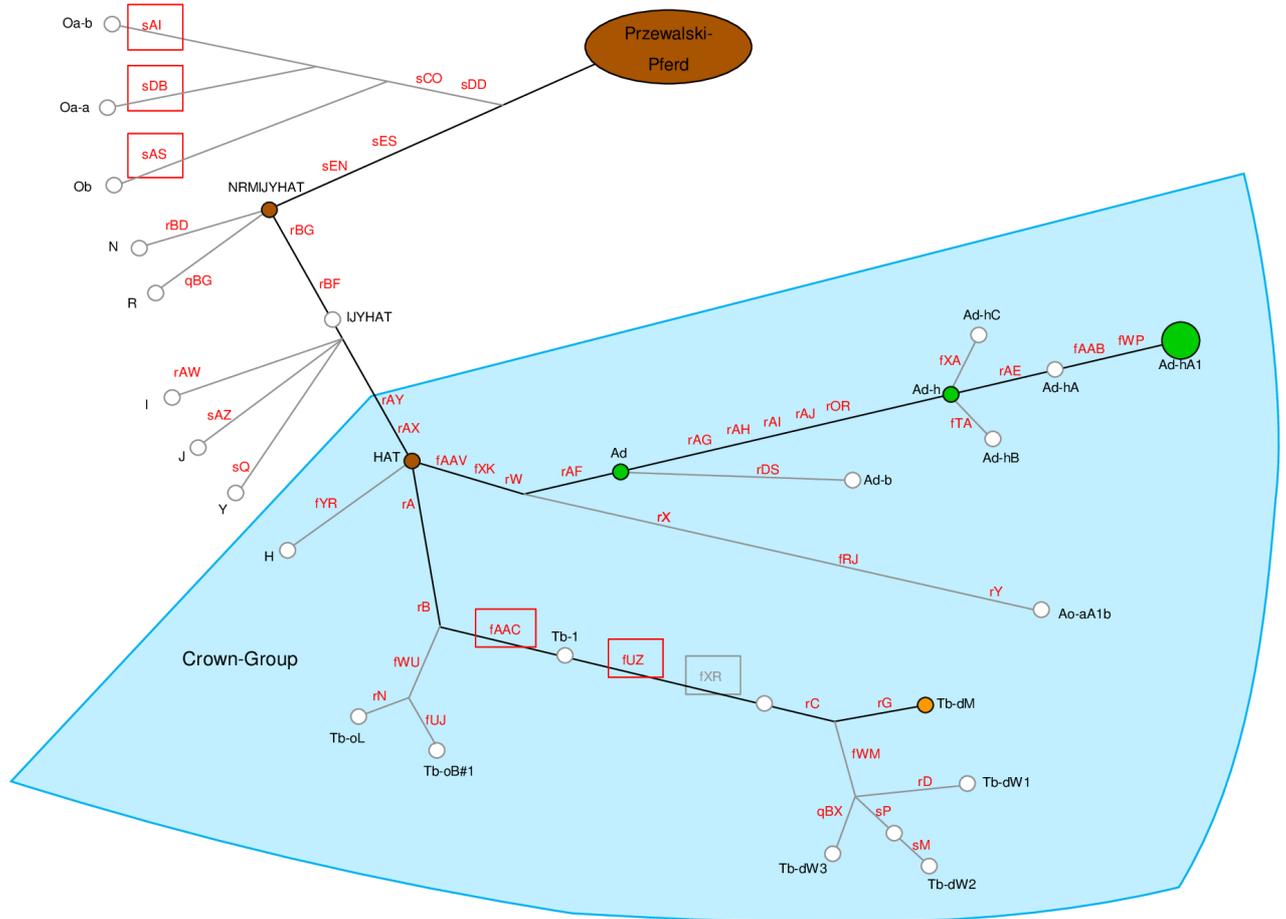


Abbildung 24 Vereinfachte Haplotyp-Struktur modifiziert nach Felkel *et al.* 2019 (Felkel *et al.* 2019).

Eingefärbt sind die in den Untersuchungen nachgewiesenen Haplotypen für Mesener Pferde. Jeder Kreis stellt einen eigenen Haplotyp (schwarze Schrift) dar. Die Größe der Kreise korreliert mit der Anzahl der Individuen. Die Farben markieren die einzelnen Haplogruppen. Die in dieser Arbeit erstmals verwendeten Marker sind umrahmt. Marker, die kein bewertbares Ergebnis lieferten, haben eine graue Schriftfarbe. Die Krongruppe ist blau hinterlegt. Haplotypen ohne Nachweis bei dieser Rasse werden farblos abgebildet.

### 3.4. Yakuten

Elf Proben wurden in dieser Arbeit erfolgreich typisiert. Vier verschiedene Haplotypen wurden detektiert, die alle außerhalb der Krongruppe lagen. In Tab. 18 sind die einzelnen Proben den in dieser Arbeit für sie ermittelten Haplotypen zugeordnet.

Tabelle 18 Probenverteilung der Yakuten. Ergebnisse aus dieser Arbeit.

Oa-b	Y	IJYHAT	NRMIJYHAT
Y_PR_03_083	BW-200wh	BW-320	Y_PR_03_
Y_PR_03_085	BW-201		
Y_PR_03_087	Y_PR_03_090		
Y_PR_03_089			
Y_PR_03_091			
Y_PR_03_092			

Zwölf weitere, bereits typisierte Proben wurden dem Datensatz hinzugefügt. Vier davon (Yak1, Yak4, Yak8, Yak9) entstammen einer Studie von Librado *et al.* (Librado *et al.* 2015) und wurden in Felkel *et al.* 2019 bereits untersucht. Die Ergebnisse der acht anderen stammen aus unpublizierten Untersuchungen von Mag. med. vet. Doris Rigler. Sie sind in Tab. 19 angeführt.

Tabelle 19 Probenverteilung der Yakuten. Ergebnisse aus Vorstudien.

	Y	Oa-b	Ob	Ad-hA
Yak9	BW-321	Yak8	Yak4	Yak1
BW-316	BW-322			
BW-317	BW-323			
BW-318	BW-324			
BW-319				

Die Ergebnisse der 23 Tiere aus Tab. 18 und Tab. 19 sind in Abb. 25 als Säulendiagramm dargestellt und in Abb. 26 erfolgt die Visualisierung anhand der Haplotyp-Struktur nach Felkel *et al.* 2019. (Felkel *et al.* 2019). Nur eine (4,3%) der 23 untersuchten Proben befand sich innerhalb der Krongruppe und besitzt den HT Ad-hA. HT Y stellt mit zwölf (52,2%) Proben die Mehrheit. Die Haplogruppe O war mit sieben (30,4%) Individuen mit dem HT Oa-b und einem (4,3%) Individuum mit dem HT Ob vertreten. Jeweils einmal gruppierte ein Tier auf die Knotenpunkte IJYHAT und NRMIJYHAT (jeweils 4,3%).

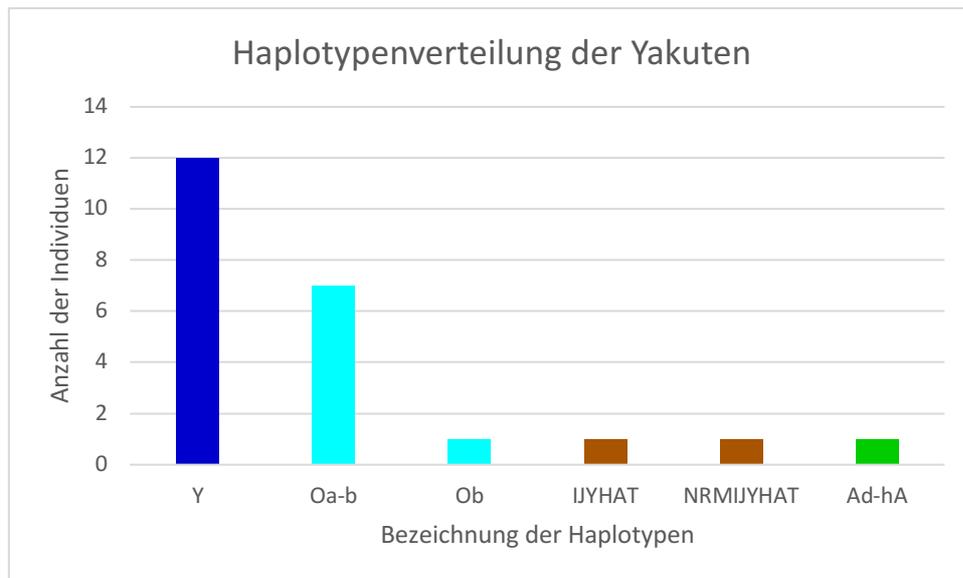


Abbildung 25 Haplotypenverteilung der Yakuten.

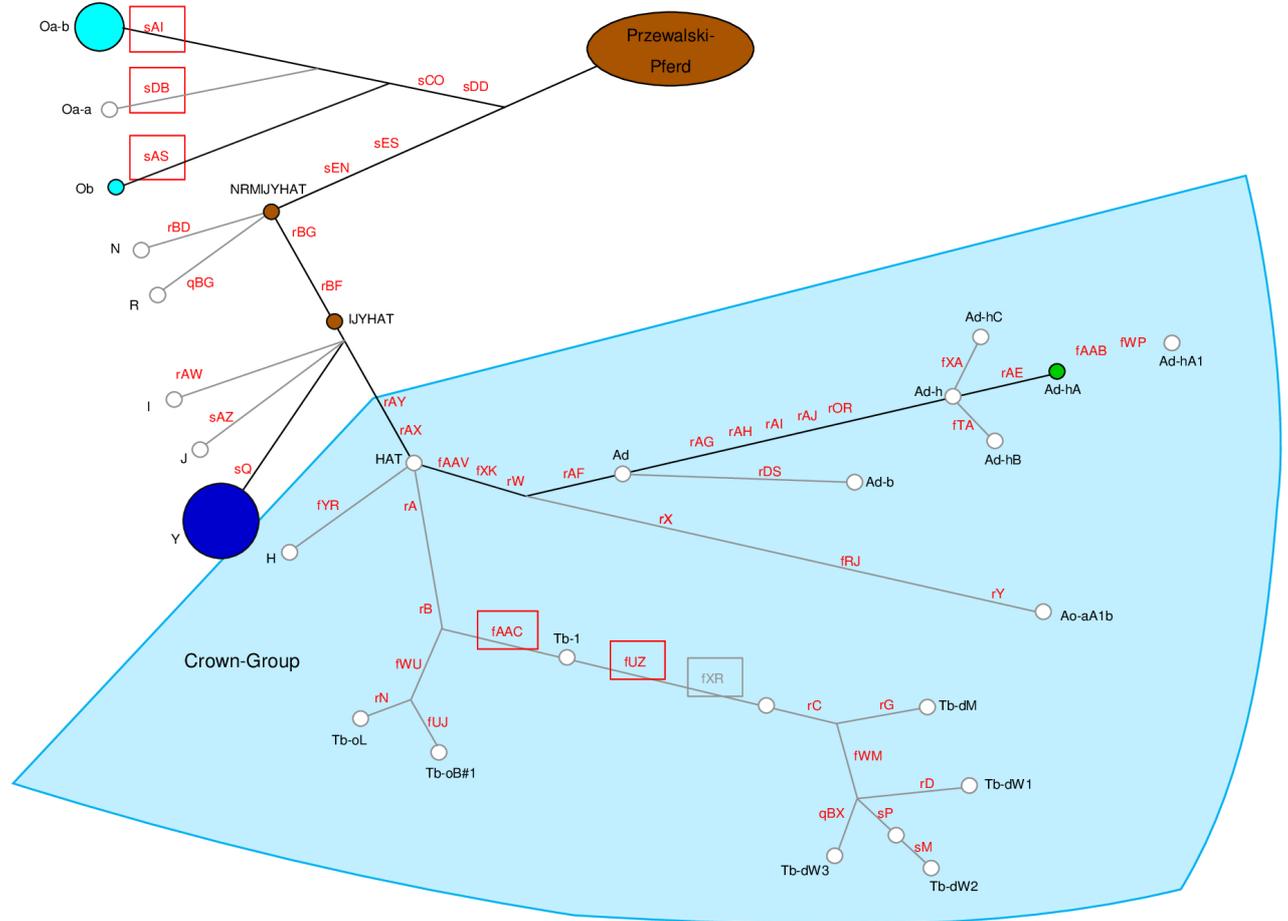


Abbildung 26 Vereinfachte Haplotyp-Struktur modifiziert nach Felkel *et al.* 2019 (Felkel *et al.* 2019).

Eingefärbt sind die in den Untersuchungen nachgewiesenen Haplotypen für Yakuten. Jeder Kreis stellt einen eigenen Haplotyp (schwarze Schrift) dar. Die Größe der Kreise korreliert mit der Anzahl der Individuen. Die Farben markieren die einzelnen Haplogruppen. Die in dieser Arbeit erstmals verwendeten Marker sind umrahmt. Marker, die kein bewertbares Ergebnis lieferten, haben eine graue Schriftfarbe. Die Krongruppe ist blau hinterlegt. Haplotypen ohne Nachweis bei dieser Rasse werden farblos abgebildet.

### 3.5. Haplotypendiversität

Für jede Rasse wurde nach Nei und Tajima 1991 die Haplotypendiversität berechnet. Dieser Parameter ist stets eine Zahl zwischen 0 und 1, wobei 0 für die kleinstmögliche und 1 für die größtmögliche Diversität an in der Population gefundenen Haplotypen steht. In den Tabellen 20 bis 23 sind die Werte für die vier untersuchten Pferderassen berechnet worden. Neben der Probenanzahl wurden auch die Verteilung der Proben auf die jeweiligen Haplotypen angeführt.

Tabelle 20 Haplotypendiversität der Orlow Traber.

Probenanzahl	HT-Verteilung		HT-Diversität
	Tb-1	Tb-dM	
13	11	2	0,28205128

Tabelle 21 Haplotypendiversität der Trakehner.

Probenanzahl	HT-Verteilung				HT-Diversität
	Tb-dW1	Tb-dW2	Ao-aA1b	Tb-oB#1	
33	22	6	3	2	0,533767426

Tabelle 22 Haplotypendiversität der Mesener Pferde.

Probenanzahl	HT-Verteilung						HT-Diversität
	Ad-hA1	Ad-h	Ad	HAT	NRMIJYHAT	Tb-dM	
10	5	1	1	1	1	1	0,77777778

Tabelle 23 Haplotypendiversität der Yakuten.

