

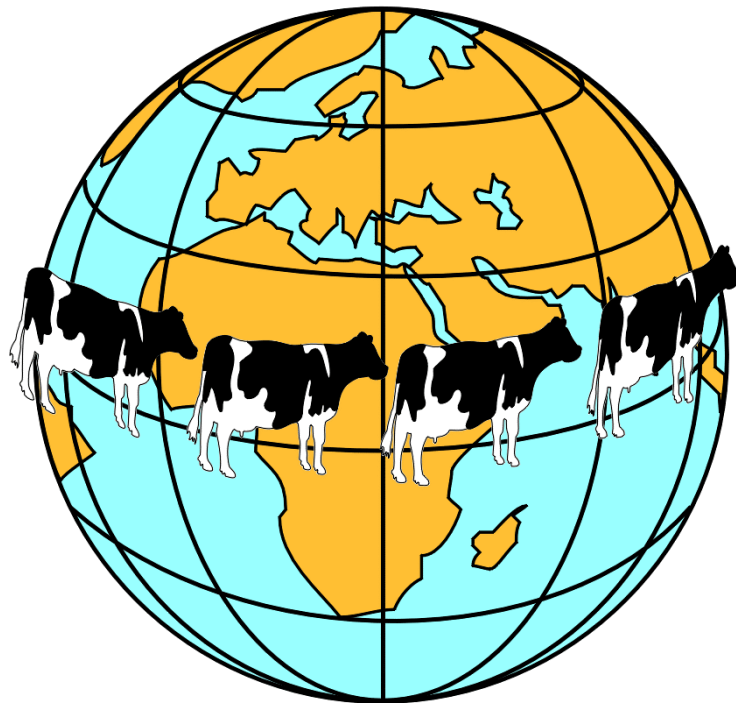


---

---

# Intensivierung und Internationalisierung der Rinderzucht

## Auswirkungen auf die genetische Vielfalt



**Seminar des genetischen Ausschusses der ZAR  
Salzburg, 12. März 1998**

# Inhaltsverzeichnis

<b>Verzeichnis der Autoren</b>	<b>2</b>
<b><i>Dipl.-Ing. Rudolf Hußl:</i></b>	
<b>Internationalisierung der Zucht am Beispiel des Braunviehs</b>	<b>3</b>
<b><i>Dr. Ernst Potucek:</i></b>	
<b>Interbull-Zuchtwertschätzung: Zuchtwerte werden weltweit vergleichbar</b>	<b>8</b>
<b><i>Dr. Birgit Fürst-Waltl:</i></b>	
<b>Inzucht - ein Problem in der Rinderzucht?</b>	<b>18</b>
<b><i>Dr. Christian Fürst:</i></b>	
<b>Das Tiermodell - gefährdet ein Zuchtwertschätzverfahren die genetische Vielfalt?</b>	<b>29</b>
<b><i>Dr. Christian Schlötterer:</i></b>	
<b>Analyse der genetischen Vielfalt mittels molekularer Marker</b>	<b>37</b>
<b><i>Dr. Johann Sölkner:</i></b>	
<b>Schätzung der genetischen Vielfalt mittels Stammbaumanalyse: Ergebnisse für die österreichischen Rinderrassen</b>	<b>42</b>

## Verzeichnis der Autoren

*Dr. Birgit Fürst-Waltl*

Universität für Bodenkultur  
Institut für Nutztierwissenschaften  
Gregor Mendel-Straße 33  
1180 Wien

*Dr. Christian Fürst*

Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer  
Rinderzüchter (ZAR)  
Universumstraße 33/8  
1200 Wien

*Dipl.-Ing. Rudolf Hußl*

Arbeitsgemeinschaft der österreichischen  
Braunviehzuchtverbände  
Brixner Straße 1  
6021 Innsbruck

*Dr. Ernst Potucek*

Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer  
Rinderzüchter (ZAR)  
Universumstraße 33/8  
1200 Wien

*Dr. Christian Schlötterer*

Veterinärmedizinische Universität Wien  
Institut für Tierzucht und Genetik  
Veterinärplatz 1  
1210 Wien

*Univ.Prof. Dr. Johann Sölkner*

Universität für Bodenkultur  
Institut für Nutztierwissenschaften  
Gregor Mendel-Straße 33  
1180 Wien

# Internationalisierung der Zucht am Beispiel des Braunviehs

Rudolf Hußl

Das Thema des heurigen Fortbildungsseminars „Intensivierung und Internationalisierung der Rinderzucht“ und deren Auswirkungen auf die genetische Vielfalt möchte ich gern etwas erweitern um die Auswirkungen auf die Arbeit der Zuchtorganisationen (Zuchtverbände und Arbeitsgemeinschaften). Intensivierung und Internationalisierung haben unabhängig von der Rasse großen Einfluß auf die Festlegung des Zuchtzieles und auf das Zuchtprogramm.

## 1.) Historischer Rückblick

Ich möchte mein Referat mit einem historischen Rückblick beginnen und die Voraussetzungen bzw. Ursachen für die rasante Entwicklung der letzten Jahrzehnte betrachten.

In der ersten Hälfte unseres Jahrhunderts war der Natursprung die Zuchtmethod der Wahl. Die regionalen Zuchtvereine bzw. Genossenschaften wurden primär für die Organisation einer geordneten Vatertierhaltung gegründet.

Die Zuchtziele waren für eng begrenzte Räume definiert und damit den geografischen und strukturellen Gegebenheiten der einzelnen Regionen bestmöglich angepaßt. Ein genetischer Austausch zwischen einzelnen Bundesländern oder gar über Staatsgrenzen hinweg fand nur in wenigen Ausnahmefällen statt (z. B. beim Braunvieh in Tirol durch Zukauf von Stieren aus Vorarlberg und der Schweiz).

Der erste große Schritt zu einer Internationalisierung der Rinderzucht ist untrennbar mit der Einführung der künstlichen Besamung nach dem Tiefgefrierverfahren verbunden. Damit war erstmals ein Genaustausch über größere Entfernungen auf breiter Basis möglich. Auch für den Züchter bot sich erstmals die Möglichkeit, zwischen verschiedenen Stieren bei der Belegung zu wählen. Die Selektionsintensität auf der männlichen Seite wurde stark erhöht. Im organisatorischen Bereich ergab sich die Notwendigkeit in größeren Räumen zu denken und Ziele aber auch Auswertungsmethoden zu vereinheitlichen. In diese Zeit fällt auch die Gründung der Arbeitsgemeinschaft der österreichischen Braunviehzuchtverbände, zuerst als loser Zusammenschluß und dann Jahre später als eingetragener Verein.

Der zweite große Schritt zur Internationalisierung wurde beim Braunvieh im Jahre 1968 beschritten. In der Steiermark wurden amerikanische Brown-Swiss-Stiere zur Verbesserung der Milchleistung eingesetzt. Zeitgleich starteten auch die Züchter im benachbarten Allgäu einen Versuch mit amerikanischer Braunviehgenetik. 1 - 2 Jahre später folgten die westösterreichischen Zuchtverbände und die Braunviehzuchtorganisationen in Italien und der Schweiz diesem Weg.

Die über Jahrzehnte nur nach Milchleistung selektierte US-BS-Population brachte der Braunviehrasse in Europa einen enormen Leistungsfortschritt. In den 70iger Jahren erzielte jeder eingesetzte BS-Stier, unabhängig von seinen Leistungsergebnissen in Amerika, ein Spitzenresultat in Europa. Die Vorherrschaft der amerikanischen Braunviehzucht war damit für die nächsten 15 - 20 Jahre gesichert.

Bedingt durch den breiten Einsatz von US-Stieren in Europa kam von den Zuchtorganisationen und Züchtern die Forderung nach einer umfassenden Information über die internationale Entwicklung und etwas später auch die Forderung, die Auswertungsergebnisse

(Zuchtwertschätzung, Exterieur) über Länder hinweg vergleichbar zu machen. In Österreich wurde 1971 die Zeitschrift „Österreichisches Braunvieh“ von der Arbeitsgemeinschaft aus der Taufe gehoben. In diesem Informationsblatt wurde über die Braunviehzucht in Österreich und über interessante Vererber aus Amerika und dem benachbarten Staaten berichtet. Ebenfalls 1971 beschlossen die 6 österreichischen Braunviehzuchtorganisationen ein gemeinsames für ganz Österreich gültiges Zuchtprogramm durchzuführen.

In den nächsten 2 Jahrzehnten wurde die Braunviehzucht in Europa nachhaltig von Amerika beeinflusst. Über 5 - 8 Generationen wurden in nahezu allen bedeutenden Braunviehpopulationen die selben Vererber in der gezielten Paarung eingesetzt.

Seit Mitte der 80iger Jahre wird der Embryotransfer in der amerikanischen Zucht sehr stark forciert und damit natürlich auch der Selektionsdruck auf der weiblichen Seite stark erhöht. Die Folge davon war, daß alle namhaften Besamungsstationen in Amerika Jungtiere von ca. 8 Kühen gepaart mit etwa 5 Stiervätern in allen nur erdenklichen Kombinationen für den Testeinsatz eingestellt haben. Die Kataloge der Spermavertriebsgesellschaften wurden immer dünner und uninformer. Gerade in dieser Zeit traten auch Erbfehler (Weaver, Spinnengliedrigkeit, SMA) in den Braunviehpopulationen auf. Schön langsam gewann man in Europa die Erkenntnis, daß diese fast einseitige Abhängigkeit vom amerikanischen Spermamarkt in die Sackgasse führt.

Die führenden Braunviehnationen in Europa (Schweiz, Deutschland, Italien und Österreich) beschlossen die Zusammenarbeit zu intensivieren, um die Größe der europäischen Braunviehpopulation züchterisch besser zu nützen. Von der Europavereinigung der Braunviehzüchter wurde 1990 ein länderübergreifendes Eurotestprogramm beschlossen, wobei jährlich in jedem Land je 1 Prüfstier aus allen Partnerländern im Testprogramm eingesetzt wird. Ziel dieses Eurotestprogrammes ist es, einerseits Querverbindungen für länderübergreifende Auswertungen zu schaffen. Weiters sollte das Vertrauen der Züchter in die Zuchtarbeit der europäischen Braunviehländer verbessert werden. Die rasante Entwicklung im Bereich der elektronischen Datenverarbeitung und die Fortschritte in der Tierzuchtwissenschaft ermöglichen nun seit einigen Jahren weitreichende Vergleiche über das genetische Potential der einzelnen Zuchtpopulationen.

Die bisher letzte Stufe ist die internationale Zuchtwertschätzung für Milchleistungsmerkmale durch INTERBULL. In absehbarer Zeit werden weitere Leistungsmerkmale (z. B. Exterieur) in den direkten internationalen Vergleich aufgenommen werden. Bei den Rinderrassen Braunvieh, Fleckvieh und Holstein-Friesian wurde bereits das System für die lineare Nachzuchtbeschreibung europaweit vereinheitlicht.

Diese rasche Entwicklung der letzten Jahre hat natürlich auch in den Informationsmedien ihren Niederschlag gefunden. Der zunehmenden Internationalisierung Rechnung tragend wurde die Zeitschrift „Österreichisches Braunvieh“ als eigenständige Publikation eingestellt und erscheint nun in Form einer mindest achtseitigen Sonderbeilage in der Zeitschrift „Rinderzucht Braunvieh“. In diesem Medium wird topaktuell über Resultate, Programme und Entwicklungstrends aus allen führenden Braunviehpopulationen berichtet. Nahezu alle Hochzuchtländer stellen auch über das Internet Informationen fast tagesaktuell weltweit zur Verfügung.

Neben der Weiterentwicklung tierzüchterischer Technologien und dem zunehmend besseren Informationsfluß hat natürlich auch die Politik zur Internationalisierung ihren Beitrag geleistet.

Ich möchte nochmals kurz die Historie zusammenfassen.

Voraussetzungen für die zunehmende Internationalisierung der Rinderzucht waren

- die Weiterentwicklung tierzüchterischer Technologien, KB, ET
- die technische Entwicklung im EDV Bereich
- verbesserte statistische Auswertungsmethoden
- bessere Informationsmöglichkeiten für Züchter und Zuchtorganisationen
- und die wirtschaftlichen und politischen Rahmenbedingungen.

## 2.) Auswirkungen der Intensivierung und Internationalisierung auf Züchter und Zuchtorganisationen

Mit einer lückenlosen Abhandlung dieses Themas wäre ich persönlich völlig überfordert. Auch der zeitliche Rahmen dieser Veranstaltung würde dafür niemals ausreichen.

Ich möchte mich daher auf einige wenige Aspekte aus meiner Sicht als Geschäftsführer eines Rinderzuchtverbandes beschränken.

### 2.1. Zuchtziel

Das Zuchtziel eines Verbandes oder eines Züchters wird heute weitgehend von der internationalen Entwicklung vorgegeben. Eine Anpassung an die jeweiligen Produktionsbedingungen und an die Struktur der Betriebe ist nicht möglich.

Ich möchte dies am Beispiel der Tiroler Braunviehzucht näher erläutern.

Die internationale Zielsetzung in der modernen Braunviehzucht lautet

Milch - Milch - Exterieur (Euter) - Fitness

Der Tiroler Braunviehzuchtverband hat insgesamt 4.400 Mitgliedsbetriebe. Die durchschnittliche Kuhzahl pro Betrieb liegt bei 5,8. Mehr als 40 % der Zuchtbetriebe haben keine Milchquote. Die vorhandenen Flächen (meist Dauergrünland) sollen zur Zuchtviehproduktion verwendet werden. Der Exportbedarf bei Zuchtvieh ist enorm hoch.

Bei der Betrachtung dieser Rahmenbedingungen kann man rasch feststellen - die TIROLER Braunviehzucht befindet sich in einer Identitätskrise.

Vereinfacht dargestellt haben wir 2 Gruppen von Mitgliedern

- flächenmäßig kleine, aber sehr intensive Betriebe in den Gunstlagen, die sich mit den internationalen Zielen der Braunviehrasse voll identifizieren
- und Betriebe im Berggebiet mit vielfach guter Flächenausstattung, aber keiner bzw. viel zu geringer Milchquote

Diese zweite Gruppe ist aus betriebswirtschaftlicher Sicht oft gut beraten, alle Förderungsprogramme (Alpung, Extensivierung, BIO-Landbau) auszunützen. Hohe und höchste Milchleistungen sind weder gewünscht noch sinnvoll und lediglich beim Zuchtviehverkauf von Bedeutung.

Für die erste Gruppe geht der Zuchtfortschritt und die Leistungssteigerung viel zu langsam, für die zweite zahlenmäßig stärkere Gruppe viel zu schnell.

Für die Verbandsverantwortlichen stellt sich die Frage: Sollte man das Zuchtziel der zahlenmäßig stärkeren Gruppe verfolgen und sich damit der Gefahr aussetzen, den internationalen Anschluß

und die intensiven Betriebe in den Gunstlagen verlieren oder soll man die internationalen Ziele verfolgen, mit denen sich aber die Mehrheit der Mitglieder nicht identifizieren kann.

Ich glaube es kann nur dieser zweite Weg sein, zumal für viele Betriebe der Zuchtviehverkauf ein wichtiges Standbein darstellt. Betriebe, die kein Interesse an der Milchleistung zeigen, haben mit der Braunviehrasse möglicherweise das falsche Produktionsmittel im Stall.

Was heißt dies nun für die Zukunft für Zuchtverbände und Arbeitsgemeinschaften

- Das Zuchtziel einer Rasse ist von einem Zuchtverband nicht und von der gesamten österreichischen Rassenarbeitsgemeinschaft nur unwesentlich beeinflussbar.
- Dies wird eine größere Mobilität der Betriebsleiter in bezug auf die Rasse mit sich bringen.

Traditionelle Verbindungen zu einer Rasse werden an Bedeutung verlieren. Die Züchter werden sich jene Rasse aussuchen die das Image hat, erfolgreich zu sein und deren Ziele am ehesten zu den jeweiligen Gegebenheiten des Betriebes passen; d. h. die Konkurrenz zwischen den Rassen wird zunehmen.

## **2.2. Informationsfluß und Informationsbedürfnis**

Ich darf vorweg einmal provokant behaupten: Die Zuchtverbände werden künftig für immer weniger Leute immer bessere und immer hochwertigere Informationen anbieten müssen.

Mit Einheitspublikationen (z. Bsp. Verbandsrundschriften an alle Mitglieder) findet man nicht mehr das Auslangen. Die überwiegende Mehrzahl der Züchter ist mit der Interpretation der bereits heute veröffentlichten 21 Einzelzuchtwerte hoffnungslos überfordert. Viele Züchter wünschen 2 bis 3 griffige Zahlen, nach denen sie ihre Anpaarungspläne erstellen können. Dafür bieten sich der Milchwert (MW), der Fitneßwert (FW) und der ökonomische Gesamtzuchtwert (GZW) in Verbindung mit einem künftig zu berechnenden Exterieurzuchtwert an.

Die relativ kleine Gruppe der Spitzenzüchter, die ja bekanntlich das Zuchtprogramm eines Verbandes bzw. einer Arbeitsgemeinschaft im wesentlichen tragen, wird in immer kürzeren Abständen immer mehr Information mit exakt aufgeschlüsselten Teil- und Einzelresultaten benötigen. Darüber hinaus sehe ich die Notwendigkeit, für diese „elitäre Gruppe“ auch Arbeitskreise bzw. Informationsveranstaltungen (Seminare) zum gegenseitigen Austausch zu organisieren.

Für die Zuchtverbände heißt dies:

- sofortige Einstellung der Einheitspublikationen für alle Verbandsmitglieder
- Aufbau verschiedener Informationsschienen, die den jeweiligen Bedürfnissen der Betriebsleiter bestmöglich angepaßt sind
- wesentlich bessere Betreuung der Spitzenbetriebe
- Organisation von nationalen und internationalen Bildungsveranstaltungen (Seminaren) zum Meinungs- und Erfahrungsaustausch.

## **2.3. Künstliche Besamung**

In der österreichischen Rinderzucht ist es noch immer weit verbreitet, daß die Besamungsorganisationen primär Sperma jener Stiere in Verkehr setzen, die den größtmöglichen Gewinn für die Station bringen. Dabei gelangen immer wieder Stiere in den Zweiteinsatz, die den Zuchtfortschritt einer Rasse hinderlich sind. Gibt es zum Beispiel in der österreichischen Braunviehzucht mehrere geprüfte Stiere mit identer Linienführung, so wird den Züchtern meist

nicht der Stier mit dem besten Nachzuchtprüfergebnis, sondern jener der eigenen Station angeboten. Die Rassenarbeitsgemeinschaften haben derzeit kein Recht auf Mindestanforderungen für den Zweiteinsatz Einfluß zu nehmen.

Solange in jedem Bundesland fast ausschließlich nur die Stiere aus dem eigenen Zuchtprogramm ergänzt mit Sperma einiger Importstiere angeboten werden, kann man nicht von **einer** österreichischen Braunviehpopulation sprechen.

Das Ziel für die Zukunft muß ganz klar lauten: Jeder österreichische Züchter muß zu allen in Österreich geprüften Stieren zu annähernd vergleichbaren Konditionen Zugang haben. Wenn wir dieses Ziel nicht rasch erreichen, werden wir in absehbarer Zeit mit unangenehmen Entwicklungen konfrontiert werden. Ein Blick über die Grenzen unseres Landes zeigt, daß private Organisationen häufig in Zusammenarbeit mit unzufriedenen Spitzenzüchtern Konkurrenzstationen zu den bestehenden Besamungsorganisationen aufbauen. Diese neuen meist privaten Zuchtunternehmen sichern sich gegenseitig über Ländergrenzen hinweg Exklusivrechte im Spermavertrieb.. Durch aggressive Werbung werden die Zuchtverbände zunehmend unter Druck gesetzt.

Wenn wir auch künftig die Rinderzucht in bäuerlicher Hand halten und das Entstehen privater Zuchtunternehmen verhindern wollen, müssen wir künftig mehr auf die Wünsche der Züchter eingehen und über Bundesländergrenzen hinweg intensiv nach neuen gemeinsamen Wegen suchen. Die Arbeitsgemeinschaft der österreichischen Braunviehzuchtverbände hat gemeinsam mit der Zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter und dem Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft bei der Universität für Bodenkultur ein Forschungsprojekt zur Zuchtplanung und Optimierung der Zuchtprogramme in Auftrag gegeben und damit hoffentlich eine positive Entwicklung zum Wohle unserer Züchter eingeleitet.



# INTERBULL Zuchtwertschätzung: Zuchtwerte werden weltweit vergleichbar

Ernst Potucek

## Geschichte

Historisch gesehen spielte sich der Handel mit Zuchtrindern in geographischem Sinn eher kleinräumig ab. Die ehemals vorhandenen Transportbedingungen haben den großräumigen Austausch von Großtieren sicherlich nicht begünstigt. Die Rinderzucht war grundsätzlich lokal ausgerichtet und hatte deswegen lange Zeit ihre eigenen, lokalen Regeln.

Diese historische Entwicklung mag teilweise auch die Erklärung für die weit in unsere Zeit reichende und oft sehr strenge Tierzuchtgesetzgebung sein. Die historisch gewachsene Regionalität der Tierzucht findet sich auch in der österreichischen Verfassung wieder, wo die Kompetenz dafür eindeutig den Ländern zugeordnet ist. Weltweite „Eroberungszüge“ wie jene der Schwarzbunten, des Braunviehs und des Fleckviehs in diesem Jahrhundert sind eher als Ausnahme zu betrachten.

Die Einführung der flächendeckenden künstlichen Besamung revolutionierte die Rinderzucht. Mit ihrer Hilfe gelang es, der gefürchteten Deckseuchen Herr zu werden. Andererseits war für den Samen im flüssigen Stickstoff keine Entfernung zu weit, sodaß dadurch die weltweite Verbreitung von Genetik stark begünstigt wurde. Der rasante Zuchtfortschritt bei einer Rasse und die gleichzeitige Zunahme der Vielfalt nicht autochthoner Rassen innerhalb eines Landes sprechen eine deutliche Sprache für die allgemeine Liberalisierung und die erleichterte Verfügbarkeit der Genetik.