Probenanzahl	HT-Verteilung						HT-Diversität
	Y	Oa-b	Ob	Ad-hA	IJYHAT	NRMIJYHAT	
23	12	7	1	1	1	1	0,690359168

Den niedrigsten Wert weisen mit 0,28205128 die Orlow Traber auf, bei denen in den 13 untersuchten Proben lediglich zwei verschiedene Haplotypen gefunden wurde. Am diversesten stellt sich die Population der Mesener Pferde dar, für die eine Haplotypendiversität von 0,7778 berechnet wurde. Obwohl beide Pferderassen die gleiche Anzahl an Haplotypen besitzen, reihen sich die Yakuten mit einem Wert von 0,6904 knapp dahinter ein. Diese

Diskrepanz wird vor allem durch die kleinere Stichprobengröße und die gleichmäßigere Verteilung der Haplotypen bei den Mesener Pferden erklärt. In das Feld zwischen Orlow Trabern und Yakuten fallen die Trakehner, deren Berechnung der Haplotypendiversität 0,5338 ergab.

## 4. Diskussion

### 4.1. Neue Einblicke in die Haplotypenverteilung vier ausgewählter russischer Pferderassen

#### 4.1.1. Orlow Traber

Beide nachgewiesenen Haplotypen, Tb-1 und Tb-dM, sind in der großen Gruppe des T-Astes, der neben englischen Vollblütern und Arabern auch andere orientalische Pferde einschließt.

Beim Orlow Traber wird ein einziger männlicher Begründer der Rasse postuliert, Smetanka (~1772). Dies wurde in dieser Arbeit indirekt durch die ausgesprochen nahe Verwandtschaft der Hengste bestätigt. Smetanka (~1772) vererbte sein Y-Chromosom an alle seine männlichen Nachkommen weiter, wodurch fast 85% der untersuchten Individuen den HT Tb-1 aufweisen. Dieser HT wurde in einer Arbeit aus 2021 mit verschiedenen griechischen und nahöstlichen Pferderassen assoziiert. Es ist bekannt, dass Smetanka (~1772) aus der Türkei importiert wurde, eine Verwandtschaft zu diesen Pferderassen liegt also nahe (Schug 2021).

Der Nachweis von Tb-dM, ein HT, der laut Wallner 2019 charakteristisch für Standardbred und Traber ist, weist hingegen auf eine Einkreuzung von einem Hengst dieser Rassen ohne entsprechenden Vermerk im Pedigree hin (Wallner 2019). Es handelte sich hierbei um die Proben Y\_PR\_112 und Y\_PR\_113 aus der Linie von Polkan III (1817). Diese zwei Individuen sind eng verwandt und haben als letzten gemeinsamen Vorfahren den Hengst Kartezhnik (1983). Es ist also denkbar, dass bereits Kartezhnik (1983) diese Variation besaß und sie weitervererbte. Kartezhnik (1983) ist ein Nachfahre von Letuchii (1877), welcher wiederum der Ausgangspunkt für einen anderen Ast der Linie darstellt, von dem der Hengst zu Probe Y\_PR\_03\_116 abstammt. Jene Probe weist den in der Population der Orlow Traber überwiegend vorhandenen HT Tb-1 auf. Daher ist es sehr wahrscheinlich, dass die undokumentierte Verwendung von Standardbred-Hengsten nach dem Hengst Letuchii (1877), aber vor Kartezhnik (1983) geschah. Alternativ dazu könnte die Einkreuzung des fremden Blutes auch jeweils in der Ahnenlinie zwischen Kartezhnik (1983) und der Probe Y\_PR\_112 bzw. Y\_PR\_113 stattgefunden haben.

Die Verwandtschaftsverhältnisse wurden in Kapitel 3.1., Abb. 14 in ihrer Gesamtheit dargestellt. Abb. 27 zeigt in einem Ausschnitt von Abb. 14 die Linie von Polkan III (1817).

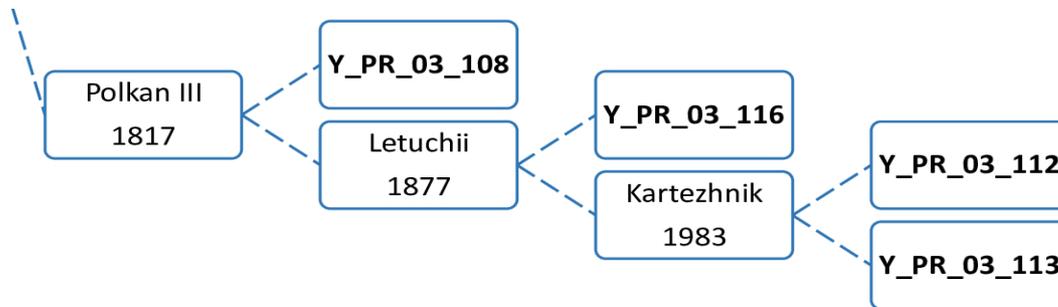


Abbildung 27 Der Ausschnitt aus Abb. 14 zeigt die Linie von Polkan III (1817).

Fages *et al.* stellten in ihrer Arbeit aus 2019 fest, dass der massive züchterische Einsatz weniger Hengste zu einer starken Reduktion der Y-chromosomalen Variabilität führt (Fages *et al.* 2019). Dieser Gründereffekt ist bei den Orlov Travern in einer Extremform zu beobachten: Die Verarmung an Haplotypendiversität ist in Abschnitt 3.5 auch rechnerisch bestätigt worden.

#### 4.1.2. Trakehner

Die Population der untersuchten russischen Trakehner kann anhand der Ergebnisse in zwei wesentliche Gruppen geteilt werden: Einerseits stammt die Mehrheit (90,9%) von englischen Vollblütern der Haplogruppe T ab, andererseits weist die Minderheit (9,1%) eine Verwandtschaft zu arabischen Pferden aus der Haplogruppe A auf.

Der in der ersten Gruppe am häufigsten vertretene HT Tb-dW1 wurde in der detaillierten Untersuchung von Felkel *et al.* 2019 mit dem Darley Arabian-Nachkommen Whalebone (1807, Euston Hall Stud) in Verbindung gebracht (Felkel *et al.* 2019). In der vorliegenden Arbeit konnte gezeigt werden, dass sein Vollbruder Whisker (1812, Euston Hall Stud) denselben Haplotyp aufweist. Bis auf drei Individuen (Y\_PR\_03\_122, Y\_PR\_03\_129, Y\_PR\_03\_132) besaßen alle 23 Tiere, deren Pedigree auf Whalebone (1807, Euston Hall Stud) oder Whisker (1812, Euston Hall Stud) zurückgeht, den identischen HT Tb-dW1. Bei den Ausreißern mit anderen Haplotypen muss davon ausgegangen werden, dass bei der züchterischen Dokumentierung Fehler unterlaufen sind.

Für die Nachkommen von Mercury (1778, O’Kelly’s Clay Hill Stud), dessen Linie neben Whalebone (1807, Euston Hall Stud) und Whisker (1812, Euston Hall Stud) ebenfalls auf Darley Arabian (~1700) zurückzuführen ist, wurde in Felkel *et al.* 2019 der HT Tb-dW2 bestimmt (Felkel *et al.* 2019). Dies wurde auch in der vorliegenden Arbeit bestätigt. Nur einer der sechs angeblich von Mercury abstammenden untersuchten Trakehner (Y\_PR\_03\_130) trug nicht den Tb-dW2, sondern besaß den für Whalebone (1807, Euston Hall Stud) oder Whisker (1812, Euston Hall Stud) typischen HT Tb-dW1. Da die anderen von Pilgrim (1944, Hauptgestüt Trakehnen) begründeten Linien Tb-dW2 besitzen, muss die falsch notierte Einkreuzung in der Linie des Pompey (1956, Kirow Stud) passiert sein. In Abbildung 28 ist Pilgrim (1944, Hauptgestüt Trakehnen) mit seinen Nachkommen dargestellt. Die kompletten Stammbäume (Abb. 17 bis Abb. 22) der untersuchten Trakehner finden sich in Abschnitt 3.2.

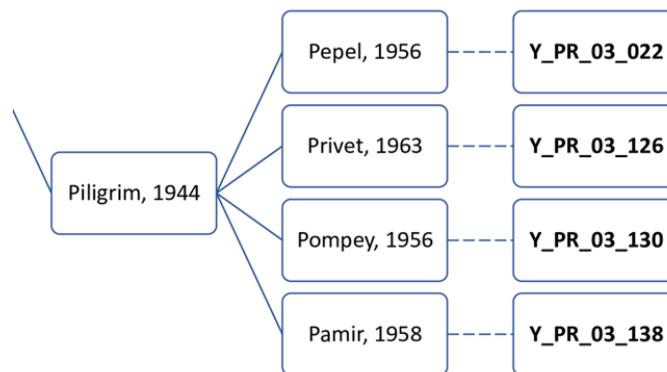


Abbildung 28 Der Ausschnitt aus Abb. 19 zeigt die Linie von Pilgrim (1944, Hauptgestüt Trakehnen).

Im Gegensatz dazu ließ sich für Probe Y\_PR\_03\_132, dessen Pedigree auf eine Zugehörigkeit zum HT Tb-dW1 hinweist, eine Verwandtschaft mit Mercury (1778, O’Kelly’s Clay Hill Stud) nachweisen. Hier geschah die Verwechslung in der Linie des Eksprompt (1955, Kirow Stud). In Abb. 29 ist die Linie von Perkeo/Eifel (1935, Hauptgestüt Trakehnen) zu sehen.

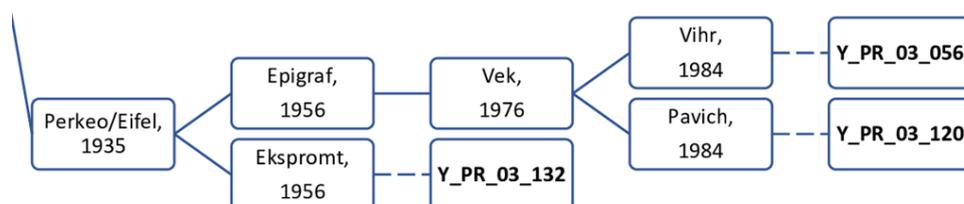


Abbildung 29 Der Ausschnitt aus Abb. 21 zeigt die Linie von Perkeo/Eifel (1935, Hauptgestüt Trakehnen).

Der Hengst King Fergus (1775, O’Kelly’s Clay Hill Stud) war nur im Pedigree von einem untersuchten Tier vorhanden (Y\_Pr\_03\_034). Wie in Felkel *et al.* 2019 festgestellt, geschah in der Linie von King Fergus (1775, O’Kelly’s Clay Hill Stud) eine falsche Zuordnung der väterlichen Abstammung im Pedigree. Folglich besitzen ab Galopin (1872, Lincolnshire) alle Nachkommen den HT Tb-oB1. Dies trifft auch auf die bereits erwähnte Probe Y\_Pr\_03\_034 zu. Tb-oB#1 wurde allerdings für noch ein zweites Individuum (Y\_PR\_03\_129) nachgewiesen, dessen Stammbaum irrtümlicherweise auf eine Verwandtschaft mit Whalebone (1807, Euston Hall Stud) deutet (Felkel *et al.* 2019). In dem Fall muss der Fehler in der Linie des Gallinule (1884, Sefton Stud) passiert sein. Der entsprechende Stammbaumausschnitt ist in Abb. 30 gezeigt.

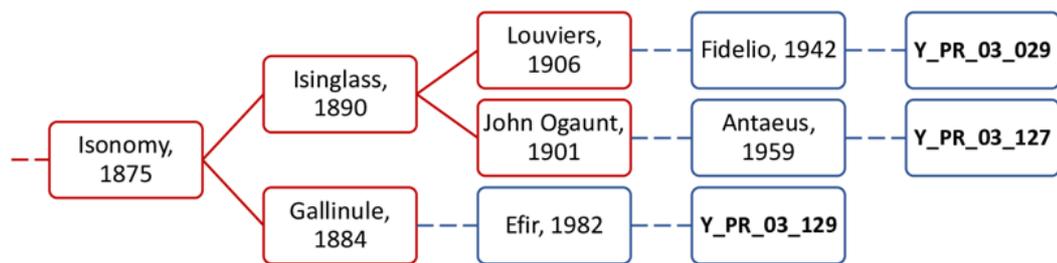


Abbildung 30 Der Ausschnitt aus Abb. 20 zeigt die Linie von Isonomy (1875, Yardley Stud).

Die Pedigrees von drei Pferden lassen sich auf den arabischen Hengst Koheilan Adjuze (1876) zurückführen. Für zwei dieser Tiere wurde auch der für Pferde arabischer Abstammung typische HT Ao-aA1b ermittelt (Wallner 2019). Das Ergebnis von Probe Y\_PR\_03\_026 hingegen weist den HT Tb-dW1 auf, wodurch eine Verwandtschaft mit einem Hengst der Linie nach Whalebone (1807, Euston Hall Stud) oder Whisker (1812, Euston Hall Stud) naheliegt. Die Einkreuzung fand in der Linie des Poplin (1976, Kirow Stud) statt, da die andere von seinem Vater Paket (1960, Kirow Stud) begründete Linie des Poputchnik (1975) den HT Ao-aA1b besitzt. Paket (1960, Kirow Stud) und seine Nachkommen sind in Abb. 31 zu sehen.

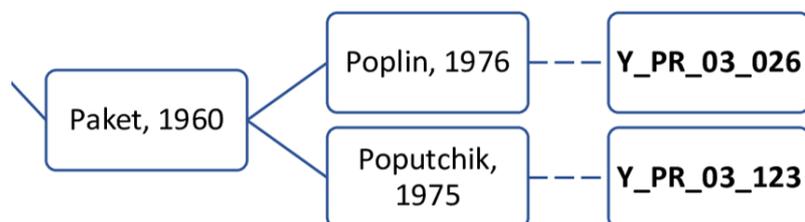


Abbildung 31 Der Ausschnitt aus Abb. 22 zeigt die Linie von Paket (1960, Kirow Stud).

Obwohl der Hengst von Probe Y\_PR\_03\_122 laut Pedigree von Whalebone (1807, Euston Hall Stud) abstammt, deutet das Untersuchungsergebnis auf eine arabische Abstammung mit dem HT Ao-aA1b hin. Weil die anderen Nachkommen Raufbolds (1940, Gebrüder Rösler) den HT Tb-dW1 haben, muss die falsche Zuordnung im Stammbaum in der Linie des Priz (1958, Voskhod Stud) geschehen sein. Abb. 32 illustriert diesen Sachverhalt.