1996 betrug der Anteil an Importsperma bei den Erstbesamungen in Österreich 14.5 % und hat sich damit in den letzten 10 Jahren beinahe verdoppelt. In Deutschland werden ca. 13 % der Erstbesamungen (geprüfte Stiere) nicht mit Samen aus der eigenen Station sondern mit Samen aus anderen deutschen oder ausländischen Stationen durchgeführt.

*Tabelle 1, Erstbesamungen 1996, geordnet nach Rasse und Herkunft <sup>1</sup>*

Rasse	Österreich eigene Station	Österreich andere Station	EU	Drittstaaten außer USA/Kanada	USA Kanada	<b>Gesamt</b>	in %
Fleckvieh	585.593	24.155	48.668	9.360	0	<b>667.776</b>	73
Braunvieh	67.574	4.841	2.787	631	21.388	<b>97.221</b>	11
Pinzgauer	11.569	2.344	0	0	0	<b>13.913</b>	2
Schwarzbunte	7.645	442	16.430	13	4.681	<b>29.211</b>	3
Andere	67.476	7.583	26.289	554	1.360	<b>103.262</b>	11
Summe	739.857	39.365	94.174	10.558	27.429	<b>911.383</b>	<b>100</b>
In Prozent	81	4	10	1	3	<b>100</b>	

<sup>1</sup> Zahlen aus „Jahresbericht 1996, Die künstliche Besamung in Österreich“ (Bundesamt für Agrarbiologie)

Der Handel mit Samen, Embryonen aber auch lebenden Zuchttieren nahm weltweit an Bedeutung zu. Die Dynamik des globalen Marktes übte einen zunehmenden Druck in Richtung Transparenz aus. Überall dort, wo wechselseitige Handelsaktivitäten zunehmen, und die Handelspartner nach verlässlichen Informationen verlangen, weil sie beim Kauf der Ware nicht anwesend sondern auf Beschreibungen angewiesen sind, wird der Ruf nach präzisen Kriterien und nach Standardisierung laut. Diese Standardisierung heißt in diesem Fall nicht zwangsläufig Gleichschaltung in der Zuchtpolitik, sondern Einigung auf eine gemeinsame Sprache.

Um mit Sicherheit Samen genetisch überlegener Tiere aus Amerika zu importieren, war es lange Zeit ausreichend zu wissen, daß die Herkunft Amerika ist.

Der über einen gewissen Zeitraum stattgefundene genetische Austausch sowie die konsequente Zuchtarbeit in den Importländern führten mittlerweile dazu, daß sich die Unterschiede in den genetischen Niveaus der beiden Ländergruppen verringerten.

Spätestens in den achtziger Jahren war das alleinige Wissen über das Herkunftsland zu wenig.

Die Geburtsstunde von INTERBULL war da.

Wenn ein ausländisches Zuchtprodukt bewertet werden soll, benötigt der Käufer Informationen über

- genetisches Niveau des liefernden Landes
- Rangierung innerhalb des liefernden Landes
- **Voraussichtliche Rangierung innerhalb der eigenen Population**

Nachdem Zuchtwerte grundsätzlich immer nur für eine bestimmte Population definiert sind, lassen sich die Ergebnisse innerhalb einer Population nicht ohne weiteres auf eine andere Population übertragen. Die Ursachen für unterschiedliche geschätzte Zuchtwerte eines Tieres in verschiedenen Populationen sind vielfältiger Natur:

1. Genetische Unterschiede zwischen Populationen
  - 1.1. Niveau
  - 1.2. Parameter
2. Darstellung der Ergebnisse
  - 2.1. Skaleneffekte
  - 2.2. Basis
3. Zuchtziel
  - 3.1. Bevorzugung frühreifer oder spätreifer Tiere
    - 3.1.1. Berücksichtigung der ersten oder auch weiterer Laktationen
  - 3.2. Gewichtung Milch : Fleisch : Fitness in einem Gesamtzuchtwert
  - 3.3. Genotyp – Umwelt Interaktionen
4. Methodik der Zuchtwertschätzung
  - 4.1. Vorkorrekturen
  - 4.2. Zeitgefährtenvergleich
  - 4.3. Testtagsmodell
5. Theoretische Voraussetzungen für ZWS nur teilweise erfüllt
  - 5.1. Vorselektion der Daten
  - 5.2. Wenig Nachkommen in wenig Betrieben
  - 5.3. Unberücksichtigt gebliebene Umwelteffekte
6. ....

## Gründung von INTERBULL

INTERBULL wurde 1983 als eine gemeinsame Arbeitsgruppe des IKLT (Internationales Komitee für Leistungsprüfungen in der Tierzucht), der EVT (Europäische Vereinigung für Tierproduktion) und der IDF (International dairy federation) gegründet. Diese Gründung entsprang dem Bedürfnis nach einer besseren Vergleichbarkeit der Zuchtwerte zwischen Ländern. INTERBULL wurde eine „ständige Untergruppe“ des IKLT, wobei auch die FAO ihre Unterstützung beibrachte. Geleitet wird INTERBULL von einem „steering committee“ (Lenkungsausschuß).

INTERBULL wurde 1991 an der schwedischen agrarwissenschaftlichen Universität mit der Gründung des INTERBULL Zentrums heimisch. Dieses Zentrum bietet den Mitgliedsländern viele Dienstleistungen an.

## Dienstleistungsangebot

Das Dienstleistungsangebot umfaßt folgende Bereiche:

- Plattform für internationale Kommunikation
- **INTERBULL Zuchtwertschätzung**
- Technische Unterstützung

Das **Ziel** aller Dienstleistungen ist die **Vergrößerung des genetischen Fortschrittes** durch

- a) vertrauensbildende Maßnahmen
- b) Reziproke Informationspflicht
- c) Jedes Land kann aus dem größtmöglichen Reservoir von Stieren, die für das eigene Land Bestgeeigneten heraussuchen.

INTERBULL hat mittlerweile 16 Bulletins herausgegeben (erste Herausgabe 1986), welche gegliedert sind in:

- 1) Präzise Ist-Zustandsbeschreibung aller beteiligten Länder (Vorkorrekturen, genet. Parameter, Hochrechnung ...)
- 2) Zusammenfassung von Vorträgen zu bestimmten Themen (z.B. BST Verwendung in den USA)
- 3) Klare Empfehlungen und Rangierungen von Methoden

Für Staaten, deren Bedeutung im tierzüchterischen Sinn über die eigenen Grenzen hinausgeht, ist es kaum vorstellbar, INTERBULL nicht anzugehören. 1997 betrug der Mitgliederbestand 34 Länder, davon nehmen 22 Länder an der Zuchtwertschätzung für 3 Milchleistungsmerkmale (Milchmenge, Fettmenge und Eiweißmenge) teil. Die Ausdehnung auf weitere Merkmale ist geplant.

Am Februarschätztermin 1998 nahmen 54.987 HF Stiere teil (Statistik im Anhang).

INTERBULL versteht sich selbst als „Non-Profit“ Organisation, die sich in der Weiterentwicklung, der Standardisierung der Zuchtwertschätzung sowie deren Dokumentation engagiert. Mit der

**Entscheidung des Rates 8292/96 vom 23.7.1996**

**zur Benennung der Referenzstelle, deren Aufgabe es ist, zur Vereinheitlichung der Prüfmethode und der Bewertung der Ergebnisse reinrassiger Zuchtrinder beizutragen,**

wurde 1996 das INTERBULL Zentrum von der EU als Referenzrechnungszentrum anerkannt. Die Anerkennung in diesem Jahr steht vermutlich in ursächlichem Zusammenhang mit dem 1995 erfolgten Beitritt Schwedens zur EU.

## Ablauf der INTERBULL Zuchtwertschätzung

### Was ist ein INTERBULL Zuchtwert

Jedes Land führt wie bisher seine nationale Zuchtwertschätzung durch, welche ausschließlich auf inländischen Leistungen beruht. Die geschätzten (Milch)Zuchtwerte der Besamungsstiere werden gemeinsam mit deren Sicherheit, der Töchteranzahl und mit der Abstammung nach Uppsala geschickt. Derzeit noch zweimal pro Jahr, eine viermalige Schätzung ist geplant.

Jetzt wird die eigentliche INTERBULL Zuchtwertschätzung durchgeführt (MACE = **M**ultiple **a**cross **c**ountry **e**valuation, [Graphik siehe Anhang]), wobei die geschätzten Zuchtwerte der Stiere aus verschiedenen Ländern kombiniert werden. Dabei erhalten die inländischen Zuchtwerte, immer aus der Sicht des jeweiligen Landes ein höheres Gewicht als die ausländischen Zuchtwerte. Daraus ergibt sich die Tatsache, daß ein Stier **nicht nur einen INTERBULL Zuchtwert** erhält, sondern so viele wie Länder an der gemeinsamen Zuchtwertschätzung teilnehmen. Diese populationsspezifischen Zuchtwerte gelten natürlich auch nur für die jeweilige Population und Bezugsbasis.

Im Anhang finden sich die genetischen Korrelationskoeffizienten beispielhaft für das Merkmal „Zuchtwert Milch kg“ (Fleckvieh, Braunvieh und Schwarzbunte) zwischen den beteiligten Ländern. Diese Korrelationen geben Auskunft über die Gewichtung ausländischer Stierzuchtwerte bei der Berechnung des inländischen INTERBULL Zuchtwertes.

Die Ergebnisse werden an die einzelnen Länder zurück geschickt und stehen dort zur weiteren Veröffentlichung zur Verfügung.

Für die Rassen Schwarzbunte, Braunvieh und Fleckvieh haben die österreichischen Rassen-Arbeitsgemeinschaften beschlossen, daß der jeweilige INTERBULL Zuchtwert den ausschließlich auf inländischen Informationen basierenden ersetzt! Damit bleibt gewährleistet, daß ein Stier zu einem Zeitpunkt nur einen offiziellen Zuchtwert hat.

Stiere, die einen INTERBULL Zuchtwert aufweisen, aber in Österreich (noch) nicht eingesetzt wurden, werden als solche gekennzeichnet und in einer separaten Liste ausgewiesen.

*Tabelle 2, Beispiel Zuchtwerte*

	Milch-ZW $\ddot{O}_{national}$	Töchter $\ddot{O}_{national}$	Si. $\ddot{O}_{national}$	Milch-ZW Land X	Töchter Land X	Milch-ZW $\ddot{O}_{INTERBULL}$	Si. $\ddot{O}_{INTERBULL}$
Stier 1	+ 121 kg	88	0.85	+ 694 kg	216	+ 175	0.92
Stier 2					24.816	+1.465	0.99

## Vorteile der INTERBULL Zuchtwertschätzung

1. Es lassen sich INTERBULL Zuchtwerte für Österreich für einen bestimmten Stier schätzen, obwohl dieser Stier noch keine Nachkommen in Österreich hat, bzw. mit dem Herkunftsland noch keine direkten genetischen Verknüpfungen existieren.
2. Der INTERBULL Zuchtwert bezieht sich immer auf die nationale Bezugsbasis.
3. Berücksichtigung aller bekannten Verwandtschaften.
4. Nutzung der Information von im Ausland erbrachter Töchterleistungen.
5. Berücksichtigung durchschnittlicher Genotyp-Umwelt Interaktionen.
6. Verringerung des Risikos durch schwach getestete Stiere (z.B. Syndikatsstiere).

Jedes Land erhält eine separate Liste mit Ergebnissen für alle Länder, ausgedrückt in den eigenen spezifischen Maßeinheiten und bezogen auf die jeweilige Länderbasis.

Für Veröffentlichungen darf nur die Liste mit den Ergebnissen, die für das eigene Land gelten, verwendet werden.

Die Souveränität der Publikation der Zuchtwerte für das eigene Land bleibt dem teilnehmenden Land vorbehalten. Durch diese vertraglich fixierte Vereinbarung der teilnehmenden Länder ist eine unzulässige Marketingstrategie ausgeschlossen, die das gesamte System zum Kippen bringen könnte. INTERBULL lebt von der Bereitschaft zur Offenlegung, und diese Offenheit bedarf der Fairness in der weiteren Behandlung der Ergebnisse.

INTERBULL liefert keine weltweite Bestenliste, die Verantwortlichkeiten für die Formulierung des Zuchtzieles, des Zuchtprogrammes, sowie die Publikation der Ergebnisse bleiben beim teilnehmenden Land.

Eine Schwäche der aktuellen Situation liegt darin, daß es INTERBULL Zuchtwerte vorerst nur für Stiere und für Milchleistungsmerkmale gibt. Weitere Merkmale sind jedoch geplant.

Ein weltweiter Selektionspool erhöht vermutlich die Risiken für eine genetische Verengung, bzw. Inzucht und allen damit zusammenhängenden Nachteilen. Meiner Meinung nach erhöht sich in einem quasi gegenläufigen Prozeß durch die Vergrößerung der Liste der Merkmale (Fleisch, Fitness u.a.) gleichzeitig die Chance, auch die weltweit gesündesten und fruchtbarsten Tiere, bzw. die für das eigene Land Bestgeeigneten zu finden, die im Lieferland ihre Überlegenheit nicht ausspielen konnten.

Es lassen sich Tiere herausfinden, die unter den eigenen Selektionsbedingungen ihre genetische Überlegenheit ausspielen können, ohne sie je bewiesen zu haben.

## Weitere Entwicklung

1995 wurde durch eine Initiative von SÖLKNER und GENGLER ein Projekt gestartet, welches eine Verbesserung der funktionalen Merkmale zum Inhalt hat (**GIFT**, **Genetic Improvement of Functional Traits**). Dabei geht es neben der Verbesserung der Kommunikation zwischen Wissenschaftlern und Zuchtverbänden um einen Anstoß für weitere Entwicklungen sowie die Entwicklung von Vorschlägen für Zuchtprogramme.

## Zusammenfassung

Die Etablierung von INTERBULL sowie die Einführung der INTERBULL Zuchtwertschätzung stellen sicher einen bedeutenden Schritt in Richtung verstärkter internationaler Zusammenarbeit dar.

Der große Vorteil liegt einerseits in der Wirkung der vertrauensbildenden Maßnahmen sowie in der Erhöhung der Sicherheit der geschätzten Zuchtwerte durch die Berücksichtigung länderübergreifend erbrachter Leistungen.

In- und ausländische Zuchtwerte werden direkt miteinander vergleichbar.

Es wird nicht einfach sein, sich in dieser internationalen Arena zu messen. Ich bin aber überzeugt, daß die Früchte konsequenter Zuchtarbeit, gerade durch die Chance der Vergleichbarkeit über Ländergrenzen hinweg, einem größeren Kreis zugänglich und im Wettbewerb bestehen werden.

## Anhang

### Genetische Korrelationen

Milch, INTERBULL Zuchtwertschätzung Februar 1998

#### Fleckvieh

	CH	D	F <sub>Mo</sub> <sup>2</sup>	ITA	SLO	F <sub>Si</sub> <sup>3</sup>
Ö	.90	.90	.88	.88	.87	.89
CH		.90	.93	.91	.88	.88
D			.91	.88	.89	.91
F <sub>Mo</sub>				.93	.87	.87
ITA					.88	.90
SLO						.87

#### Braunvieh

	DK	F	USA	CH	ITA	D	Ö	NL	SLO
CA	.91	.95	.96	.89	.93	.92	.87	.93	.89
DK		.91	.91	.90	.90	.91	.89	.94	.88
F			.96	.89	.96	.92	.88	.93	.87
USA				.91	.96	.91	.87	.93	.88
CH					.90	.90	.89	.93	.88
ITA						.91	.86	.92	.88
D							.91	.95	.89
Ö								.89	.88
NL									.87

<sup>2</sup> Französische Montbeliarde Stiere in Fleckvieh Zuchtwertschätzung

<sup>3</sup> Französische Simmental Stiere in Fleckvieh Zuchtwertschätzung





Nationale  
Zuchtwertschätzung

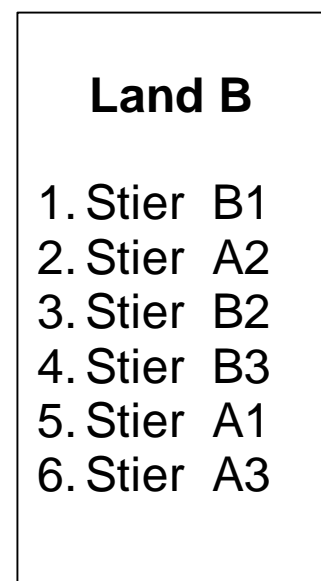
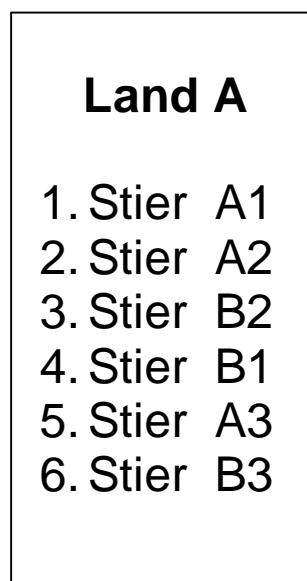
Nationale  
Zuchtwerte



INTERBULL  
Zuchtwertschätzung



INTERBULL  
Zuchtwerte



## Länderstatistik

Teilnehmer an der INTERBULL Zuchtwertschätzung vom Februar 1998

Methodik und Anzahl Stiere je Rasse

	Modell <sup>4</sup>	Ayrshire	Braunvieh	Guernsey	Holstein	Jersey	Fleckvieh
Australien	TM	233		63	2.427	553	
Belgien	TM				818		
Dänemark	VM		1.087		3.797	1.075	
Deutschland	TM, MM		1.569		7.565		7.329
England	TM	217		81	2.123	167	
Estland	TM, MM				401		
Finland	TM	2.705			530		
Frankreich	TM		133		7.421		1.942
Irland	TM				491		
Israel	TM				474		
Italien	TM		515		2.800		375
Kanada	TM	381	55	65	4.407	244	
Neuseeland	TM	445			2.355	1.882	
Niederlande	TM		34		5.041	27	
Norwegen	VM	2.043					
Österreich	TM, MM		1.220		235		3.141
Schweden	VM	2.696			1.477		
Schweiz	TM		1.370		407		1.583
Slowenien	VM		156		56		226
Spanien	TM				514		
Tschechien	TM, MM				867		
USA	TM	220	327	531	15.031	1.158	
n records		8.940	6.466	740	59.327	5.106	14.596
n Stiere		8.740	5.982	681	54.987	4.720	14.116
n Stiere in mehr als einem Land		200	484	59	4340	386	480

<sup>4</sup> Abkürzungen:

TM .. Tiermodell, MM .. Mehrmerkmalsmodell, VM .. Vatermodell

# Inzucht – ein Problem in der Rinderzucht?

Birgit Fürst-Waltl

Inzucht zählt seit den Anfängen der systematischen Tierzucht zu einer der wichtigsten Zuchtmethoden, um erwünschte Erbanlagen in Populationen stärker zu festigen und damit den Zuchtfortschritt zu verbessern. Obwohl sehr bald erkannt wurde, daß Inzucht auch zu unerwünschten Nebeneffekten wie Leistungsminderungen oder verstärktem Auftreten von Erbkrankheiten führt, wurden Verwandtenpaarungen immer wieder bewußt durchgeführt. Dennoch waren die Auswirkungen auf ganze Populationen meist gering. Heute stehen wir jedoch vor der Situation, daß die Anzahl der Vatertiere durch die künstliche Besamung deutlich reduziert wurde, womit die Gefahr einer verstärkten Inzuchtsteigerung verbunden ist. Auch neuere Entwicklungen wie z.B. das BLUP-Tiermodell in der Zuchtwertschätzung tragen zu einer Erhöhung der Inzucht bei.

Im folgenden Beitrag soll nicht nur der Begriff der Inzucht erklärt werden, sondern es soll auch anhand von Ergebnissen aus dem In- und Ausland dargestellt werden, in welchem Ausmaß Rinder in den heutigen Populationen ingezüchtet sind und inwieweit sich dieser Grad der Inzucht auf ihre Leistungen auswirkt.

## Definition der Inzucht

Unter Inzucht versteht man die Paarung von Tieren innerhalb einer Population, die enger miteinander verwandt sind als die Paarungspartner im Durchschnitt der Population, wobei für den Durchschnitt immer eine bestimmte Vorfahrensgeneration – die sogenannte Basisgeneration – herangezogen wird. Je weiter man die Abstammung zurückverfolgt, desto mehr Tiere können also als miteinander verwandt erkannt werden.