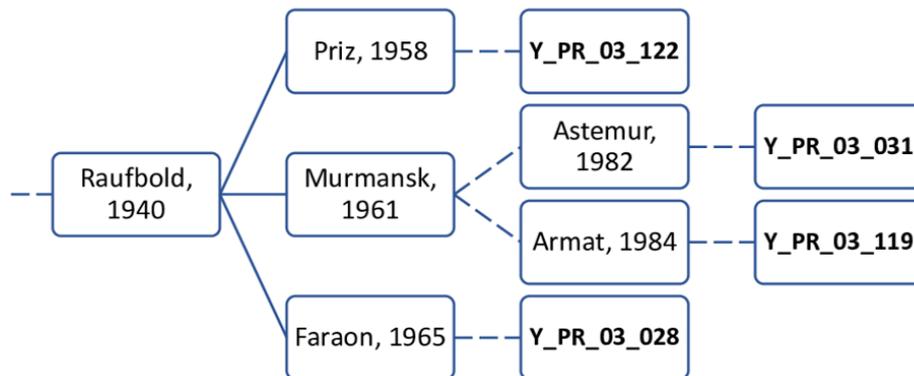


Abbildung 32 Der Ausschnitt aus Abb. 20 zeigt die Linie von Raufbold (1940, Gebrüder Rösler). Am idealen Beispiel der Trakehner wird das große Potential der Y-chromosomalen Haplotypenanalysen deutlich, da damit weit zurückreichende Pedigrees bezüglich der väterlichen Linien überprüft werden können. Erfreulicherweise ist hervorzuheben, dass bei den 33 untersuchten Trakehnern lediglich fünf Inkongruenzen in den paternalen Linien der Pedigrees nachgewiesen werden konnten. Diese Einkreuzungen fanden aber ausschließlich innerhalb der Rasse oder durch sehr nah verwandte Veredlerrassen statt.

Über die Entstehung dieser Fehler im Pedigree lässt sich mit dem derzeitigen Wissensstand nur spekulieren. Denkbar wäre beispielsweise durch die zeitliche Nähe zum zweiten Weltkrieg, dass manche in den Kriegswirren von Russland erbeutete deutsche Trakehner falsch zugeordnet wurden.

Auch wenn die Haplotypendiversität der Trakehner größer ist als bei den Orlow Trabern, ist doch eine gewisse Reduktion der Vielfalt mathematisch belegt (s. Abschnitt 3.5.). Die Ursache ist die intensive züchterische Bearbeitung und strenge Selektion der Zuchthengste. Der ursprünglichen Zuchtpopulation der Schweiken und weiteren Hengsten, die vor dem 19. Jahrhundert zur Zucht eingesetzt wurden, konnten keine Haplotypen zugewiesen werden. Mit den vorliegenden Ergebnissen wird bestätigt, dass durch den verstärkten Einsatz von Vollblutarabern und englischen Vollblütern andere Varianten des Y-Chromosoms vollständig verdrängt wurden.

#### 4.1.3. Mesener Pferde

Im Wesentlichen bestätigen die Ergebnisse der Untersuchungen das Wissen über die Zuchtgeschichte der Mesener Pferde: Der kürzliche Einfluss vielfältiger moderner Rassen auf die autochthone Ursprungspopulation ist deutlich sichtbar.

So konnte die Verwendung von Standardbred-Trabern als Zuchthengste mit dem Nachweis des HT Tb-dM bewiesen werden, wobei das die einzige Nähe zum T-Ast blieb (Wallner 2019).

Stärker vertreten war hingegen der A-Ast mit drei verschiedenen Haplotypen (Ad, Ad-h und Ad-hA1). Die HTen Ad und Ad-h wurde bisher jeweils einem Pindos und einem Skyros Pony zugeordnet und unterstreicht den Genfluss zwischen diesen autochthonen Rassen (Schug 2021). Die Hälfte der untersuchten Mesener Pferde besaßen den HT Ad-hA1, was durch die geschichtlich dokumentierte forcierte Einkreuzung von modernen Kaltblutpferden erklärt werden könnte (Wallner 2019).

Interessant ist die Gruppierung einiger Tiere an basalen Knotenpunkten (NRMIJYHAT und HAT). Diese basalen Knotenpunkte außerhalb und am Ursprung der Krongruppe wurden bislang bei Pferden des mongolischen Typus sowie bei Pferden aus Japan und Vietnam beschrieben. Wie in Han *et al.* 2019 und Chilla 2020 gezeigt, scheint demnach auch das Mesener Pferd seltene Haplotypen zu besitzen, die noch nicht weiter differenziert wurden. (Han *et al.* 2019; Chilla 2020)

Neben dem deutlichen Einschlag moderner Pferderassen blieben im Mesener Pferd offensichtlich einige der primitiveren Haplotypen erhalten, wodurch gemeinsam mit den Haplotypen aus dem A- und T-Ast eine außerordentlich große Haplotypenvielfalt entsteht. Damit besitzen die Mesener Pferde die höchste errechnete Haplotypendiversität der vier untersuchten Pferderassen. Hieraus kann man schließen, dass bei der Zucht auf eine große und vielfältige Hengstpopulation zurückgegriffen wurde (Fages *et al.* 2019).

#### 4.1.4. Yakuten

Bemerkenswert bei den untersuchten Yakuten ist, dass bis auf eine Ausnahme keine nähere Verwandtschaft zu den Haplotypen moderner Pferderassen vorhanden ist. Dieses einzelne Individuum besitzt den HT Ad-hA und scheint demnach ein Abkömmling von eingekreuzten modernen Kaltblutpferden zu sein (Wallner 2019).

Am stärksten vertreten war der HT Y, der bisher nur für yakutische Pferde bestimmt wurde und somit eine private Variation darstellt.

Auch mit den HT Oa-b und Ob verhält es sich ähnlich, wobei hier eine deutliche Verwandtschaft zu dem in mongolischen Pferdepopulationen festgestellten HT Oa-a besteht (Felkel *et al.* 2018).

Einen weiteren Hinweis bezüglich der genealogischen Nähe zu den Pferden mongolischer Abstammung liefert die Einordnung in den basalen Knotenpunkt NRMIJYHAT (Han *et al.* 2019; Chilla 2020). Auch das Vorhandensein des basalen Knotenpunktes IJYHAT bezeugt eine Nähe zu mongolischen Pferden sowie zu verschiedenen Pferderassen Japans, Koreas und Vietnams (Chilla 2020). Wie bei den Mesener Pferden (s. Abschnitt 4.1.3.) haben sich also in der Population der Yakuten ebenfalls seltene Haplotypen erhalten, die in weiterführenden Untersuchungen genauer betrachtet werden sollten.

Anhand der in dieser Arbeit angestellten Untersuchungen ist nach der Studie von Librado *et al.* 2015 erneut eine deutliche Verwandtschaft zu autochthonen Pferdegruppen mongolischen Ursprungs erwiesen worden (Librado *et al.* 2015).

Daneben haben sich bei den Yakuten für sie typische HT durchgesetzt, während sich die Einkreuzung moderner Pferderassen stark in Grenzen hält.

Somit besitzen die untersuchten Yakuten zwar nicht die höchste Haplotypendiversität in dieser Arbeit, aber sie zeigen eine sehr breite Vielfalt an Haplotypen, die sich außerhalb der Krongruppe befinden.

## **4.2. Erkenntnisse zu den Potenzialen und Limitierungen der Haplotypenanalysen basierend auf der KASP™-Technologie und Betrachtungen anhand der in Abschnitt 1.4 vorgestellten Szenarien**

Im Folgenden werden die Potenziale der Haplotypenanalysen unter allgemeinen Blickpunkten und anhand der in Abschnitt 1.4 vorgestellten Szenarien, die aus der Zuchtgeschichte der untersuchten Pferderassen abgeleitet wurden, betrachtet.

### **4.2.1. Allgemeine Betrachtungen und Vergleich mit NGS**

Labortechnisch betrachtet stellt die Haplotypenanalyse mit KASP™-Technologie ein Verfahren mit überschaubarem materiellem, personellem und zeitlichem Aufwand dar. Man kann so innerhalb kurzer Zeit große Pferdepopulationen umfangreich screenen. Eine detaillierte Kostenaufstellung würde den Rahmen dieser Arbeit sprengen, daher ist dieses Thema einer separaten Betrachtung vorbehalten.

Allerdings sind sinnvolle Untersuchungen nur in Kombination mit einer aus NGS-Daten gewonnenen generierten Struktur, die die abgeleiteten verwandtschaftlichen Beziehungen darstellt, möglich. Denn die alleinige Verwendung der Genotypisierungsstrategie gibt bloß dann detailliert Auskunft, wenn das untersuchte Individuum einen bereits zuvor beschriebenen Haplotyp besitzt. Individuen mit bislang unbeschriebenen Haplotypen werden im Zuge derartiger Untersuchungen lediglich an basalen Knotenpunkten der etablierten Struktur eingeordnet. Einige Vertreter des Mesener Pferdes und des Yakuten und der Großteil der Orlow Traber waren hiervon betroffen.

Andererseits lassen sich basierend auf den Haplotypenanalysen ganz gezielt wenige geeignete Tiere auswählen, die vielversprechende Kandidaten für NGS darstellen. Dies wären die bereits beschriebenen Individuen, die auf basale Knotenpunkte fallen und somit vermeintlich private Haplotypen tragen. Werden diese Tiere mittels NGS sequenziert, können deren private HTen ermittelt werden und der Phylogenie weitere Äste hinzugefügt werden.

### **4.2.2. Szenario 1: Durchgezüchtete Rasse mit einem einzigen Gründerhengst**

Besonders interessant aus züchterischer Sicht ist die Entdeckung von Unstimmigkeiten in der Dokumentation der väterlichen Linie, wie sie in zwei der untersuchten Orlow Traber entdeckt wurde. Es lassen sich sogar Rückschlüsse ziehen, wann in etwa die undokumentierte Einkreuzung blutsfremder Hengste stattgefunden hat. Möchte man diese Erkenntnisse

präzisieren, könnte die Untersuchung von weiteren Pferden der betreffenden Linie hilfreich sein.

Der bei den Orlow Trabern vorherrschende Haplotyp Tb-1 wurde in einer Arbeit aus 2021 auch bei verschiedenen Pferderassen des Nahen Ostens bzw. Griechenland nachgewiesen. Aufgrund der Herkunft Smetankas (~1772) liegt eine Zugehörigkeit zu dieser Population nahe. Die betreffenden Pferde bieten sich gemeinsam mit den Orlow Trabern für eine Untersuchung mittels NGS an. Möglicherweise können so dem vielverzweigten Abschnitt der modernen Pferde ein oder mehrere weitere Äste hinzugefügt werden.

#### **4.2.3. Szenario 2: Durchgezüchtete Rasse mit langer, bewegter Geschichte**

Ähnlich wie bei den Orlow Trabern ließen sich auch bei den Trakehnern falsch zugeordnete Verwandtschaften aufdecken und ein Zeitraum, in dem die Verwechslung passiert sein muss, eingrenzen.

Bei den untersuchten Trakehnern wurden ausschließlich bereits im Zuge anderer Untersuchungen bestens erforschte Haplotypen gefunden. Somit ergaben sich vor allem neue Erkenntnisse zur Haplotypendiversität in der betreffenden russischen Trakehnergruppe und es wurde die Zuchtgeschichte hinsichtlich der verwendeten Hengstrassen bestätigt. Ein genealogischer Vergleich und eine Gegenüberstellung der Haplotypenverteilung von russischen mit deutschen Trakehnern oder Trakehnern aus anderen Zuchtgruppen könnte hinsichtlich der Verwandtschaftsbeziehungen weitere Einblicke bringen.

#### **4.2.4. Szenario 3: Lokale Landrassen ohne forcierte Zuchtgeschichte**

Mangels verwertbarer Pedigrees konnten keine Betrachtungen der individuellen Verwandtschaften für die Mesener Pferde und Yakuten angestellt werden.

Die ausgesprochene Vielfalt an selten nachgewiesenen Haplotypen sind das Hauptmerkmal dieser beiden extensiv gezüchteten Rassen. Auf Basis der Haplotypenanalyse konnten somit auf ökonomische Art und Weise geeignete Individuen für die weitere Bearbeitung mit NGS ermittelt werden.

Die Haplotypenvielfalt in Mesener Pferden und Yakuten ergründet sich in dem Vorhandensein vieler verschiedener Hengstlinien. Trotz des Einkreuzens moderner Linien konnten sich wohl aufgrund weniger intensiver Selektion anders mehr wenig verwandte Hengstlinien bis in die Gegenwart erhalten, was im klaren Gegensatz zu Trakehnern und Orlow Trabern steht. Lokale Pferdepopulationen sind für genetische Studien besonders interessant, da vermutlich noch

viele weitere bisher unentdeckte Haplotypen zu finden sind. Weiters wäre es wichtig, derartige Populationen auch auf deren autosomale Sequenzdiversität zu untersuchen und diese Linien züchterisch zu erhalten.

### **4.3. Resümee und Ausblick**

Die Genotypisierung auf Y-chromosomale Haplotypen stellt eine arbeitstechnisch relativ einfache Methode dar, mit der eine große Anzahl an Proben in einem angemessenen zeitlichen Rahmen detailliert untersucht werden können. Zwingend erforderlich für eine optimale Interpretation der Ergebnisse ist jedoch ein mittels NGS gewonnener Basisdatensatz. Kombiniert können die Stärken der Genotypisierung mit KASP™-Technologie bestmöglich genutzt und die Schwächen kompensiert werden.

Aufbauend auf der Haplotypenanalyse der vorliegenden Arbeit ergeben sich Gelegenheiten für zukünftige Studien. Tiere, die auf basale Knotenpunkte fallen (Tb-1, Ad-h, Ad, HAT, NRMIJYHAT, IJYHAT) eignen sich für die weitere Untersuchung mit NGS, um so möglicherweise der Haplotypenstruktur weitere Äste hinzuzufügen, bzw. um ihre genaue Position darin besser zu verstehen.

Breiter angelegte Untersuchungen von Mesener Pferden und Yakuten könnten den Datensatz um weitere seltene oder neue Haplotypen vergrößern.