Um den Grad der Inzucht zu beschreiben wird heute fast ausschließlich der von Sewall Wright vorgeschlagene *Inzuchtkoeffizient* verwendet. Eine Berechnungsmethode für den Inzuchtkoeffizienten ist die folgende:

$$F = \sum \left( \frac{1}{2} \right)^{n_1+n_2+1} (1 + F_A)$$

Dabei sind

$F$  = der Inzuchtkoeffizient des Tieres,

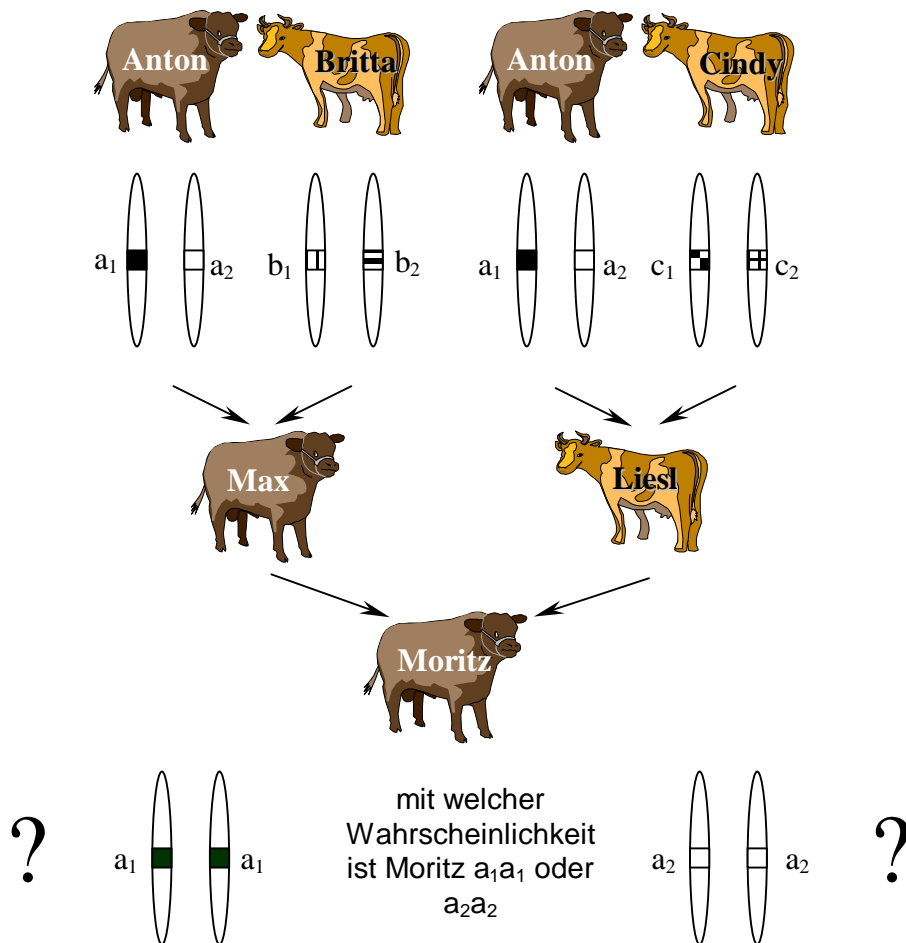
$n_1, n_2$  = die Anzahl an Generationen, die *zwischen* dem Tier und dem jeweiligen gemeinsamen Vorfahren auf mütterlicher und väterlicher Seite liegen und

$F_A$  = der Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

Die Summierung erfolgt über *alle gemeinsamen Ahnen* – das sind jene Vorfahren, die sowohl auf der mütterlichen als auch väterlichen Seite des Stammbaumes vorkommen. Der Inzuchtkoeffizient  $F$  beschreibt die Wahrscheinlichkeit inwieweit herkunftsgleiche Gene an einem bestimmten Genort

des Tieres auftreten können bzw. Homozygotie (Reinerbigkeit) aufgrund der Abstammung bzw. Herkunftsgleichheit der Gene vorliegt.

Mit folgendem Beispiel aus der Rinderzucht soll dies verdeutlicht werden:



In diesem Beispiel betrachtet man die einfache Situation einer Halbgeschwisterpaarung. Der Einfachheit halber berücksichtigen wir aber nur einen einzigen Genort (Locus) eines beliebigen Chromosomenpaares, das grafisch dargestellt ist. Wir nehmen dabei an, daß alle Tiere der Vorfahrensgeneration Träger von verschiedenen Allelen sind, die durch die Buchstaben  $a_1, a_2, \dots, c_2$  und unterschiedliche Muster gekennzeichnet sind. Allele sind Gene auf ein und demselben Genort. Aufgrund des doppelten Chromosomensatzes sind für jede Merkmalsausprägung also (mindestens) 2 Allele verantwortlich.

Man sieht, daß die beiden Tiere Liesl und Max den gleichen Vater haben, nämlich den Stier Anton. Erhalten nun Liesl und Max eine Kopie des selben Allels, das heißt, das selbe DNA-Segment irgendeines Genortes von Anton, kann man sagen, daß Liesl und Max Gene haben, die herkunftsgleich sind. Der Nachkomme von Liesl und Max, der Stier Moritz, kann nun auf jedem Genort Gene erben, die herkunftsgleich sind.

Zuvor wurde der Inzuchtkoeffizient als die Wahrscheinlichkeit definiert, daß die beiden Gene an einem Genort herkunftsgleich sind. Für Moritz ergibt sich diese also als die Wahrscheinlichkeit, daß beide Gene  $a_1$  sind, plus der Wahrscheinlichkeit, daß beide Gene  $a_2$  sind, daß er also entweder bezüglich  $a_1$  oder  $a_2$  homozygot ist.

Der Stier Anton kann seiner Tochter Liesl entweder  $a_1$  oder  $a_2$  weitervererben, für beide Allele ist die Wahrscheinlichkeit  $\frac{1}{2}$ . Erhält Liesl das  $a_1$  von Anton und z.B.  $c_1$  von ihrer Mutter Cindy, so ist die Wahrscheinlichkeit, daß Liesl selbst  $a_1$  an Moritz weitergibt ebenfalls wieder  $\frac{1}{2}$ . Gleichzeitig muß aber das Allel  $a_1$  von Anton auch an den Stier Max weitergegeben werden, wofür die Wahrscheinlichkeit wiederum  $\frac{1}{2}$  beträgt, ebenso wie die Wahrscheinlichkeit, daß Max das Allel  $a_1$  an Moritz weitergibt. Die Gesamtwahrscheinlichkeit, daß Moritz Träger von zwei  $a_1$  Allelen ist, ist somit  $(\frac{1}{2})^4$ . Da wir aber auch die Möglichkeit berücksichtigen müssen, daß Moritz reinerbig für  $a_2a_2$  ist, müssen wir nochmals die gleiche Wahrscheinlichkeit addieren und kommen so zu einem Inzuchtkoeffizienten von

$$F = \left(\frac{1}{2}\right)^4 + \left(\frac{1}{2}\right)^4 = 0,125$$

In diesem Fall gehen wir davon aus, daß Anton selbst nicht ingezüchtet war; wäre er es, müßte man seinen Inzuchtkoeffizienten noch zusätzlich berücksichtigen, was aus der oben angeführten Formel hervorgeht.

Verwendet man für dieses Beispiel die Formel zur Berechnung des Inzuchtkoeffizienten so ergibt sich natürlich das selbe Ergebnis:

$$F = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1+n_2+1} (1+F_A) = \left(\frac{1}{2}\right)^{1+1+1} (1+0) = 0,125$$

da zwischen Moritz und Anton sowohl mütterlicher als auch väterlicherseits je eine Generation liegt. Der Inzuchtkoeffizient für Moritz beträgt also 0,125 oder 12,5%.

Wäre die Mutter von Liesl nicht Cindy, sondern ebenfalls Britta, läge also eine Vollgeschwisterpaarung vor, so ergäbe sich ein Inzuchtkoeffizient von

$$F = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1+n_2+1} (1+F_A) = \left[\left(\frac{1}{2}\right)^{1+1+1} (1+0)\right] + \left[\left(\frac{1}{2}\right)^{1+1+1} (1+0)\right] = 0,25$$

da nicht nur die Allele  $a_1$  und  $a_2$ , sondern auch die Allele  $b_1$  und  $b_2$  der Mutter berücksichtigt werden müssen.

Beachtet werden muß allerdings, daß mit dem Inzuchtkoeffizienten *nicht die absolute Homozygotie* gemessen wird. Angegeben wird vielmehr der Rückgang der Heterozygotie in Bezug auf eine Basispopulation. Die Tiere der Basispopulation werden dabei als nicht miteinander verwandt und daher mit einem Inzuchtkoeffizienten von 0 angenommen. Für unser vorhergehendes Beispiel bedeutet dies, daß die Kühe Britta und Cindy auch Träger der Allele  $a_1$  oder  $a_2$  hätten sein können, ohne daß sich für die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten eine Änderung ergeben hätte. Das heißt, mit dem Inzuchtkoeffizienten wird immer angegeben, in welchem Ausmaß ein Tier weniger heterozygot ist als Tiere, die einen Inzuchtkoeffizienten von 0 haben.

Das soll folgendes einfache Beispiel veranschaulichen:

Wir nehmen an, daß in einer Rinderpopulation das Allel  $a_1$  zu einer weißen Farbe führt und das Allel  $a_2$  zu einer roten Farbe, wenn die Tiere auf dem entsprechenden Genort homozygot sind ( $a_1a_1$  oder  $a_2a_2$ ). Tiere, die heterozygot (mischerbig), also Träger beider Allele sind ( $a_1a_2$ ), wären in unserer Population stichelhaarig. In dieser Population gibt es 16% weiße Tiere, 48%

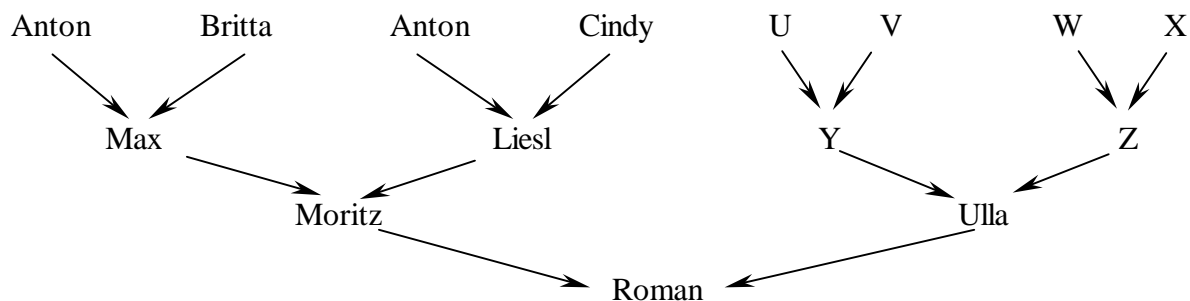
stichelhaarige Tiere und 36% rote Tiere. Wenn wir nichts über die Zuchtgeschichte dieser Population wissen, müssen wir annehmen, daß die Tiere nicht ingezüchtet sind.

Die Wahrscheinlichkeit, daß ein beliebiges Tier in dieser nicht ingezüchteten Basispopulation stichelhaarig ist, ist also 48% und daß es homozygot ist (weiß oder rot), ergibt sich aus 16% (für  $a_1a_1$ ) + 36% (für  $a_2a_2$ ) = 52%. In diesem Fall kommt die Homozygotie von Genen *verschiedener Vorfahren* und ist *nicht herkunftsgleich*.

Hat ein Tier jedoch einen Inzuchtkoeffizienten von 0,3 oder 30% in Bezug auf diese Basispopulation, dann ist die Wahrscheinlichkeit, daß es stichelhaarig ist, um 30% kleiner, also nicht mehr 48%, sondern  $(1 - 0,3)$  mal der Wahrscheinlichkeit eines Tieres der Basispopulation, also  $0,7 \times 48\% = 34\%$ . Gleichzeitig erhöht sich die Wahrscheinlichkeit, daß dieses Tier homozygot ist, also entweder weiß oder rot, auf 66%.

Betrachtet man die beiden Extremfälle, einen Inzuchtkoeffizienten von 0 bzw. von 1, so sieht man, daß ein Tier mit dem Inzuchtkoeffizienten 0 die gleiche Wahrscheinlichkeit hat, an einem bestimmten Genort heterozygot zu sein, wie die Tiere der Basisgeneration. Hat es allerdings einen Inzuchtkoeffizienten von 1, dann ist die Wahrscheinlichkeit, daß dieses Tier an irgendeinem Genort heterozygot ist 0; es hat auf allen Genorten Gene, die herkunftsgleich sind, womit es bezüglich aller Genorten homozygot sein muß.

Inzucht und Homozygotie steigen zwar im allgemeinen nur langsam an, können jedoch mit einer einzigen Generation Fremdpaarungen völlig beseitigt werden, wie auch das folgende Beispiel zeigt:



Da der Stier Roman keinen gemeinsamen Vorfahren über die väterliche und mütterliche Seite hat, ist sein Inzuchtkoeffizient 0, obwohl der Inzuchtkoeffizient seines Vaters 12,5% beträgt.

Betrachtet man eine bestimmte Population, so kommt es ohne Einkreuzung automatisch zu einer Inzuchtsteigerung pro Generation, weil eine Population nur aus einer begrenzten Anzahl von Tieren besteht. Näherungsweise kann man die Inzuchtsteigerung bei Zufallspaarung mit folgender Formel beschreiben:

$$\Delta F = \frac{1}{8N_{\text{männlich}}} + \frac{1}{8N_{\text{weiblich}}}$$

wobei

$\Delta F$  = Steigerung des Inzuchtkoeffizienten pro Generation,

$N$  = Anzahl der männlichen bzw. weiblichen Tiere in der betreffenden Population

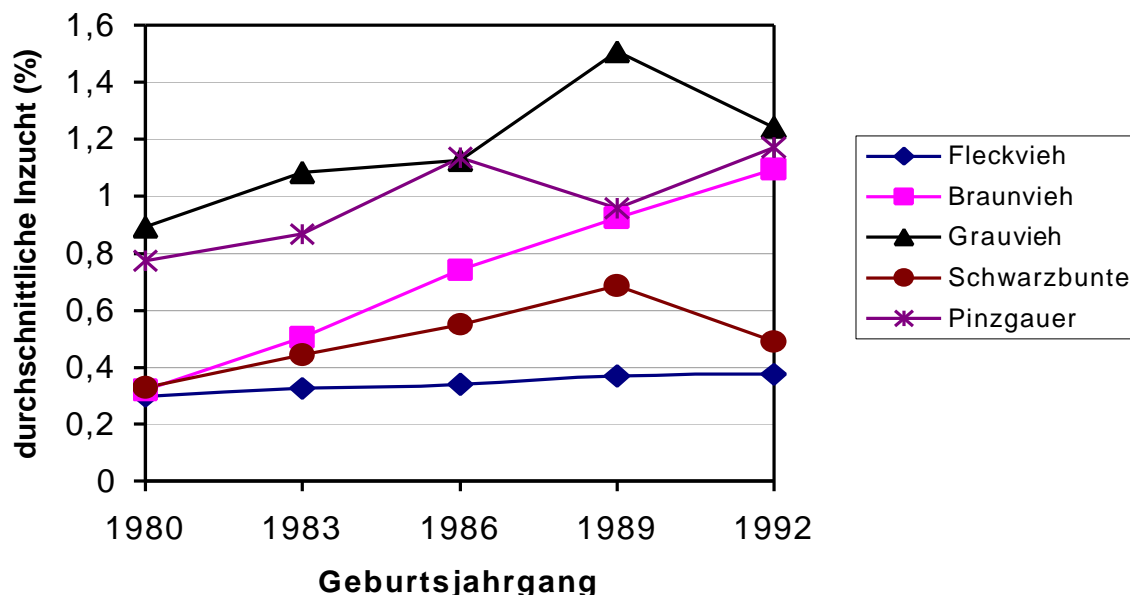
Aus dieser Formel geht hervor, daß die Steigerung der Inzucht von der Populationsgröße abhängig ist – je kleiner eine Population ist, umso stärker steigt die Inzucht an. Da die Anzahl der

weiblichen Tiere in unseren Rinderpopulationen üblicherweise relativ groß ist, bedeutet dies, daß die Steigerung der Inzucht unter praxisüblichen Zuchtbedingungen praktisch nur von der Anzahl der männlichen Tiere bedingt wird. Der Hauptgrund dafür ist die in der modernen Rinderzucht unverzichtbare künstliche Besamung. Gleichzeitig führen aber auch jüngere Entwicklungen wie das BLUP-Tiermodell bei der Zuchtwertschätzung, die INTERBULL-Zuchtwertschätzung oder MOET (Multiple Ovulation und Embryo Transfer) Zuchtprogramme zu einer Erhöhung der Inzucht, letztere aufgrund der Verminderung der Anzahl der weiblichen Tiere. Auf die Auswirkungen des Tiermodells und der Interbull-Zuchtwertschätzung wird in einem anderen Beitrag genauer eingegangen (Fürst, 1998).

## **Wie groß ist die Inzucht in den Rinderpopulationen?**

Die durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten der Rinderpopulationen in Österreich und im Ausland bewegen sich etwa im Bereich von 0,3 bis 4 %. Bei allen Studien, in denen Inzucht untersucht wurde, hängt die Höhe des gefundenen Inzuchtkoeffizienten jedoch stark von der Anzahl der einbezogenen Generationen ab. Je weiter man zurückgeht, um so eher wird man Verwandtschaftsverhältnisse zwischen Tieren aufdecken können. Da der Einsatz von EDV und damit die Verfügbarkeit von Abstammungen auf elektronischen Datenträgern im Verhältnis noch relativ jung ist, haben jüngere Tiere eher die Möglichkeit, Inzuchtkoeffizienten aufzuweisen als ältere. Die Anzahl der einbezogenen Generationen ist also einer der Gründe für den Anstieg der Inzucht in Populationen, wenngleich auch, wie schon vorher erwähnt, ein gewisser Anstieg in geschlossenen Populationen immer zu erwarten ist. Unterschiedliche Abstammungsdatensätze sind auch der Grund für geringfügige Unterschiede der berechneten Inzuchtkoeffizienten bei Verwendung von Datensätzen, die z.B. für die Zuchtwertschätzung auf Milchleistung (Abb.1) bzw. Nutzungsdauer (Tab.1) verwendet werden.

Abbildung 1: Entwicklung des durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten für österreichische Rinderrassen (Quelle: Ergebnisse der Milchzuchtwertschätzung in Österreich, Februar 1998)  
 Tabelle 1: Inzuchtkoeffizienten von Tieren der Geburtsjahrgänge 1988-1992 berechnet aus dem Datensatz der Zuchtwertschätzung für Nutzungsdauer (Sölkner, 1998)



Rasse	Anzahl Tiere	Ø Inzuchtkoeff. (%)	max. Inzuchtkoeff. (%)	Anteil ingezüchteter Tiere (%)	Ø Inzuchtkoeff. ingezüchteter Tiere (%)
Fleckvieh	292088	0,38	38,3	37,9	1,01
Braunvieh	90371	0,83	29,0	49,5	1,68
Schwarzbunte	21242	0,59	28,1	18,3	3,24
Pinzgauer	19639	1,20	29,1	70,9	1,69
Grauvieh	4521	1,87	26,2	94,4	1,98

Aus Tabelle 1 geht hervor, daß die durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten bei den 5 größten österreichischen Rassen zwischen 0,38 und 1,87% liegen. Der Wert für Schwarzbunte (0,59) ist jedoch insofern problematisch, als bei importierten Tieren nur 2 Generationen Abstammung vorhanden sind, und daher Querverbindungen bei ausländischen Tieren oftmals nicht möglich sind. Der durchschnittlichen Inzuchtkoeffizient der Schwarzbunten dürfte also deutlich über dem hier angegebenen liegen.

Der höchste Inzuchtkoeffizient ist bei einem Fleckviehtier mit 38,3% zu finden, die Höchstwerte bei den übrigen Rassen entsprechen etwa Inzuchtkoeffizienten, die durch eine Vollgeschwisterpaarung entstehen. Auch wenn der Anteil der ingezüchteten Tiere zum Teil sehr hoch ist (bei Grauvieh deshalb am höchsten, da sich die Pedigrees am weitesten zurückverfolgen ließen und die Population am kleinsten ist), sind doch die durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten der ingezüchteten Tiere niedrig. Dies zeigt, daß einer engen Inzucht durch gezielte Anpaarungen



im allgemeinen entgegengewirkt wird. Dies geht auch aus Tabelle 2 hervor, in der der Anteil an engen Verwandtenpaarungen bzw. der spätere Zuchteinsatz von Tieren, die aus solchen Paarungen stammen, dargestellt wird. Der Anteil an Eltern-Nachkommenpaarungen liegt je nach Rasse zwischen 0,1 und 0,3%, der der Halbgeschwisterpaarungen etwa zwischen 0,2 und 0,7%. Vollgeschwisterpaarungen werden so gut wie nicht durchgeführt. Stiere, die aus engen Verwandtenpaarungen stammen, werden selbst kaum in der Zucht eingesetzt. Der Anteil der Kühe ist zwar etwas höher, liegt mit dem Höchstwert von 1% beim Grauvieh aber dennoch im vernachlässigbaren Bereich.

In einer kürzlich erschienenen Studie über die baden-württembergische und bayrische Braunvieh- bzw. Gelbviehpopulation (Krogmeier et al., 1997) wurden sowohl die Entwicklung der Inzucht als auch die Inzuchtdepression untersucht. Der Inzuchtgrad von Kühen der Geburtsjahrgänge 1980 bis 1992 stieg beim Braunvieh von etwa 0,3 auf 1,2% an, beim Gelbvieh von 0,8 auf 1,6% an. Die Abstammungen reichten dabei, ähnlich wie bei den österreichischen Daten, bis in die 50er Jahre zurück. Wie in Österreich waren auch in der deutschen Untersuchung nur verhältnismäßig wenig Tiere mit hohen Inzuchtkoeffizienten (höchste Inzuchtkoeffizienten: 37,5% beim Braunvieh, 31,25% beim Gelbvieh) zu finden, während es sehr viele Tiere mit Inzuchtkoeffizienten bis 2% gab. Eine Untersuchung über das Schweizer Braunvieh gibt die durchschnittliche Inzucht für den Geburtsjahrgang 1984 mit 1,67% an (Casanova et al., 1992). Für die Milchviehpopulationen in den USA wurden für den Geburtsjahrgang 1990 Inzuchtkoeffizienten zwischen 2,6% (Holstein) und 4,7% (Ayrshire) ausgewiesen (Wiggans et al., 1995). Der höchste Inzuchtkoeffizient lag in dieser Untersuchung bei 56% für einen Guernsey Stier, in der Holsteinpopulation lag der höchste Inzuchtkoeffizient bei 38%.