Zuchtgeschichtlich interessant wäre ein molekulargenetischer Vergleich der deutschen und russischen Trakehnerpopulation auch mit Beachtung der weniger häufig vertretenen Zuchtlinien. Sinnvoll wäre hier das Miteinbeziehen von den Stammbaumdaten.

Bei Trakehnern und Orlow Trabern kann die Y-Haplotypenanalyse genutzt werden, um Unregelmäßigkeiten im Pedigree aufzudecken, um gegebenenfalls entsprechende züchterische Konsequenzen daraus zu ziehen.

## 5. Zusammenfassung

In der vorliegenden Arbeit wurden mittels Y-Chromosomenanalyse drei Szenarien der Pferdezucht in vier russischen Pferderassen beleuchtet. Insgesamt wurden anhand von 50 biallelischen Markern die Y-chromosomalen Haplotypen von 79 Hengsten ermittelt, um damit genealogische Rückschlüsse auf die väterlichen Linien zu ziehen.

Das erste Szenario beschäftigte sich mit den Orlow Trabern, die als durchgezüchtete Rasse auf einen einzigen Gründerhengst zurückgehen. Bis auf zwei der 13 untersuchten Tiere wiesen alle den gleichen Haplotyp auf. Es wurde somit die gemeinsame Abstammung fast aller untersuchten Tiere von diesem einen Gründerhengst bestätigt. Weiters wurde eine im Pedigree nicht dokumentierte Einkreuzung aufgedeckt.

33 russische Trakehner bildeten als durchgezüchtete Rasse mit außergewöhnlich langer und bewegter Geschichte das zweite Szenario. In den untersuchten Tieren wurden, wie im Pedigree angegeben, ausschließlich bereits gut dokumentierte Hengstlinien der klassischen Veredlerrassen englisches Vollblut und Vollblutaraber. Zudem wurden wenige Pedigreefehler aufgedeckt, die wie bei den Orlow Trabern zeitlich eingegrenzt werden konnten.

Die Mesener Pferde und Yakuten ergaben, als wenig züchterisch bearbeitete Landrassen, das dritte Szenario. Die 33 untersuchten Tiere der beiden Rassen zeigten eine breites Haplotypenspektrum, was auf die weniger starke Selektion auf Hengste in der Zuchtpraxis zurückzuführen ist. Es konnten jedoch auch die in der allgemeinen Zuchthistorie vermerkten Einkreuzungen moderner Rassen bestätigt werden.

Besonderes Augenmerk wurde auf die Potentiale und Limitierungen der angewandten Methode der Y-chromosomalen Haplotypentypisierung mittels der KASP™-Technologie gelegt. Mit dieser Strategie war es möglich, viele Proben in kurzer Zeit mit mäßigem arbeitstechnischem und finanziellem Aufwand auf Y-Haplotypen zu untersuchen. Im Zuge der Untersuchungen wurde auch eine Limitierung der Methode offensichtlich. Es wurde das Vorliegen von nicht weiter untersuchbare private Haplotypen offensichtlich. Diese Haplotypen müssen in weiterführenden Arbeiten durch das aufwendigere und teurere NGS charakterisiert werden. Kombiniert man jedoch die beiden Methoden, kann man mittels der passend ausgewählten Individuen den Informationsgehalt der Haplotypenstruktur maßgeblich und mit überschaubarem Aufwand ausbauen.

## 6. Summary

In this thesis, Y-chromosomal analysis based on 50 biallelic markers was applied to investigate three scenarios of horse breeding in four Russian horse breeds. In total, Y-chromosomal haplotypes of 79 stallions were determined in order to draw genealogical conclusions about their paternal lines.

The first scenario deals with Orlov Trotters, who are a thoroughly bred breed and trace back to one single founding stallion. All but two of the 13 Individuals studied had the same haplotype. The common descent of almost all examined animals from this one founder stallion was thus confirmed. Furthermore, a crossbreeding that was not documented in the pedigree was discovered.

Russian Trakehners, a breed with an exceptionally long and eventful history, formed the second scenario. The haplotypes detected in the 33 animals corroborated the influence of well-documented stallion lines from widely used refiner breeds, such as English Thoroughbreds and Arabian. In addition, a few pedigree errors were uncovered. The errors occurred, similar to the observation in Orlov Trotters, several generations back in time.

Mezen horses and Yakuts, two extensively bred landraces, resulted in the third scenario. The 33 animals studied from those breeds showed a broad spectrum of haplotypes. This could be explained by the less pronounced selection on stallions in breeding practice. However, crossbreeding with modern breeds, as noted in literature, could also be confirmed.

Particular attention was paid to the potential and limitations of Y-chromosomal haplotype typing using the KASP™ technology. With this strategy it was possible to screen many samples for Y-haplotypes with moderate technical and financial effort. However, a limitation of the method namely the presence of private haplotypes that could not be further investigated, became evident. These haplotypes need to be characterized in future work by the more complex and expensive NGS technology. Combining these two approaches, which means sequencing appropriately selected individuals based on haplotyping results, would significantly expand the information content of the haplotype structure with manageable effort.

## 7. Abkürzungsverzeichnis

A	Adenin
Abb.	Abbildung
C	Cytosin
EDTA	Ethylendiamintetraacetat
FAM	6-Carboxy-Fluorescein
G	Guanin
HEX	Hexachloro-Fluorescein
HT	Haplotyp
InDels	Insertionen und Deletionen
KASP™	kompetitive allel-spezifische PCR
Mb	Megabasen
mtDNA	mitochondriale DNA
DNA	deoxyribonucleic acid
NGS	Next Generation Sequencing
NRY	non-recombining region of the Y chromosome
PAR	pseudoautosomale Region
PCR	polymerase chain reaction
SNPs	single nucleotide polymorphisms
Tab.	Tabelle
T	Thymin
Tris	Tris(hydroxymethyl)-aminomethan

## 8. Literaturverzeichnis

All Breed Database (o.J.): All Breed Database. Pedigree Online. Online verfügbar unter <https://www.allbreedpedigree.com/>, zuletzt geprüft am 27.07.2019.

Arnemann, J. (2019): Lexikon der Medizinischen Laboratoriumsdiagnostik. Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag GmbH Deutschland (Springer Reference Medizin).

Chilla, C. (2020): Genetische Untersuchungen zu paternalen Linien in Pferdepopulationen Südostasiens. Wien.

Crubézy, E.; Amory, S.; Keyser, C.; Bouakaze, C.; Bodner, M.; Gibert, M. et al. (2010): Human evolution in Siberia: from frozen bodies to ancient DNA. In: *BMC evolutionary biology* 10, S. 25. DOI: 10.1186/1471-2148-10-25.

Dmitriev, N. G.; Ernst, L. K. (1989): Animal genetic resources of the USSR. Hg. v. Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture. Rome: FAO (FAO Animal production and health paper, 65).

Fages, A.; Hanghøj, K.; Khan, N.; Gaunitz, C.; Seguin-Orlando, A.; Leonardi, M. et al. (2019): Tracking Five Millennia of Horse Management with Extensive Ancient Genome Time Series. In: *Cell* 177 (6), 1419-1435.e31. DOI: 10.1016/j.cell.2019.03.049.

Felkel, S.; Vogl, C.; Rigler, D.; Dobretsberger, V.; Chowdhary, B. P.; Distl, O. et al. (2019): The horse Y chromosome as an informative marker for tracing sire lines. In: *Scientific reports* 9 (1), S. 6095. DOI: 10.1038/s41598-019-42640-w.

Felkel, S.; Vogl, C.; Rigler, D.; Jagannathan, V.; Leeb, T.; Fries, R. et al. (2018): Asian horses deepen the MSY phylogeny. In: *Animal genetics* 49 (1), S. 90–93. DOI: 10.1111/age.12635.

Fey, M. (2018): Genetische Untersuchungen zu den Hengstlinien des Islandpferdes. Wien.

Gestüt Chrenowskoi (Hg.) (2016): Geschichte der Orlov Traber (erster Teil). Online verfügbar unter <http://konezavod.ru/istoriya-orlovskix-ryakov-chast-pervaya/>, zuletzt aktualisiert am 11.03.2016, zuletzt geprüft am 10.01.2020.

Han, H.; Wallner, B.; Rigler, D.; MacHugh, D. E.; Manglai, D.; Hill, E. W. (2019): Chinese Mongolian horses may retain early domestic male genetic lineages yet to be discovered. In: *Animal genetics* 50 (4), S. 399–402. DOI: 10.1111/age.12780.

Harrassowitz-Verlag (Hg.) (1994): Beiträge zur "7. Internationalen Konferenz zur Geschichte des Kiever und des Moskauer Reiches". Internationale Konferenz zur Geschichte des Kiever und des Moskauer Reiches. Wiesbaden: Harrassowitz (Forschungen zur osteuropäischen Geschichte, 50).

He, C.; Holme, J.; Anthony, J. (2014): SNP genotyping: the KASP assay. In: *Methods in molecular biology* (Clifton, N.J.) 1145, S. 75–86. DOI: 10.1007/978-1-4939-0446-4\_7.

Hendricks, B. L. (2007): International Encyclopedia of Horse Breeds. Pbk. ed. Norman: University of Oklahoma Press.

International Museum of the Horse (Hg.) (o.J.): Orlov Trotter. Online verfügbar unter <http://imh.org/exhibits/online/breeds-of-the-world/europe/orlov-trotter/>, zuletzt geprüft am 09.01.2020.

Jobling, M. A.; Tyler-Smith, C. (1995): Fathers and sons: the Y chromosome and human evolution. In: *Trends in Genetics* 11 (11), S. 449–456. DOI: 10.1016/s0168-9525(00)89144-1.

Koveshnikov, V. S.; Kalashnikov, R. V.; Rozhdestvenskaya, G. A.; Pustovoy, V. F.; Sergiyenko, G. F.; Zakharov, V. A. et al. (2019): Horse breeding in Russia – state, trends, prospects (2). Online verfügbar unter <http://www.bipublication.com/files/ijabr2019232Koveshnikov.pdf>, zuletzt geprüft am 12.02.2021.

LGC Limited (Hg.) (2015): KASP genotyping technology.

Librado, P.; Der Sarkissian, C.; Ermini, L.; Schubert, M.; Jónsson, H.; Albrechtsen, A. et al. (2015): Tracking the origins of Yakutian horses and the genetic basis for their fast adaptation to subarctic environments. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 112 (50), E6889-97. DOI: 10.1073/pnas.1513696112.

Moscow Stud Farm No 1 (Hg.) (2019): Meet Russia's Orlov Trotters! Online verfügbar unter <http://auction.rpkz.org/about-orlov-trotters>, zuletzt aktualisiert am 05.10.2019, zuletzt geprüft am 10.01.2020.

Mühlberger, M.-L. (2019): Genetische Untersuchung zu paternalen Linien in Kaltblutpferden und Kleinpferden Europas. Wien.

Nei, M.; Tajima, F. (1981): DNA Polymorphism Detectable by Restriction Endonucleases. In: *Genetics* 97 (1), S. 145–163.

Outram, A. K.; Stear, N. A.; Bendrey, R.; Olsen, S.; Kasparov, A.; Zaibert, V. et al. (2009): The earliest horse harnessing and milking. In: *Science (New York, N.Y.)* 323 (5919), S. 1332–1335. DOI: 10.1126/science.1168594.

Raudsepp, T.; Santani, A.; Wallner, B.; Kata, S. R.; Ren, C.; Zhang, H.-B. et al. (2004): A detailed physical map of the horse Y chromosome. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 101 (25), S. 9321–9326. DOI: 10.1073/pnas.0403011101.

Rus Trakehner Database (o.J.): Rus Trakehner Database. Online verfügbar unter <http://www.trk-base.com/>, zuletzt geprüft am 27.02.2020.

Russipedia (Hg.) (o.J.): Of Russian Origin: Troika. Autonomous Nonprofit Organization “TV-Novosti”. Online verfügbar unter <https://russiapedia.rt.com/of-russian-origin/troika/>, zuletzt geprüft am 10.01.2020.

Schug, P. (2021): Analysis of paternal lineages in selected Caucasian, Central Asian and Greek horse populations with Y chromosomal markers. Wien.

Schulte, E. (1998): Trakehnens Pferde. Ein Rasseporträt des Trakehners. [Lüneburg]: Cadmos-Verl. (Cadmos-Pferdebücher).

Spektrum der Wissenschaft Verlagsgesellschaft m.b.H. (Hg.) (o.J.): Y-Chromosom. Lexikon der Biologie. Online verfügbar unter <https://www.spektrum.de/lexikon/biologie/y-chromosom/71354>, zuletzt geprüft am 14.01.2020.

Underhill, P. A.; Kivisild, T. (2007): Use of y chromosome and mitochondrial DNA population structure in tracing human migrations. In: *Annual review of genetics* 41, S. 539–564. DOI: 10.1146/annurev.genet.41.110306.130407.

Wallner, B. (2019): Genetische Charakterisierung der Hengststämme österreichischer Pferderassen mit Y-chromosomalen DNA Markern. Endbericht zum Forschungsprojekt Nummer 101184. Unter Mitarbeit von S. Felkel, 15.01.2019.

Wallner, B.; Palmieri, N.; Vogl, C.; Rigler, D.; Bozlak, E.; Druml, T. et al. (2017): Y Chromosome Uncovers the Recent Oriental Origin of Modern Stallions. In: *Current biology : CB* 27 (13), 2029-2035.e5. DOI: 10.1016/j.cub.2017.05.086.

Wallner, B.; Piumi, F.; Brem, G.; Müller, M.; Achmann, R. (2004): Isolation of Y chromosome-specific microsatellites in the horse and cross-species amplification in the genus *Equus*. In: *The Journal of heredity* 95 (2), S. 158–164. DOI: 10.1093/jhered/esh020.