Tabelle 2: Anteil an engen Verwandtenpaarungen in den Jahren 1990-1994 sowie Anteil der Anteil von Zuchttieren der Geburtsjahrgänge 1991-95, die aus engen Verwandtenpaarungen stammen (Fürst, 1998, persönliche Mitteilung)

	Fleckvieh	Braunvieh	Schwarzbunte	Pinzgauer	Grauvieh
Belegungen total in den Jahren 90-94	1.657.462	447.976	114.165	85.995	22.664
davon					
Eltern-Nachkommenpaarungen	1521 (0,09%)	446 (0,10%)	314 (0,27%)	172 (0,20%)	43 (0,19%)
Vollgeschwisterpaarungen	0	1	0	2	0
Halbgeschwisterpaarungen	3360 (0,20%)	1239 (0,27%)	379 (0,33%)	407 (0,47%)	167 (0,74%)
Zuchttiere der Geburtsjrg. 91-95 stammend aus	6812	1719	182	770	85
Eltern-Nachkommenpaarungen	0	0	0	1 (0,13%)	0
Halbgeschwisterpaarungen	10 (0,15%)	2 (0,12%)	1 (0,55%)	2 (0,26%)	0
Kühe der Geburtsjrg. 91-95 stammend aus	252.043	76.034	18.804	15.128	3905
Eltern-Nachkommenpaarungen	214 (0,08%)	40 (0,05%)	44 (0,23%)	23 (0,15%)	4 (0,10%)
Halbgeschwisterpaarungen	459 (0,18%)	207 (0,27%)	57 (0,30%)	89 (0,59%)	35 (0,90%)

## Inzuchtdepression

Mit den vorhergehenden Beispielen konnte gezeigt werden, daß Inzucht die Heterozygotie vermindert und daher die Homozygotie erhöht. Damit taucht auch das Problem des vermehrten homozygoten Auftretens von *rezessiven Genen* auf. Diese treten im Zusammenhang mit einem sogenannten *dominanten Erbgang* auf, das bedeutet, daß ein Allel sich im Vergleich zu einem anderen „durchsetzt“, weshalb man es als dominant bezeichnet, während es ein anderes Allel, das rezessive, in seiner Wirkung unterdrückt. Ein Beispiel für dominanten Erbgang ist die schwarze Farbe bei Rindern: schwarze Tiere können sowohl reinerbig schwarz sein, können aber auch *Träger* eines anderen Farbgens sein.

Abgesehen von den weniger wichtigen Farbgenen sind auch viele unerwünschte rezessive Gene in den Heterozygoten „versteckt“, sodaß durch eine Verminderung der Heterozygoten diese unerwünschten Gene verstärkt zur Wirkung kommen können. Bekannte Beispiele für rezessive

Erbkrankheiten bei Rindern sind Weaver und spinale Muskelatrophie beim Braunvieh, die Immunkrankheit BLAD (Bovine Leukozyten-Adhäsions-Defizienz) bei den Schwarzbunten sowie die Spinnengliedrigkeit, die bei Braunvieh, Schwarzbunten und Fleckvieh zu finden ist. Im Rahmen einer am Institut für Nutztierwissenschaften durchgeführten Diplomarbeit wurden die Wahrscheinlichkeiten für die Anzahl von Trägern (also heterozygoten Tieren) der drei bereits oben genannten Erbkrankheiten für das Braunvieh errechnet. Diese lagen etwa bei 4% für die Spinnengliedrigkeit, 7% für spinale Muskelatrophie und 15% für Weaver (Tab. 3).

*Tabelle 3: Trägerwahrscheinlichkeit für Erbkrankheiten in der Braunviehpopulation (Lidauer, 1992)*

	Trägerwahrscheinlichkeit in %		
	Weaver	Spinale Muskelatrophie	Spinnengliedrigkeit
Stiere	14,9	7,3	4,3
Kühe	11,0	6,3	3,9

Inzucht erhöht also das Auftreten von unerwünschten genetischen Defekten, die durch rezessive Gene bedingt werden. Nicht alle dieser Gene führen zu schwerer Krankheit oder den Tod des Tieres, viele dieser Gene mindern die Produktion bzw. Reproduktion, was man als *Inzuchtdepression* bezeichnet. Paart man dagegen Tiere aus verschiedenen Populationen miteinander, also Tiere die deutlich weniger verwandt sind, als es dem Durchschnitt der Paarungen innerhalb der Population entspricht, so zeigen die Kreuzungsnachkommen Leistungen, die über dem arithmetischen Mittel der Eltern liegen, was man als Heterosiseffekt bezeichnet.

Die Inzuchtdepression wird üblicherweise je % Inzuchtsteigerung ausgedrückt. Neben dem Inzuchtkoeffizienten hängt die Inzuchtdepression auch von den mittleren Allelfrequenzen und dem Dominanzgrad ab. Merkmale, an denen keine Allele mit Dominanzwirkung beteiligt sind, zeigen daher keine Inzuchtdepression, für Allele mit mittleren Allelfrequenzen und stark ausgeprägter Dominanz ist sie am höchsten. Inzuchtdepression ist daher im allgemeinen bei Fitness-Merkmalen am stärksten, da bei Allelen, die Fitnessmerkmale betreffen, Dominanz eine größere Rolle spielt als bei Allelen, die andere Merkmale betreffen. Dies läßt sich durch einen stärkeren Selektionsdruck auf Fruchtbarkeits- und Vitalitätsmerkmale erklären, da diese für die Erhaltung einer Art von großer Bedeutung sind. Bedingt durch die natürliche Selektion wird die additiv genetische Varianz sehr klein (niedrige Heritabilität), da sich nur jene Tiere durchsetzen können, die nahe am Optimum liegen, während es zu einer relativen Anhäufung dominanter und überdominanter Genwirkungen kommt.

Tabelle 4: Geschätzte Inzuchtdepression (Effekte von 1% Inzuchtsteigerung), Fürst (1994)

Merkmal	Laktation	Fleckvieh (rein)	Braunvieh
Milch (kg)	1	-6,9	-7,2
	2	-6,6	-6,3
	3	-5,2	-10,4
Fett (%)	1	0,0002	-0,0004
	2	-0,0005	-0,0003
	3	-0,0020	-0,0001
Nutzungsdauer (d)		-4,9	-4,3
FCM Lebensleistung		-109,9	-165,0

In einer österreichischen Arbeit wurde der Effekt der Inzuchtsteigerung auf Milchleistungs- und Fitnessmerkmale untersucht (Tab. 4, Fürst, 1994). Sowohl beim Fleckvieh als auch bei Braunvieh zeigte sich eine eher niedrige Inzuchtdepression (etwa 7 kg Milch) in Bezug auf Milchleistung. Die Nutzungsdauer verringerte sich bei 1%-iger Inzuchtsteigerung etwa um 5 Tage, die FCM Lebensleistung um mehr als 100 kg.

Die Inzuchtdepression betrug in der bereits angeführten deutschen Studie (Krogmeier et al., 1997) etwa 9 kg Milch und 0,3-0,4 kg Fett bzw. Eiweiß beim Braunvieh und 10-13 kg Milch und 0,3–0,5 kg Fett bzw. Eiweiß beim Gelbvieh in den ersten 3 Laktationen. Außerdem wurde ebenso beobachtet, daß ingezüchtete Tiere in der Tendenz früher abgehen.

Tabelle 5: Schätzung der Inzuchtdepression in amerikanischen Milchviehpopulationen in kg pro 1% Inzuchtsteigerung (Wiggans et al., 1995)

Rasse	Milch (kg)	Fett (kg)	Eiweiß (kg)
Ayrshire	-30,2	-1,16	-1,20
Brown Swiss	-24,6	-1,08	-0,99
Guernsey	-19,6	-0,89	-0,77
Holstein	-29,6	-1,08	-0,97
Jersey	-21,3	-1,03	-0,88
Milking Shorthorn	-22,0	-0,68	-1,01

Für Milchleistungsmerkmale gibt es weltweit sehr viele Untersuchungen zur Bedeutung der Inzuchtdepression, wobei mit –20 bis –30 kg Milch bzw. etwa -1 kg Fett bzw. Eiweiß deutlich höhere Werte pro Prozent Inzuchtsteigerung angegeben werden. Dies trifft auch auf die schon vorher erwähnte amerikanische (Tab. 5, Wiggans et al., 1995) und Schweizer Studie (Casanova et al., 1992) zu. Eine Erklärung dafür könnte das in Österreich niedrigere Leistungsniveau im Vergleich zu Ländern mit speziellen Milchrinderrassen sein.

Bei der Zellzahl hat die Inzucht keine große Bedeutung, in einer Untersuchung über die kanadische Hostein Friesian Population zeigte sich, daß Kühe mit einem Inzuchtkoeffizienten von

25% in der Testtags-Zellzahl durchschnittlich 14700 über der nicht ingezüchteter Kühe lagen (Miglior et al., 1995).

In einer Studie von Mac Neil et al. (1989) wurden die Auswirkungen der Inzucht auf die Überlebenschance von Embryos sowie Geburts- und Absetzgewicht der Kälber bei Herefordkühen untersucht. Dazu wurden zwei Gruppen von Kühen mit durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten von 26,5% bzw. 6,9% verglichen. Obwohl die Kühe an nicht verwandte Stiere angepaart wurden und ihre Nachkommen daher selbst nicht ingezüchtet waren, überlebten in der stark ingezüchteten Gruppe um 15,2% weniger Embryos und das durchschnittliche Geburtsgewicht bzw. Absetzgewicht (200-Tage) der Kälber war um 4,8 kg bzw. 15 kg geringer.

Aufgrund des niedrigen Niveaus der Inzucht scheint eine Berücksichtigung der Inzuchtkoeffizienten in der Zuchtwertschätzung keine vorrangige Bedeutung zu haben. Theoretisch könnte damit zwar eine „Bestrafung“ von Stieren, die an verwandte Tiere angepaart werden und durch Inzuchtdepression geringere Nachkommenleistungen aufweisen, vermieden werden, in der amerikanischen Studie von Wiggans et al. (1995) zeigte sich aber, daß die Auswirkungen auf die geschätzten Zuchtwerte bei Berücksichtigung der Inzucht minimal waren.

## Schlußbetrachtungen

In den vergangenen Jahrzehnten kann man zwar einen (erwartungsgemäßen) konstanten Anstieg der Inzucht in Österreichs Rinderpopulationen wahrnehmen, die Höhe der Inzucht ist aber derzeit nicht bedenklich. Wenn auch ein großer Anteil der Tiere ingezüchtet ist, so ist ihr durchschnittlicher Inzuchtkoeffizient doch verhältnismäßig niedrig. Dennoch sollte aber die Inzuchtsituation in Österreichs Rinderrassen genau im Auge behalten werden, besonders im Hinblick darauf, daß durch künstliche Besamung die Anzahl der eingesetzten Vererber drastisch reduziert wurde.

Einzelne Tiere mit sehr hohen Inzuchtkoeffizienten, die vielleicht bewußt oder aber aufgrund von züchterischen Fehlentscheidungen auftreten, haben zwar nur eine geringe Auswirkung auf eine größere Rinderpopulation, für den Einzelbetrieb können sie aber sehr wohl problematisch werden. Zwar ist die Inzuchtdepression bezüglich der Milchleistung im Vergleich zum Zuchtfortschritt vernachlässigbar, aber die Auswirkungen der Inzucht auf Fitness-relevante Merkmale bzw. die erhöhte Wahrscheinlichkeit von Erbfehlern ist nicht zu unterschätzen und kann auch zu entsprechenden wirtschaftlichen Verlusten führen. Auch hinsichtlich der Verminderung der effektiven Populationsgrößen, die in Österreich (und weltweit) nicht allzugroß sind, sollte darauf geachtet werden, einzelne Stierväter nicht zu stark einzusetzen. In jedem Fall sollten enge Verwandtenpaarungen durch gezielte Anpaarungen auch weiterhin unbedingt vermieden werden.