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

## 9. Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1 Orlow Traber Kulon (1985, Gestüt Chrenowskoi). Copyright: Liliya V. Kalinkova. .....	2
Abbildung 2 Trakehner Obolensky (2005, Traken Rossiya horse stud farm). Copyright: Liliya V. Kalinkova.....	4
Abbildung 3 (20.03.2019) Mesener Pferd Chook (1997). Copyright: Russian Horse Breeds <a href="https://russianhorses.tumblr.com/post/183581629578/mezen-horse-stallion-chook">https://russianhorses.tumblr.com/post/183581629578/mezen-horse-stallion-chook</a> . ....	6
Abbildung 4 Eine Herde von Yakuten in ihrer natürlichen, winterlichen Umgebung. Copyright: Mikhail Cheremkin <a href="https://www.bitmagazine.nl/rassen/alles-over-de-jakoet-uit-jakoetie/97389/">https://www.bitmagazine.nl/rassen/alles-over-de-jakoet-uit-jakoetie/97389/</a> .....	7
Abbildung 5 Vererbung Y-chromosomaler, mitochondrialer und autosomaler DNA. Entnommen aus (Jobling und Tyler-Smith 1995).....	10
Abbildung 6 Die Genealogien der drei Gründerväter des englischen Vollblutes. Abbildung entnommen aus (Felkel <i>et al.</i> 2019).....	14
Abbildung 7 Die Haplotyp-Struktur in Form eines Stammbaumes, wie sie Felkel <i>et al.</i> 2019 ermittelten (Felkel <i>et al.</i> 2019).....	15
Abbildung 8 Beispiel einer Excel®-Datei nach Mag. med. vet. Doris Rigler.....	24
Abbildung 9 Beispiel eines Streudiagramms. Untersucht wurde der Marker rX. ....	27
Abbildung 10 Beispiel für die tabellarische Excel®-Darstellung der Daten. Untersucht wurde Marker rC.....	28
Abbildung 11 Vereinfachte Haplotyp-Struktur modifiziert nach Felkel <i>et al.</i> 2019 (Felkel <i>et al.</i> 2019). ....	31
Abbildung 12 Haplotypenverteilung der Orlow Traber. ....	37
Abbildung 13 Vereinfachte Haplotyp-Struktur modifiziert nach Felkel <i>et al.</i> 2019 (Felkel <i>et al.</i> 2019). ....	38
Abbildung 14 Stammbaum der männlichen Linien der untersuchten Orlow Traber. Der Gründerhengst Smetanka ist blau hinterlegt. ....	39
Abbildung 15 Haplotypenverteilung der Trakehner.....	41
Abbildung 16 Vereinfachte Haplotyp-Struktur nach Felkel <i>et al.</i> 2019 (Felkel <i>et al.</i> 2019). ...	42
Abbildung 17 Stammbaum der männlichen Linie ausgehend von Darley Arabian (~1700)...	43
Abbildung 18 Stammbaum der männlichen Linie von King Fergus (1775, Clay Hill Stud)....	43
Abbildung 19 Stammbaum der männlichen Linie von Mercury (1778, Clay Hill Stud).....	44
Abbildung 20 Stammbaum der männlichen Linie von Whalebone (1807, Euston Hall Stud).44	

Abbildung 21 Stammbaum der männlichen Linie von Whisker (1812, Euston Hall Stud).....	45
Abbildung 22 Stammbaum der männlichen Linie ausgehend von Koheilan Adjuze.....	46
Abbildung 23 Haplotypenverteilung der Mesener Pferde.....	47
Abbildung 24 Vereinfachte Haplotyp-Struktur modifiziert nach Felkel <i>et al.</i> 2019 (Felkel <i>et al.</i> 2019). .....	48
Abbildung 25 Haplotypenverteilung der Yakuten.....	50
Abbildung 26 Vereinfachte Haplotyp-Struktur modifiziert nach Felkel <i>et al.</i> 2019 (Felkel <i>et al.</i> 2019). .....	51
Abbildung 27 Der Ausschnitt aus Abb. 14 zeigt die Linie von Polkan III (1817). .....	55
Abbildung 28 Der Ausschnitt aus Abb. 19 zeigt die Linie von Piligrim (1944, Hauptgestüt Trakehnen). .....	56
Abbildung 29 Der Ausschnitt aus Abb. 21 zeigt die Linie von Perkeo/Eifel (1935, Hauptgestüt Trakehnen). .....	56
Abbildung 30 Der Ausschnitt aus Abb. 20 zeigt die Linie von Isonomy (1875, Yardley Stud). .....	57
Abbildung 31 Der Ausschnitt aus Abb. 22 zeigt die Linie von Paket (1960, Kirow Stud).....	57
Abbildung 32 Der Ausschnitt aus Abb. 20 zeigt die Linie von Raufbold (1940, Gebrüder Rösler). .....	58

## 10. Tabellenverzeichnis

Tabelle 1 Haplotypen und Beispiele für Pferderassen in denen sie detektiert wurden.....	17
Tabelle 2 Verwendete Chemikalien und Reagenzien .....	19
Tabelle 3 Verwendete Geräte und Werkzeuge.....	19
Tabelle 4 Verwendete Materialien.....	20
Tabelle 5 Verwendete Software und Programme.....	20
Tabelle 6 Verteilung der Proben auf die Pferderassen .....	21
Tabelle 7 Zusammensetzung des Lysis Puffers .....	22
Tabelle 8 Zusammensetzung des Reaktionsvolumens.....	25
Tabelle 9 Real-Time PCR-Protokoll .....	25
Tabelle 10 Recycle-Zyklus Protokoll .....	26
Tabelle 11 Benennung von Allel 1 und Allel 2 der Marker rC, rY und rD.....	29
Tabelle 12 Auflistung der verwendeten Marker, der zugeordneten Haplotypen bzw. der Haplogruppen, und die zwei Allele der jeweiligen Marker.....	32
Tabelle 13 Anzahl der untersuchten Proben und Anzahl der auswertbaren Proben .....	36
Tabelle 14 Probenverteilung der Orlov Traber.....	37
Tabelle 15 Probenverteilung der Trakehner. Ergebnisse aus dieser Arbeit. ....	40
Tabelle 16 Probenverteilung der Trakehner. Ergebnisse aus Vorstudien. ....	40
Tabelle 17 Probenverteilung der Mesener Pferde. ....	47
Tabelle 18 Probenverteilung der Yakuten. Ergebnisse aus dieser Arbeit. ....	49
Tabelle 19 Probenverteilung der Yakuten. Ergebnisse aus Vorstudien. ....	49
Tabelle 20 Haplotypendiversität der Orlov Traber. ....	52
Tabelle 21 Haplotypendiversität der Trakehner. ....	52
Tabelle 22 Haplotypendiversität der Mesener Pferde.....	52
Tabelle 23 Haplotypendiversität der Yakuten. ....	52
Tabelle 24 Haplotypenermittlung der Orlov Traber .....	88
Tabelle 25 Haplotypenermittlung der Trakehner.....	88
Tabelle 26 Haplotypenermittlung der Mesener Pferde Teil 1 .....	88
Tabelle 27 Haplotypenermittlung der Mesener Pferde Teil 2.....	89
Tabelle 28 Haplotypenermittlung der Mesener Pferde Teil 3.....	89
Tabelle 29 Haplotypenermittlung der Yakuten Teil 1 .....	89
Tabelle 30 Haplotypenermittlung der Yakuten Teil 2 .....	89

## 11. Anhang

### 11.1. Sequenzen der Y-chromosomalen SNPs

fAAB

LipY764\_contig468:1814

TTGACCTCAAATTTCCAGGTTCCAGGACTGTGAGAAATAAACACCTGCTTTTAAGCTGCC  
 CAGTCTGTGGCATTCTTATTGCAAGCCAAGAAAACCAACACACCATCTGATCCAGAAC  
 CAAATTGCAAGAAATATTTTTTAATAAT[G|C]TGTGTATAGAAATGATTCTTAATAGA  
 AACTAATGAGTAGCTCTACTAATTCAATAAAATTTATTTTTTCAGTCAATAATTTTAAAAA  
 ATTAAT TATGTAATTTGTAAAATCATAAATTTTGTGTCCCCATTTCTCTCTACCCCTGG  
 TTGAATG

fAAC

AAGGCGTTCATATGCCAACAGACGATATCCACACAACATAAAGAAATCTGAAAGACCCA  
 TACTGTCACACATTGGTGGGTGGAGAGGTTGGAGCACCCCTTGGAGGAGGTGGAATGG  
 GGTCAAAGAAAACCTTTGCTCCCTCTCCAAAAG[A/T]TTGCAATCCGAGACTGCACGCAGT  
 CTCCAAGGGGAAAAGAAAGGAGAGGGGATTCAATCATGGGAACATCAGAGATCCCTGA  
 GGTCTTCACAGCCAGGGGGAAACTGTCTACCAAGGTCAAAGCTAACCCAGGGGTGAA  
 CTCATCAAACC

fAAV

LipY764\_contig14:3071

ATTTTGCTCCTTGCAATGTTCCCTTATATTTATACTGAGTGATTATAACAAGGTTATGGGCA  
 GCTCCATTTCCCTCCTGAAGTAACATCTGAAGCTGTTCCCCCTTTTTTGTAAGCACGTAA  
 GTTTTCTTTCTCTCTGTGACAATCCACA[REF:T|ALT:C]ACATTCTGTCAACACATACATAT  
 CTTTTTAAAACAAATGAAGCCTTCAGAGTTTTGCACGTTCAAAGAACCTCTTCTGCTACA  
 AAATACCTTTTACTGAAAGGAATTCTAAACCTATTTTTTCAGTTCAGTTATTCTCCTATGCTT  
 CCCACG

fRJ

LipY764\_contig24:7498

TTAGAGATTATCTGCTTTCCTTGGCTCATGGCCCCCTTCCCCTAACTTCAAAGCCAGTG  
 GTTTGAGTCCTCATGCTACCATCACTCTGGTTCCTTCTTCTCTCTCCCTTTTCATTTA  
 TAAGGGCCCATGTGATTCCACTGGGCCC[A|G]CTTAGATAATCTAGGATCATCTCCCTAT  
 TTGAAGGTCGGCTAATTATCATCTGTTATTCCACCTACAACCTTTATTCCCCTTTTCCATGT  
 AAAGTAACATATTCACAGGTTCCGGGGATTCAAACTGGCATCTTTGGGGGATCATTAT  
 TC

fTA

LipY764\_contig59:25124

AAATACAAAATCCCTCATAAGTAACCTAACAGTGCACCTAAAGGACTGCAAAAAGTTGAA  
 CCAAGAAAGCCCAAATCAGAAGAAGGAAGGAAATAATAAAAGCGAGAGCAGAAATATGT  
 GAAATAGAGATGTAAAAATATAAGAGAAAA[A|C]AAAGCAATGAAATCAAGAGGTGGTTC  
 CTTGTAAACATAAACAAAATTGGCAAACCTTTAGCTAGACTCAACAAGAAAAAAGAGAAT  
 GGCTCAAATAAATAAAATCAGAAATGAAAGAGAAGAAATTACAATGGACATCTCAGAAAT  
 ACAA

fUJ

LipY764\_contig99:20419

CCTCAGTCTGTCCTGCAGCTCAATGACTTCCAATCTGTAATCCCTGGTTCCTCAAGATTC  
 TGCAAGGGAAGGAATGGGAGACCTTGAGCCCTTCAATGACCAGCCACCCAAAAGATAG  
 TTGTCCTTTTCTCTTGGGGTGTTCCTTTGTG[T|C]CTCTTCCTCATGTCCCTCTCCTTCCAT  
 GCAGTTCTAAAATGTCACTGTCCCTAGAATTCTGCCTGAAGCCCAGCAATGACTCTCCC  
 CATAATTTTAACCACCTTCTCTGTGGTAATCTCTGAGAAATGAAGGGAGACCCACAAG  
 GACCA

fUZ

AATAGGACCATTGGAATCAAGGAGCAGGGTACCTGGGTTTAAGGTAATGACAGTGTTTT  
 AAAGAAATCTGAGGGGAATCTAGCAGCATAACTTGACATTACCGTATCCTTTTCTTGGGT  
 AGCCAGAGATGTCCTTTAGTCTCTAGTAGG[C|T]TAGACACTTGACGAGGGGGTCCACAT  
 CATCATAGTTTGGCCCATAGTCAGTTGTTCTGCTTTTGTGATTAATAGGCAGGTGGCAGC  
 TACAGCTCTCAAGCATGGAGGCCATCCTTTCTCCATGGTGTCTAGCTTACCCTATTCAA  
 CGGAT

fWM

LipY764\_contig5:42484

GGGACAGAGTTGTTCCCGTGGCAACTAAGAAGACCTACTCTAATAATATTATCACAGCA  
 AGGTATCCACATTAATTTGCAGCATTTTATCCACTGAGCCCAGCAAGTGAGATGAGACTC  
 ACGATTTTCTAATTAATAACAAATTACAAG[T|C]ACAGTATTGAGAATTTTTAAATGACACT  
 GAAACCATTGATGGTGTTCCTGTTGCTCCCTTGGTAATTGTCTAAGTGTAGCTGATTG  
 AGGTAAATTAATGGTGGACATGCCCTAGTAAAGAGAATTGAGGTGTATTCTCCCTTTTC  
 ATC

fWP

LipY764\_contig192:14225

TTGGGAAGAATGTTAGCACAGGACTAATCTTGCTCAACAAAAATAAATTGATTAGTTAATT  
 AAATAAATACCAGTTACTAAATTCAAAGATATGATACTATTTCTGCACAATCAGTGCTCC  
 ATTAATGCAGAGGGATTTATGAGTATG[C|T]TTGTGTGCCCATATATTTTTTTTTTAAAGAT  
 TGGCACCTGAGCTAACAACTGCTGCCAATTTATTTTTTTCTTTCTGCTTTTTCTCCCAA  
 ATTCCCCCAGTACATAGTTGTATATTTAGCTGTGGGTCCTTCTAGTTAAGGCATGTGG

fWU

LipY764\_contig198:17295

TGGCACTGACTTTCAGTATGCAGTACTGCCATAAACCTTCAGTTAGTACAAAATGCACTA  
 TCTGGGAAATGCAATAAAGCAAAGTGCAATAAAATGATGTATGCCTGTATCTGATAAGGG  
 GTTAATATCTAAAACATAAAAAGAACTCA[T/A]ACAACTTAATAGGAAAACCCAAAATCTGA  
 TAAAAAATGGGTGGAAGACCTGAAGAGACATTTCCCAAAGAAGAATGGCCATATAGAT  
 GAATGGTTCATACAGATAACCAGCAAGGACATGAAAAGGTGATCAACATTATTAGTCATC  
 AAG

fXA

LipY764\_contig207:4276

ACATCTGCTTTCCCATCTTCCACCCAGTGTATGAAGGGTAATGGGTCCCTCTTACCT  
 CTATCAGTTCTCAGTAGGACACAGATTAAGACCCAAAACACAAAATTAGTTTCTCTAG  
 TACTAATTACATTGAAAGCATAGCTGCCT[C|T]ACTGTTTTATCCCATTCAAAATTCTCTT  
 CCGAAAATATTCATTGCATTCAAAGACATTGTGTTTCATAGGTTAAAACAACTCCTGAAC  
 TCCCAAAGAATGCAGAAAAGAAACCCAGAAAATTAGAGAACAGGAAGATATTCTGTA  
 GTA

fXK

LipY764\_contig240:2104

TTCAGCATCACTAATCATCAGGGAAATGAAAATCAGAACTATACTAAGATACCACCTTAC  
 ACTTGTCACAATGGCTATAGTCTCTGAGACTAAAATAACAAATGTTGGAGCAGGTGTAG  
 AGAAAAGGGAATCCTCATCCACTGCTAGT[REF:G|ALT:A]AGAATGCAACTGGTGCAGC  
 CACTATAGAAAAAGTACAGAGATTCCTCAAAAACTAAAAATAGAAATCCTATATGACC  
 CAACTATAGCACGACTGGGTATCTACCCAAACAACCTTGAATCAACAATCCAATGCAACA  
 TATGTACCCTT

fXR

AATCATATCTTCTAGCAATTTTCGTA CTGGATCAGTTTATATAAATTTCC TAGAGTGTTATT  
 TATCCATTGTCTTTTATGTCATTGCAAACAGTTTATCCTAAGTGAGGGGTGAGCAA ACTA  
 GGACCCATTTTTTATAAATAAAGCTCA[C/A]TGAAATACAGCTCTACCCATTTTTTCACATGT  
 TACTTGTGGTGGTTTTGAGGGTATAATGACAGAATTTGGTTGCTACAAGAAACATATAGA  
 TGACAAATTCTAAAATATTTAACATTTGGCTCCTTACAAAAAACTTCCCAGCCCTTATT

fYR

LipY764\_contig312:3646

ACACATTAGCAAAAACTGCTACTATTTACACAAACTCCAGATATGCCTTTGGAGTTTGT  
 CATGTGGTTAGCACAAATATGAAAATCCCATGGGTTCTTAAATTCTGTGGTATTACTTTGC  
 TATTGGGCATATAATTGCTGCCTTATTAC[REF:A|ALT:T]GTATATTCAGTAAAATGCTAT  
 TGTTCACTGCTCAGCTCGTGCAAGAGAAAACAACATTATTTTCTGGGAGTGATAGGGC  
 TGAAAAGGCTACTAAATACACAGCTAATAATGGACACCTCCCCTCCCATCCCTTTTCCA  
 CTC AATTTAT

qBG

LipY764\_contig31:23088

CCCTTTCTCTGTGGCATT CAGACTCAAATACTCCAAGGCATTGTTAATAAAATCCTTTGC  
 CTCTGAATATCATATTGAAAATGTAACAAGTAGCTCTGTGCACCAATTAACAGATACAAC  
 ATCAGCGGTCTGCAGAGTTGACCTAGCAA[REF:A/ALT:C]GTTTATTTTTTATTATAAAAAT  
 CTGCGCTATTTCAACCCAGCACAGTAAAATTTACTCCAGTTTAATGGCAACTGATTA ACT  
 GTCTGGATCCTATTTAGTATAACTCATCTCTAATGGAGTTAGCCCACAAATCTTAAATTGA  
 AGAGGATG

qBX

LipY764\_contig68:9050

GGTTCTCCTGCTCTCCTTTAACC CATAGGAGAAGGTCATGACTCAGAGGATCCCTCTTT  
 GCACTGAGCTGTACCAGACTAGAAATGTAGTGAGCAGCTAATTTCTTCCTGTGCTTTTT  
 CTATGTGGCCAATCTTGGTTTTTGTACTCC[REF:A/ALT:T]CTGGGTTGCTACAGCTTCTT  
 CATTGCATCCCAGAGCTCTCTTGGAGCTATTTATATTCGTGGGTAGTTTTTAAATCTTTTT  
 TGGAGGGCTGAGAATTGCCTTTTAGCTGGTTATCTTGTAGACCTCAGCCCTTTCAGTAA  
 TTACTTTTAA

rA LipY764\_contig54:27348

ATACTTGAGAGCACATGTTGCAAAGCCAAGATGCAGGGCCTAAGTTGTTTCGCAGAGAGC  
 AAGATTACCTCCTGGGACAACACTAGAGCAGGACCCAGAGGTGCTGCCTTTGCAACAGAG  
 CTAGGCTTCCATGAATGACTCTCGAGTTCTACA[T/A]TCACAGTTTGAGATTACTGTTTAG  
 AAAGCACACTTCTGTTGGTTGCAGGCGTGAATAACAGTGATTGTATAAAGTGTAGAATCA  
 CTTATTAGAAATCAGAGACAATCTATCTGTTGTTTCAGCCGGGTGGACACTGGACACCAC  
 CAGTCAG

rAE LipY764\_contig198:10724

AGGCAGTCTAGGAGTGTCCCTTA[G/C]TGACAGCTGCAAGACTGGGGCCTCAGATGAGGG  
 TATAAGCCTGTGTGCCAAAGTGAGGCAGAGCGAGAATACAAAGATGGGAGAAGGAGTG  
 CAACTAGGCAGAAGGCTTTCATTTCTTGAGTGCACCTCCATAGGCCCTATATCTGCGC

rAF LipY764\_contig112:2021

TATATAACATATAATAAATTAATATAAATGAATCAAAAATTAATAAATATAAAGTACACA  
 TATAAGTGTAGAGAGATTGATAGATAGTTTGACATGCATTTTCTGGAAGAACCCTGTCATA  
 TGTGATAAGTAGATTTTCA[G/A]GTGGGTCCATGGTATCTATATTTTTTTTTCACAATATCTA  
 TCTTTAATAGTCCACACAACTACAATTTCACTTTCAAGTGAAGTGAAGAAGTATTAATG  
 TTTCTGTGGTAACAATCATATTATAGTACTGACTGAAATATAATTAATTG

rAG

ACATCTAGAACTTTTCTTGAATTATTGCCCTCTAGACAACCATGAATCCTGGTGTTCCT  
 ATATTTTCTTAGCAGTACCCCTTATAAATGCCGGAATCCATGCATCACATAGATATGTA  
 ACTTATGTGGGTGTTTACTCGCACGTATAT[A/G]CCTATCCCAAGAAATGAGACACAACT  
 GTTCTACTGGCCAGGACTGGCCAGTGGAGTAAGGCATAATCTACTGACTTGGTTTCTCT  
 ACTTTACAATCCATGGGGAAGTTACATATCGGGAATGATGGGGTTCAGTACTTGCTATG  
 ACAA

rAH

CAGACTTAATGTTTTTGCCATTAAGGGAGTTTAATTGATGTTTTAACTTGAATTTCCCTA  
 TTCATGCATACTAGACAACCTTTTCATGTGTTAACAGTCATTCAGGTTTCTGTCTTCTAAGT  
 GCTATTCATTTTCTATTTTCTATGGAATTTTTTCCCTTTTTGTACTTATTTAAGAGAATCC  
 ATGTGTG[T/C]ATGTAAGTATTATATTCTGATAGACACACAAATATTATATTTACATCTAA

AATACATATGTTCTTGTGCATATGAATGTATTATAATACTATTGCATTCTTGATATTAAC  
CAAAAACATTTGGGGTAAAATTATGTTCCAATAGTCTTCACATATGCTTGGCTT

rAl

TTTACAATATTTATTTAATGATTTTTGTTAGTTTATTGTTTACCCTAACCATTCTCTCTTCAT  
TTAGATAGCAGTGACTGCTATTCTATTTGCTTTACGTGATTTATGACAAAACCTCCCAGGG  
CTATGAGAGTTTGAAGTCACATGAGAA[A/C]AAAGCAAGTAAGCCCTTTGCACCAGTCTC  
TCAGAGAGACACCAG

rAJ

GTTAGCAGTAGTCTAGGATGAAAGCATAGCTCACAGTTAATATTTATTTTCAGTCTGTGC  
TTTTTAAGCTATTTTTCCATTCACCTTATGATATTTCCAGTCTCAATGGCTTCTGTTTTCT  
ACCAATTTTGCTTTTGTTCGGTACTTAAG[T/A]CTTTTAATGACTTCCTTGTCTATATTAATTT  
CATTGCTTACTCCTTTATTTTATGAATTTTACATAGATTTTCAATTTGAAAAAATATCAACT  
TACTATTAATTTTTTTAAAACTTTAAATTTCTTTGTTGTTAATGATATGCTTCA

rAW

LipY764\_contig20:37008

CTCAAAAAAAGTCTTTCAAATAAACACTAACAGACTATTTTCAGCATTTCCTCCAGAAAT  
CATCTCCACAAAATTTCCAACCTTCAAGTAATTTTCCAGCATTAGAAAAAAGAATCAAAA  
TTCAACTTGAAAAATAGAGAAACAAAAG[T/C]GGCATAATATAATTTAGTTTAAACAGGAA  
TGCTGTTTACATTCAGAATTATATAATCCAAAGCAGTAAAGGATCTAGGCAATTGTGTAAT  
TGCTTATAAGAAGAGTGTCTTCTAAAATGGTAGAGAAGCATTCTAAGACTATATCTAGTT

rAX

LipY764\_contig359:7646

TTTTTCAACCATCACTTAATTTATAGAGAAAATCTGTTTAAGAAAGATAGTGACAGGAAA  
CAACACAACCCCAAATATTATCTCTGGCAAACAGTCTGTGATTAGTTGCCAGAATTATT  
GGAAAAATATAATTGAAACCAAATCTT[C//T]TGTAGAACAGAAATCCTCTATGAAGAC  
GGAACGAAATATCACCTTTTATGGAGCCAAAAGGCACATTGCATTACATACATCCTTG  
CAGGATAAAAATAACTAGTCGTCCTTAGAAGGAATTGACAGTACGGTTTGTCAAACATA  
GT

rAY LipY764\_contig60:5826

CATCATATTTTCATTTACTCTTTAAATCAAGATTTCTTTTACTTCTTAAAGTGTTTATAATG  
GGCTCTATGAATTCTTATAAAGAACCAATGTTTTTTTTACAGACAGATTCTGTTGACTGCA  
TTTTTGTTCAATTATGTCATAAATTCC[A/G]TTTATGTATGTTTCATATTCTTTGCTAGAAAC  
ATTTTATTTTATGTTCATTTTTTTCATGAAGATTAGCTCTGAGTTGACATCCACTGCCA

rB LipY764\_contig233:6238

AACCATGATGGTAAAAAATTTTAGTAATATTACGTTTGAAGTTATGAGCAGTTTTGTGTTG  
ACATAAACCTAATATGGAGATACCCAGAACAATAAATCATCTAGCATTAAATTCTTAAGA  
AAAACAATATATTAACAAATGGTAATT[C/G]TTATAAAAGTTTCTTCTGTATATGACTTT  
GTGATAGTGATGTCCTACACAGTAAAAATGATACATCCTATAAGATTTCTTTCAGATCTCA  
TTCAATTGTTATTGATGTAAAAAGTGCTTGTTTAGCAAAAGATAAAGGTAAATATTTA

rBD LipY764\_contig9:18120

AACACTCTTCTGGATCT[C/T]CTCAGCTGTAGACGCTATGGAGAAATCTCTTAATGACTCC  
ATGCACTTTAGCATCTCTCCTCTGCCCTCTGTTCCAAGACCCCAAATCTATTTCTCCCAA  
AGCACTAAGCAGATTGCTGCATTTTTCTCAAACCTCCTGATCTCTAACTAT

rBF LipY764\_contig26:10753

TAGAAAATTGAAGTTGTATATACTAAATTTTTAACCCCGAGGTATTTGGAGCTGTATTGTT  
CAGTAATACTGCTGATGAGTATAATTATGACTTTTCCAGTTTATATGTTTCAGTAGTTTTTTT  
TTTCTCTGACTCTTTTGTATGATGCTT[T/C]TAAACATTGGTAGATAATGAAATTGTTTGA  
AGGCATCTCCATTAAGCACTGAGTATGATGAACATATGTTTATGATTTTAAATGTCACATCAT  
CTAAATTATTTTTAAAGTTTTTTTTAAAAAATTAGGAATAGAGGGGCCAGCCCAGTGGC

rBG LipY764\_contig4:19212

AATCACTTTGCAATTAATTGGCATAAATTTCAAATGAATTCAGTTTATTTTACCATTACTA  
CTAAATGCCTTTATTTACTTCAGCAGTTTTTCTACAGAAATCGCTTAGATTGATTATATGC  
TAGAATTTTCCCTTTTGGGACCAAGAA[CT-  
/CTT]CATCTGAGTTTAAATGGGTGATTCATGCATAATAAACTATTAATAAATATGTTTTTTTA  
ATTTTGAGAGTAACCTTATTGCATCATAAAATATTATGGAATCTTGAAAATACACAACAGG  
AAATAAAAGTCATCAATACTCACAATTCAG

rC LipY764\_contig213:4369

TCAATTTTGGGAAGCTGGCAGCAGGTTCAATCAACATTTATTGAAGTGGTTGATTACTTT  
 CTTCTTCGTGAATAAAATACCTTGAGCTAATTTGAAGTGTCAAAGTTGTATCTCTCAGCA  
 CCATGGCAGTTGAAGAGATATGGATAATGC[T/C]AGGGAAGGGATTACAGGGCTTGACT  
 CATGCATGTTTTGACAGATCTTTTTACTTTTTCTTTCCAGTATCTGTTTAGGCAAATAAA  
 AAGAAAA

rD LipY764\_contig386:5920

TCCCTAATCCATTTAGTAACCTCCCTCTGCTGAGCATCTAGGATTCCAGAAATGAAATC  
 TGGGTCCAAGATAAGTCTTTTCAAACATGTTGCCAACTACTCACCAGAAAAGCTGTCAG  
 ATTCGTAGTCTAATCAGCATTAGAACAAGT[T/  
 ]AAGTGCTTATTTCTCACAGTCTCACCCACAATGGGCACTGCTCTTCTATTAGATCTCTGT  
 CAACTTGACAGTAAACCTAGTGTCTCACTTTTAACTTGTAGGTCCTAGTTAACTCTTT  
 TTATATGCTTGTTTCCTATATGTACTTCT

rDS LipY764\_contig327:4566

AAAAGCAAACCCTGCCTTCCCTTGAGCCTTTTTTGGCACAATGTAGGTTGCATTCTTTTT  
 TTGCAAGCTGCTTGTGTGCTCTGTGGCTTCTAGAAAGAGATGTCCTGCAGAGGAAAAAA  
 GTGCATAGTGATTTCTATTTCTCCTGTCTGC[T/A]TTTGCACTGTGTTTTTTCTCTTCTTG  
 TCAACCAGGAAGAGCCTCTCATGGAGAGAACATTAGAAGTGTATACAACTCCTATTGGA  
 CAATCTATTTTCAAACAGATTTGCTTGGAAAATTCTATTTAACTTTGACATTCAGAATGA  
 TAT

rG LipY764\_contig146:3345

ATATAGGTTATGGGGAACCGGAAAATTATGGCAGGACATTAGTTTTGTTGCATTCTCTCT  
 ATTGAGTGTGTTTAAAGTCTGGCAGTCTGTCTCCAGAGATACGGACATAACTGCCAC  
 AAGATTGACCCTTATTTTCATCTGTACATAC[A/G]TAGGGATAAAAATGTTCTGTTTTCTGA  
 TTGTGTGGAAGTTTAATACTAAGACCT

rN LipY764\_contig76:5598

AGTAGATGCTGTGCATACAGTGGATTTGCATCACAGCTGAGAAATCCTGAATTTAGGAA  
 ATCTTGGTGTTTTAAACCTGCCAACCTCTTCCCCTGAAGGACATATTGTCTTTATCGTC  
 AATGGCTGTTTCTTGTAACAACCTCCTTAAA[G/A]ATAGTTTAAAAAAATCTGTCAGTCAT

AAAATCACCTCCTGTATCATTTCAATTTAAATGAAATGTCCAGAATATGCAAATCTGTCTAG  
AGAAAAAATAGTGATTGCCAAGGGCTGGGAAAGGGGAAAATGGGGATTGACTGCAAAT  
GAGT

rOR LipY764\_contig62:740

AGGAACAAATCCTGAGACTCCCCATGTCTCTTCCTGTAGTTGGGATATCAAATGGAAAT  
TGCACACAATTTCCCTGAGAAGAAAATGTTAGGACAGGGTCCATGTTTTATTTTTCCAC  
ATTGGATTGAACTACATAATCCTATCCTT[G/A]CTTTATAGTAGCATCTCAATAAATATTT  
GCTGAAGAAATGGAGGGATGGGTCGTGGTTCAGTAGTTAAGTAGGTAAGTAAGTGAATG  
GACAGGTGGATGGTAGATGAGTGACTAGAGGGAGAGGTGGTTGAATAATTCTGCAGAG  
TTTGG

rW LipY764\_contig79:13451

ATCCCAGAAGTGCAACTGAATAAGCATTGACTGGTATCTGAATTTCAAGAGTGCTCTCGT  
CAAGGCCACGTTTTGTATTTTCCAGAAGCTAATTTTTTAAAAGAGAGAGAAGCAAAAGAA  
AAATCAATACCGTCGGTTAATAAATGAAAT[G/A]AAATAACAGTTCCTTCAAGGAGGATTA  
AATATCTATTTTTCTGTGTGATTCTTTGAAGTGGTATGTATGTTGATGGGTATACATGCAT  
TTTCATTATTTATGTGTTAGTTAATTACTAACATATTAACAGTATAATATAGTGCTTCAA

rX LipY764\_contig296:1984

ACATGCAATTTTCAACCTGCACTACCTGATCAACGAAATCAAATAAATTCCGCACATAC  
CCATATTATTTCCCTATTTTTTTTTTTTTCTTTCTTGTATGACACAAGCTTCTTGTACATTCCG  
AGTCAGGGTCCATTAGAGTTTTATCTTT[G/T]CGTGTGGAATAAGATGACCAATGTGGTG  
ATTTCTGTTCTGCACTTGTGAGAGTCCCCATAGTTATAAATAAAATCATCTGATGAAGGTT  
TAAGAGCACTGGTAGTATTTTGCATCAGCCAAGGGAGTATGAGTCTTAGAAATTGTTTTC  
C

rY LipY764\_contig2:26649

AGACAAAATAGAAACAAGCACTCTGGAGGGTCCTACCAGAAGTCTGGATATGGGACAAA  
AGTTCCATTCTTTTCTGTTTTTTCATCTAGGAGAAATATTGTCTCCATGACATTCTCCATAA  
CCCCTCCTCCTAGAACCACCTCTTGATACT[ACC/AC-  
]ACCACAGTGGCAAGAAGAGGGGCTCTGAAGAGTGTGTGCCACTATTTTCTCATAGAGC  
TTTAATGTGGTTGACTTTGTGCTTGCCTGGGGTGGGAACATCATAGTTGATTTCTAGATT  
TTCTCACGAAAGAACTGGCACATGTTTTG

sAI

LipY764\_contig103:12420

ATGGCTTCTGTAATCACATAGAAAAGACAGACTTTATAACAAGTCAAAGAGGCAAATATT  
 TGATGTCAGAGGCAAACCTTGATTTGAAAAAAGGAAATAGAAAAAATTACAATGATCA  
 TGGCTTAGAGGTAATATTTGGCAACCTCAG[G/T]ATTGCCAACAGATAGTGCCAAATAATT  
 TAAAAGGAGATTAGCAAAAATACCTTATAACAGCAGTAACAACTGGCAATGTTATTAA  
 ACCACCTTTGGTGGTGTGTTTTTTAGAAGAATTTTCATATATATCCTATCTGCCAGTAAAA  
 TG

sAS

LipY764\_contig85:4373

AATAGAAATTAAGTAAATGTACTTGTTTCAGTGGAAATATTTAATGCAAACCTCATTATCAC  
 GTGTGACAACAGCTTTTTGTAGACCTACTTTAGGGTGTGTTGACTGTGTTCCAAGAAGTGC  
 TAGACTAAGTACTCTTCATAAAATAAAAC[A/G]TATCAAGTGCTGTCAGATAGTACGTTTC  
 TATCATATCAGTCTTACATTCTGATGAGAAATAAAGAACCACAAAGGAAGAGGACAGGAC  
 AAGAAATGTGAAGAACTAATTTTAGAGTGTTAAGAGCTCTGACTCTCAGCAAACTAAA  
 AT

sAZ

LipY764\_contig158:6198

TCAATACTTAGTGCATTGGTTAGAACTATTTGAGTTTCCTGTGTGGCAGGAAAGAATTC  
 TACTACTGAATCACCAATTTATTTCAACACTATATATGTGTAAGTATATACATACTTACATA  
 TGTAGTACAGATAGATCTCACCATTCTC[C/T]GAGGTGATCTTTCTGCAGTGGGAATCAG  
 AGAGTTTCAGAAACCACCACTCAGGGTCAATGCCTCATCCCACCCATCTCCCCATCCCA  
 AACTTCCCCTTCCCCAAGGGTCGCCAAAGAATCAACAGCTGAGCCTTGTCTCCCTCAGG  
 TCTT

sCB

LipY764\_contig228:8774

ACTGCCTGGCATACTACAAATTACAGTAATGCAGTAACAACTGTACATAGTATTTTGAGT  
 GTCATACGTGTTGTGGGCTTCATTTTATTACTAGTGCAAACCTATCACAAAAAGAAAA  
 GTGGATGGTGAATTCAGGTATGGTACAGA[C/T]ATGTGATGTAAGTAGTACTGAACTAGA  
 TGGCAAAGTGTTATTTTTATCATGCAATGACATAATAGCTGTTAGAATACAATATATGTTG  
 ATATTACCTGAGTAAGTACTGGTATATCCAACCCATAGGGAACAATGTCAGAAAAGACTA  
 GA

sCO

LipY764\_contig178:7326

AGTGGACATCATCAGAATCCCACAGTACTTCGAAGTACCATTGTACCAAGATGTTTGGCT  
 GATTTTCTCTCAGTTGCAGTTTTACTTGAAAGCAAGAATTGTTCCAGTTTCCTTTCCATTC  
 CAAAACCTCTTATTGTTGTGGGGTTTGATT[A/C]AAAGAGTAAACTTCTGGTTAGTTAATAA  
 ATAATTTTGAAGTGATGTTTTAGGATAAACATTTGTTTCAGGATTCCAAGAAACCCATGAG  
 TTAATAGTATATTTTAAAAGAATTGGTTAACTTTTGAATGTGTGTAATATTTTGGAACTCT

sDD

LipY764\_contig16:34794

TTAAGCATTGCATGGCTCTAATGTCAACTAACTGACACCCGTATAAGTTGGCTGATGCCT  
 CAAACAAAGTGCCTAAAGGGCAGAGCTGTCTCTTACTACTCTAAGTGACAAATTCAATTC  
 TATTTCTTTCAGTGTTGATTAGTGATCTCA[T/C]TAATCTTTGACAAAATCAAGCTCTTTTA  
 GGCTTTGTTGATGAGAGTGCCTAGCACCAAGAACAGAGCCTAAGACAAGTTATATGCTA  
 AGTGAGCATTATAAATTACATTTTTGTGGATAAAAACCAGGTTTCTGTCTTCTTGCTAGCT  
 GC

sEN

LipY764\_contig10:30808

CGCCATTTGCTTCCGCGGATCGTGGCCTTCTGACATTTTTGTCAGGGCTCTGTCCTATT  
 AGGCTGCAGTCCCAGTATTGTTCTGCACCCTCGGCTTCCAGGTTGTTTCGTTGGGTAATC  
 GTTTCGGAGGAGTAACTGACGTTCCGGCACAG[A/C]CGGACAGAAGTCGAAACGCCGTGA  
 GGCGGCTGTCACCACCATGCCCAAAAATAAAGGTAATGACCTGGGTCTCCTGAACCGC  
 GATTTTGCTCTGCTTACTGCCCGCGGCCCTTACTCGGGACCGGGCCTCAGTGACTATTC  
 TTTCTGTCC

sES

LipY764\_contig259:10235

ACTTTGAGGGACCCTGACAATGTGAAATTGGAATTTTTGAATCATAAATAGTACTCAAGT  
 TATAAGGGCAGTAATTTAAATTCAAGATGGACATCTTCAGGATAATGTACCCAGGCACTA  
 GTGTAAATACTGTTCCCTTGCAAGAAAGACT[A/C]TTTTCCCATGCCACATATCTACCTTAT  
 ACACCCATCAATATTTGAGGAAAGAAATCACCAATTCCTCCTAAAATATCTTGAGCTCAA  
 GATGAAGTTTATCTTTTTTCTCCATGAACTATTAAGATTCAGCTTCACATATCGCATTTA  
 AT

sM

LipY764\_contig197:5419

TCCAGTGGGATTCACAGAGATTCTCCAAGTGCCTAGGTCTGGTTTACTGGTGGTTCAGT  
 TAAGCTGAAACCCAGTGGTGGTCAGCTGGCTGCTGTGGCTGTTTTGCCTGAGCACCAG  
 TTATGAAGAACCAGGAAGGGACATGGCTGCTCT[G/A]CTTGGTGGGCAGAACTCAAGTT  
 AATTCTCATTGCTCTGGCCTATACCTCCTTGATACAGCCTGGCAGTTTGGCCTGAAGTTT  
 AGAGAAGTACACAGACTGGCAGATTAAGACCTCCCTCTTCAGCACCACAAAGTGAGGA  
 AATATATCA

sP

LipY764\_contig155:6894

AATAAATGGGCAAATGCTTTTATCTCGACAGCAATCCATCATTGGTCAAGGTCCACCACT  
 TCAGGGATGAGCAAACCTTGAGGATAGATAATGCCCTGAAATCTAAGTCCATTCTCAGAA  
 AGGGATGAAGCTGGAAGAAGTCAGCAGGCAA[A/C]ATTTTTAGCAGATGAGAAATAAGTA  
 TGCTACTCTGAAGATGGGATTAGATAGGATTGTCACAGTCTCTAGCACGAATTGATAATT  
 GCTCTTACATGTCAAGGTCTCCCAAGTTGAGATTTTTCTTAATAAACCTCATTAAAGAATC  
 ACTT

sQ

LipY764\_contig90:21274

ATTACATATGTTAGCTATAGTCCAGAAGGTGGTTTTTAAATACTGAATTACTACACTGATA  
 TTATGTCCATATTGCTTTTTTTCCTTTTATGTATTTTCTCCCTTCTTCAATGTATCTTAA  
 TATCTATTTATATGTAATACCTAATCT[A/G]TATTTTGAAGTCAGCTTATCCATTGCATGAA  
 GGACTGATATGAAGGAAAGCAAATAAAGGTAGTACTGTGGGTAAGTCCTTTGACTATATT  
 CTGCCAGGGTCTGGGGTAAATGAAATAAATC

fAAC LipY764\_contig468:39321

AAGGCGTTCATATGCCAACAGACGATATCCACACAACATAAAGAAATCTGAAAGACCCA  
 TACTGTCACACATTGGTGGGTGGAGAGGTTGGAGCACCCCTTGGAGGAGGTGGAATGG  
 GGTCAAAGAAAACCTTTGCTCCCTCTCCAAAAG[A/T]TTGCAATCCGAGACTGCACGCAGT  
 CTCCAAGGGGAAAAGAAAGGAGAGGGGATTCAATTCATGGGAACATCAGAGATCCCTGA  
 GGTCTTCACAGCCAGGGGGAAACTGTCTACCAAGGTCAAAGCTAACCCAGGGGTGAA  
 CTCATCAAACC

fUZ LipY764\_contig117:3091

AATAGGACCATTGGAATCAAGGAGCAGGGTACCTGGGTTTAAGGTAATGACAGTGTTTT  
 AAAGAAATCTGAGGGGAATCTAGCAGCATAACTTGACATTACCGTATCCTTTTCTTGGGT  
 AGCCAGAGATGTCCTTTAGTCTCTAGTAGG[C/T]TAGACACTTGACGAGGGGGTCCACAT  
 CATCATAGTTTGGCCATAGTCAGTTGTTCTGCTTTTGTGATTAATAGGCAGGTGGCAGC  
 TACAGCTCTCAAGCATGGAGGCCATCCTTTCTCCATGGTGTCTAGCTTACCCTATTCAA  
 CGGAT

fXR LipY764\_contig255:12988

AATCATATCTTCTAGCAATTTTCGTA CTGGATCAGTTTATATAAATTTCTAGAGTGTTATT  
 TATCCATTGTCTTTTATGTCATTGCAAACAGTTTATCCTAAGTGAGGGGTGAGCAAAC TA  
 GGACCCATTTTTTATAAATAAAGCTCA[C/A]TGAAATACAGCTCTACCCATTTTTTCACATGT  
 TACTTGTGGTGGTTTTGAGGGTATAATGACAGAATTTGGTTGCTACAAGAAACATATAGA  
 TGACAAATTCTAAAATATTTAACATTTGGCTCCTTACAAAAAACTTCCCAGCCCTTATT

rAG LipY764\_contig150:8337

ACATCTAGAACTTTTCTTGAATTATTGCCCTCTAGACAACCATGAATCCTGGTGTTCCT  
 ATATTTTCTTAGCAGTACCCCTTATAAATGCCGGAATCCATGCATCACATAGATATGTA  
 ACTTATGTGGGTGTTTACTCGCACGTATAT[A/G]CCTATCCCAAGAAATGAGACACA ACT  
 GTTCTACTGGCCAGGACTGGCCAGTGGAGTAAGGCATAATCTACTGACTTGGTTTCTCT  
 ACTTTACAATTCCATGGGGAAGTTACATATCGGGAATGATGGGGTTCAGTACTTGCTATG  
 ACAA

rAH LipY764\_contig306:5

CAGACTTAATGTTTTTGCCATTAAGGGAGTTTAATTGATGTTTTAACTTGAATTTCCCTA  
 TTCATGCATACTAGACA ACTTTTCATGTGTTAACAGTCATT CAGGTTTCTGTCTTCTAAGT  
 GCTATTCATTTTCTATTTTCTATGGAATTTTTTCCCCTTTTTGTACTTATTTAAGAGAATCC  
 ATGTGTG[T/C]ATGTACTGTTATATATTCTGATAGACACACAAATATTATATTTACATCTAA  
 AATACATATGTTCTTGTGCATATGAATGTATTATAATACACTATTGCATTCTTGATATTA  
 AAAAAACATTTGGGGTAAAATTATGTTCCAATAGTCTTCACATATGCTTGGCTT

rAI LipY764\_contig251:12181

TTTACAATATTTATTTAATGATTTTTGTTAGTTTATTGTTTACCCTAACCATTCTCTCTTCAT  
TTAGATAGCAGTGACTGCTATTCTATTTGCTTTACGTGATTTATGACAAAACCTCCCAGGG  
CTATGAGAGTTTGAAGTCACATGAGAA[A/C]AAAGCAAGTAAGCCCTTTGCACCAGTCTC  
TCAGAGAGACACCAG

rAJ LipY764\_contig157:1039

GTTAGCAGTAGTCTAGGATGAAAGCATAGCTCACAGTTAATATTTATTTTCAGTCTGTGC  
TTTTTAAGCTATTTTTCCATTCACCTTATGATATTTCCAGTCTCAATGGCTTCTGTTTTCT  
ACCAATTTTGCTTTTGTCCGGTACTTAAG[T/A]CTTTTAATGACTTCCTTGTCTATATTAATTT  
CATTGCTTACTCCTTTATTTTCATGAATTTTCACATAGATTTTCATATTGAAAAAATATCAACT  
TTACTATTAATTTTTTTAAAACTTTAAATTTCTTTGTTGTTTAATGATATGCTTCA

## 11.2. Haplotypenermittlung

Tabelle 24 Haplotypenermittlung der Orlov Traber

Probe	rB	FWU	rC	fAAC	fUZ	rG	rX
Y_PR_03_103	rB_G_1	fWU_T_0	rC_T_0	fAAC_T_1	fUZ_C_0	rG_A_0	rX_G_0
Y_PR_03_105	rB_G_1	fWU_T_0	rC_T_0			rG_A_0	rX_G_0
Y_PR_03_107	rB_G_1	fWU_T_0	rC_T_0	fAAC_T_1	fUZ_C_0	rG_A_0	rX_G_0
Y_PR_03_108	rB_G_1	fWU_T_0	rC_T_0	fAAC_T_1	fUZ_C_0	rG_A_0	rX_G_0
Y_PR_03_109	rB_G_1	fWU_T_0	rC_T_0	fAAC_T_1	fUZ_C_0	rG_A_0	rX_G_0
Y_PR_03_110	rB_G_1	fWU_T_0	rC_T_0	fAAC_T_1	fUZ_C_0	rG_A_0	rX_G_0
Y_PR_03_111	rB_G_1	fWU_T_0	rC_T_0	fAAC_T_1	fUZ_C_0	rG_A_0	rX_G_0
Y_PR_03_112	rB_G_1	fWU_T_0				rG_G_1	rX_G_0
Y_PR_03_113	rB_G_1	fWU_T_0				rG_G_1	rX_G_0
Y_PR_03_114	rB_G_1	fWU_T_0	rC_T_0	fAAC_T_1	fUZ_C_0	rG_A_0	rX_G_0
Y_PR_03_115	rB_G_1	fWU_T_0	rC_T_0			rG_A_0	rX_G_0
Y_PR_03_116	rB_G_1	fWU_T_0	rC_T_0	fAAC_T_1	fUZ_C_0	rG_A_0	rX_G_0
Y_PR_03_117	rB_G_1	fWU_T_0	rC_T_0	fAAC_T_1		rG_A_0	rX_G_0

Tabelle 25 Haplotypenermittlung der Trakehner

Probe	rB	FWU	rC	fAAC	fUZ	rG	rN	fUJ	fWM	rD	sP	sM	qBX	rX	rY
Y_PR_03_022										rD_TT_0	sP_C_1	sM_G_0	qBX_A_0		
Y_PR_03_023										rD_TT_0	sP_C_1	sM_G_0	qBX_A_0		
Y_PR_03_056				fAAC_T_1	fUZ_T_1					rD_T_1					
Y_PR_03_119	rB_G_1	fWU_T_0	rC_C_1			rG_A_0			fWM_C_1	rD_T_1		sM_G_0	qBX_A_0	rX_G_0	
Y_PR_03_120	rB_no_call	fWU_T_0	rC_C_1			rG_A_0			fWM_C_1	rD_T_1		sM_G_0	qBX_no_call	rX_G_0	
Y_PR_03_121	rB_G_1	fWU_T_0	rC_C_1			rG_A_0			fWM_C_1	rD_T_1		sM_G_0	qBX_A_0	rX_G_0	
Y_PR_03_122	rB_C_0													rX_T_1	rY_AC_1
Y_PR_03_123	rB_C_0													rX_T_1	rY_AC_1
Y_PR_03_124	rB_G_1	fWU_T_0	rC_C_1			rG_A_0			fWM_C_1	rD_T_1		sM_G_0	qBX_A_0	rX_G_0	
Y_PR_03_125	rB_no_call	fWU_T_0	rC_C_1			rG_A_0			fWM_C_1	rD_T_1		sM_G_0	qBX_A_0	rX_G_0	
Y_PR_03_126	rB_G_1	fWU_T_0	rC_C_1			rG_A_0			fWM_C_1	rD_TT_0	sP_C_1	sM_G_0	qBX_A_0	rX_G_0	
Y_PR_03_127	rB_G_1	fWU_T_0	rC_C_1			rG_A_0			fWM_C_1	rD_T_1		sM_G_0	qBX_A_0	rX_G_0	
Y_PR_03_128	rB_G_1	fWU_T_0	rC_C_1			rG_A_0			fWM_C_1	rD_T_1		sM_G_0	qBX_A_0	rX_G_0	
Y_PR_03_129	rB_no_call	fWU_A_1				rG_A_0	rN_G_0	fUJ_C_1						rX_G_0	
Y_PR_03_130	rB_G_1	fWU_T_0	rC_C_1			rG_A_0			fWM_C_1	rD_T_1		sM_G_0	qBX_A_0	rX_G_0	
Y_PR_03_131	rB_G_1	fWU_T_0	rC_C_1			rG_A_0			fWM_C_1	rD_TT_0	sP_C_1	sM_G_0	qBX_A_0	rX_G_0	
Y_PR_03_132	rB_G_1	fWU_T_0	rC_C_1			rG_A_0			fWM_C_1	rD_TT_0	sP_C_1	sM_G_0	qBX_A_0	rX_G_0	
Y_PR_03_133	rB_G_1	fWU_T_0	rC_C_1			rG_A_0			fWM_C_1	rD_T_1	sP_A_0	sM_G_0	qBX_A_0	rX_G_0	
Y_PR_03_134	rB_G_1	fWU_T_0	rC_C_1			rG_A_0			fWM_C_1	rD_T_1		sM_G_0	qBX_A_0	rX_G_0	
Y_PR_03_135	rB_G_1	fWU_T_0	rC_C_1			rG_A_0			fWM_C_1	rD_T_1		sM_G_0	qBX_A_0	rX_G_0	
Y_PR_03_136	rB_G_1	fWU_T_0	rC_C_1			rG_A_0			fWM_C_1	rD_T_1		sM_G_0	qBX_A_0	rX_G_0	
Y_PR_03_137	rB_G_1	fWU_T_0	rC_C_1			rG_A_0			fWM_C_1	rD_T_1		sM_G_0	qBX_A_0	rX_G_0	
Y_PR_03_138	rB_G_1	fWU_T_0	rC_C_1			rG_A_0			fWM_C_1	rD_TT_0	sP_C_1	sM_G_0	qBX_A_0	rX_G_0	

Tabelle 26 Haplotypenermittlung der Mesener Pferde Teil 1

Probe	sEN	sES	rBD	qBG	sQ	rBG	rBF	rAY	rAX	fYR	rA	rB
Y_PR_03_068												
Y_PR_03_069												
Y_PR_03_093												
Y_PR_03_094	sEN_A_1	sES_A_1	rBD_C_0	qBG_A_0		rBG_CTT_0	rBF_C_0			fYR_T_0	rA_T_0	rB_C_0
Y_PR_03_095												
Y_PR_03_096					sQ_A_0		rBF_T_1	rAY_A_1	rAX_C_1	fYR_T_0	rA_T_0	rB_C_0
Y_PR_03_097												
Y_PR_03_098												
Y_PR_03_099												
Y_PR_03_102									rAX_C_1		rA_A_1	rB_G_1

Tabelle 27 Haplotypenermittlung der Mesener Pferde Teil 2

Probe	rWU	rC	rG	rWM	rD	sM	qBX	rW	fAAV	fXK	rAF	rDS
Y_PR_03_068												
Y_PR_03_069												
Y_PR_03_093								rW_A_1			rAF_no_call	
Y_PR_03_094		rC_T_0		rWM_T_0				rW_G_0			rAF_G_0	
Y_PR_03_095								rW_A_1			rAF_A_1	rDS_T_0
Y_PR_03_096		rC_T_0		rWM_T_0				rW_G_0	fAAV_T_0	fXK_G_0	rAF_G_0	
Y_PR_03_097								rW_A_1			rAF_A_1	
Y_PR_03_098								rW_A_1			rAF_A_1	
Y_PR_03_099								rW_A_1			rAF_A_1	
Y_PR_03_102	rWU_T_0	rC_C_1	rG_G_1	rWM_T_0	rD_TT_0	sM_G_0	qBX_A_0	rW_G_0			rAF_G_0	

Tabelle 28 Haplotypenermittlung der Mesener Pferde Teil 3

	rAG	rAH	rAI	rAJ	rOR	rAE	fTA	fXA	fWP	fAAB	sDD	sCO
Y_PR_03_068										fAAB_C_1		
Y_PR_03_069										fAAB_C_1		
Y_PR_03_093						rAE_C_1			fWP_no_call	fAAB_C_1		
Y_PR_03_094						rAE_G_0					sDD_T_0	sCO_A_0
Y_PR_03_095	rAG_A_0	rAH_T_0	rAI_A_0	rAJ_T_0	rOR_G_0	rAE_G_0	fTA_A_0	fXA_C_0				
Y_PR_03_096						rAE_G_0						
Y_PR_03_097	rAG_G_1	rAH_C_1	rAI_C_1	rAJ_A_1	rOR_A_1	rAE_G_0	fTA_A_0	fXA_C_0				
Y_PR_03_098						rAE_C_1			fWP_T_1	fAAB_C_1		
Y_PR_03_099						rAE_C_1			fWP_no_call	fAAB_C_1		
Y_PR_03_102						rAE_G_0						

Tabelle 29 Haplotypenermittlung der Yakuten Teil 1

	sEN	sES	rBD	qBG	rAW	sAZ	sQ	rBG	rBF
BW-200wh							sQ_G_1	rBG_CT_1	
BW-201							sQ_G_1		
BW-320					rAW_T_0	sAZ_C_0			
Y_PR_03_083	sEN_C_0	sES_C_0		qBG_A_0				rBG_CTT_0	rBF_C_0
Y_PR_03_084	sEN_A_1	sES_A_1	rBD_C_0	qBG_A_0				rBG_CTT_0	rBF_C_0
Y_PR_03_085			rBD_C_0	qBG_no_call				rBG_no_call	rBF_C_0
Y_PR_03_087				qBG_A_0			sQ_A_0		rBF_no_call
Y_PR_03_089	sEN_C_0	sES_C_0		qBG_no_call					rBF_C_0
Y_PR_03_090							sQ_G_1	rBG_CT_1	rBF_T_1
Y_PR_03_091	sEN_C_0	sES_C_0		qBG_A_0					rBF_C_0
Y_PR_03_092				qBG_no_call			sQ_A_0		rBF_no_call

Tabelle 30 Haplotypenermittlung der Yakuten Teil 2

	rAX	rA	fXK	sDD	sCO	sDB	sAI	sAS
BW-200wh	rAX_no_call	rA_T_0						
BW-201	rAX_T_0	rA_T_0						
BW-320	rAX_T_0	rA_T_0						
Y_PR_03_083	rAX_no_call	rA_T_0		sDD_C_1	sCO_C_1	sDB_G_0	sAI_T_1	sAS_A_0
Y_PR_03_084	rAX_T_0	rA_T_0		sDD_T_0	sCO_A_0			
Y_PR_03_085	rAX_no_call	rA_T_0				sDB_G_0	sAI_T_1	sAS_A_0
Y_PR_03_087	rAX_T_0	rA_T_0	fXK_G_0				sAI_T_1	
Y_PR_03_089	rAX_no_call	rA_T_0		sDD_C_1	sCO_C_1	sDB_G_0	sAI_T_1	sAS_no_call
Y_PR_03_090	rAX_T_0	rA_T_0						
Y_PR_03_091	rAX_T_0	rA_T_0		sDD_C_1	sCO_C_1	sDB_G_0	sAI_T_1	sAS_A_0
Y_PR_03_092	rAX_no_call	rA_T_0	fXK_G_0				sAI_T_1	