## Literatur

- Casanova, L., Hagger, C., Kuenzi, N. und Schneeberger, M., 1992.* Inbreeding in Swiss Braunvieh and its influence on breeding values predicted from a repeatability animal model. *J Dairy Sci.* 75, 1119-1126.
- Falconer, D.S., 1984.* Einführung in die quantitative Genetik. Ulmer Verlag, Stuttgart.
- Fürst, C., 1994.* Schätzung und züchterische Bedeutung nicht-additiv genetischer Varianzkomponenten in der Rinderzucht. Dissertation, Universität für Bodenkultur, Wien.
- Fürst, C., 1998.* Das Tiermodell – gefährdet ein Zuchtwertschätzverfahren die genetische Vielfalt? In: Intensivierung und Internationalisierung der Rinderzucht: Auswirkungen auf die genetische Vielfalt. Seminarunterlagen des genetischen Ausschusses der ZAR, Wien.
- Kräußlich, H. (Hrsg.), 1994.* Tierzüchtungslehre, Ulmer Verlag, Stuttgart.
- Krogmeier, D., Aumann, J. und Averdunk, G., 1997.* Untersuchungen zur Inzucht in der Gelbvieh- und Braunviehpopulation in Süddeutschland. *Züchtungskunde* 69, 233-244.
- Lidauer, M., 1992.* Schätzung der Letalgenfrequenzen für spinale Muskelatrophie, Spinnengliedrigkeit und Weaver-Syndrom beim österreichischen Braunvieh und mögliche Maßnahmen. Diplomarbeit, Universität für Bodenkultur, Wien.
- MacNeil, M.D., Dearborn, D.D., Cundiff, L.V., Dinkel, C.A. und Gregory, K.E., 1989.* Effects of inbreeding and heterosis in Hereford females on fertility, calf survival and preweaning growth. *J. Anim. Sci.* 67, 895-901.
- Miglior, F., Burnside, E.B. und Dekkers, J.C.M., 1995.* Nonadditive genetic effects and inbreeding depression for somatic cell counts of Holstein cattle. *J. Dairy Sci.* 78, 1168-1173.
- Nicholas, F.W., 1987.* Veterinary Genetics, Clarendon Press, Oxford.
- Sölkner, J., 1998.* Schätzung der genetischen Vielfalt mittels Stammbaumanalyse: Ergebnisse für die österreichischen Rinderrassen. In: Intensivierung und Internationalisierung der Rinderzucht: Auswirkungen auf die genetische Vielfalt. Seminarunterlagen des genetischen Ausschusses der ZAR, Wien.
- Wiggans G.R., VanRaden, P.M. und Zuurbier, J., 1995.* Calculation and Use of Inbreeding Coefficients for Genetic Evaluation of United States Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 78, 1584-1590.

# Das Tiermodell - gefährdet ein Zuchtwertschätzverfahren die genetische Vielfalt?

Christian Fürst

## Einleitung

Die BLUP-Zuchtwertschätzung auf der Basis eines sogenannten Tiermodells, Ende der 80-er Jahre aus den USA kommend und in der Folge weltweit weiterentwickelt, wurde in Österreich erstmals 1992 bei den Milchleistungsmerkmalen eingesetzt. Zur Zeit wird dieses Verfahren bei allen Merkmalen, für die Zuchtwerte geschätzt werden, angewandt. Nach einigen grundlegenden Erläuterungen zum Verständnis eines Tiermodells soll darauf aufbauend auf Probleme bezüglich der Reduzierung der genetischen Variation und die Steigerung der Inzucht eingegangen werden.

## Grundlagen zum Tiermodell

Zu Beginn der allgemeinen Erläuterungen soll eine allgemeine Definition zum Begriff *"züchten"* stehen (Eßl, 1996):

*"Unter züchten versteht man die gezielte Auswahl solcher Elterntiere aus einer bestimmten Population, von deren Nachkommen man erwarten kann, daß sie in ihren Leistungen dem gesteckten Zuchtziel im Durchschnitt näher stehen als die Elterngeneration."*

Aus dieser Definition lassen sich mehrere unbedingt notwendige, aufeinander abgestimmte Schritte im Zuchtgeschehen ablesen:

Zuchtziel $\Leftrightarrow$ Leistungsprüfung $\Leftrightarrow$ Zuchtwertschätzung $\Leftrightarrow$ Selektion $\Leftrightarrow$ Zuchtfortschritt
--

Das **Zuchtziel** in der österreichischen Rinderzucht wurde mit der Einführung des ökonomischen Gesamtzuchtwertes im Februar dieses Jahres neu definiert. Dabei werden Milch-, Fleisch- und Fitnessmerkmale entsprechend ihrer wirtschaftlichen Gewichte optimal gewichtet (Miesenberger, 1997).

Der zu erwartende **Zuchtfortschritt** pro Jahr entspricht nach der Theorie der Populationsgenetik (ohne Berücksichtigung einer eventuellen Inzuchtdepression) folgender Beziehung:

$\text{Zuchtfortschritt pro Jahr} = s_A \cdot i \cdot r_{A\hat{A}} / T$	(1)
---	-----

- $s_A$  = additiv genetische Standardabweichung des Merkmals,
- $i$  = Selektionsintensität,
- $r_{A\hat{A}}$  = Korrelation zwischen wahren und geschätztem Zuchtwert,
- $T$  = Generationsintervall (Jahre).

Aus der angegebenen Formel läßt sich erkennen, daß die Zuverlässigkeit der Zuchtwertschätzung ( $r_{A\hat{A}}$ ) eines der wesentlichen Kriterien für den Zuchtfortschritt ist. Die Verwendung des

Tiermodells zielt genau auf diesen Bereich ab, indem eine optimale Gewichtung aller verfügbaren Leistungsinformationen möglich ist.

Unter **Zuchtwert** versteht man jenen relativen Funktionswert eines Tieres, den dieses aufgrund seiner Erbanlagen im Rahmen eines bestimmten Zuchtprogrammes einnimmt. Das bedeutet, daß der Zuchtwert eines Tieres im Gegensatz zu seinen Erbanlagen eine veränderliche Größe ist. Er hängt neben den Erbanlagen von der genetischen Struktur der Population und dem jeweiligen Zuchtziel ab, mit dem ein entsprechendes Tier in Beziehung gebracht wird. Mit dem Zuchtwert eines Tieres soll nicht die eigene Leistung beurteilt werden, sondern die bei durchschnittlicher Umwelt im Mittel zu erwartende Leistung seiner Nachkommen, wenn es an eine Zufallsstichprobe der Population angepaart wird. Das heißt, mit dem Zuchtwert sollen die **im Durchschnitt bei den Nachkommen wirksamen Erbanlagen** eines Tieres beurteilt werden. Der **wahre** Zuchtwert eines Tieres ist nur ein hypothetischer, grundsätzlich unbekannter Wert, weil die für seine Erfassung notwendigen Bedingungen in der Praxis nie zur Gänze erfüllbar sind. Der **geschätzte** Zuchtwert stellt ein Hilfsmerkmal dar, dessen Qualität von den zur Verfügung stehenden Daten, der Heritabilität des Merkmals und dem verwendeten Zuchtwertschätzverfahren abhängt.

Die **Zuchtwertschätzung** gilt heute weitgehend unbestritten als eines der wichtigsten Instrumentarien in der Nutztierzucht. Ziel jeder Zuchtwertschätzung ist die Erstellung einer Rangierung der Tiere einer Population gemäß ihres züchterischen Wertes.

Dem **Prinzip der Zuchtwertschätzung** liegen 3 Tatsachen zugrunde:

- Die Leistung eines Tieres wird von seiner genetischen Veranlagung und von der Umwelt, in der es die Leistung erbringen muß, beeinflusst. Mit der Zuchtwertschätzung sollen die Effekte von Genetik und Umwelt möglichst gut getrennt werden.
- Tiere, die unter gleichen Umweltbedingungen gehalten werden, zeigen ähnlichere Leistungen. Die Zuchtwertschätzung berücksichtigt systematisch wirkende Umwelteinflüsse auf Leistungen, wenn die dazu notwendigen Dateninformationen vorliegen.
- Über die genetische Veranlagung eines Tieres sagt nicht nur seine eigene Leistung etwas aus, sondern auch die Leistungen verwandter Tiere, weil verwandte Tiere einen bestimmten Anteil von Genen gemeinsam haben. Die Zuchtwertschätzung nimmt eine optimale Gewichtung dieser Leistungsinformationen vor.

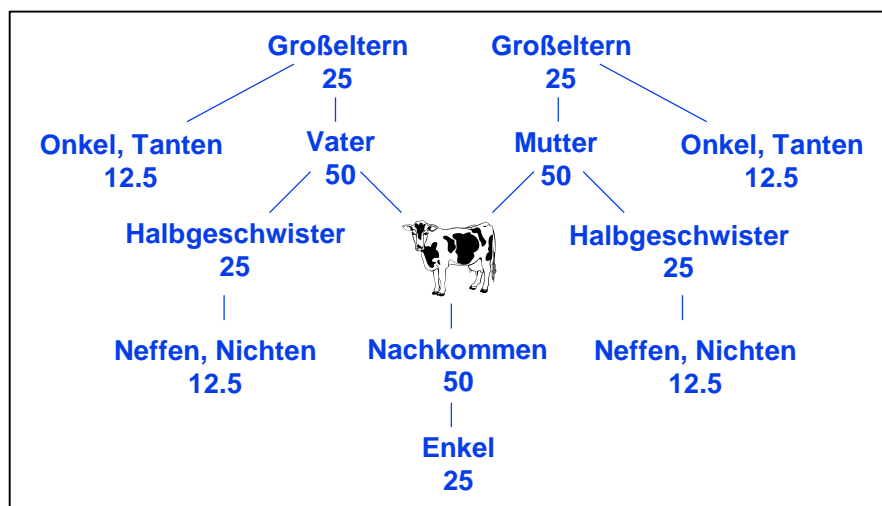
Ein Maß für die Qualität des geschätzten Zuchtwertes ist seine **Sicherheit**. Diese Sicherheit (oder Genauigkeit) von geschätzten Zuchtwerten wird in Österreich als Bestimmtheitsmaß ( $r^2_{\hat{A}}$ ) in Prozent angegeben, wobei Werte nahe 100% auf eine sehr zuverlässige Zuchtwertschätzung hindeuten.

Bei der Methode des **BLUP-Tiermodells** (BLUP steht für **B**est **L**inear **U**nbiased **P**rediction und beschreibt statistische Eigenschaften) werden die Zuchtwerte aller Tiere (Stiere, Kühe, theoretisch auch Jungtiere ohne Töchterleistungen oder Kalbinnen ohne Leistungen) gleichzeitig unter Einbeziehung aller Verwandtschaftsinformationen geschätzt. Das heißt, daß für den Zuchtwert eines Stieres nicht mehr allein die Leistung seiner Töchter ausschlaggebend ist, sondern z.B. auch die Leistung seiner Mutter, oder die Leistungen der Töchter seines Vaters, seines Muttersvaters, seiner Enkelinnen, usw.. Analoges gilt auch für die Zuchtwerte von Kühen, die nicht nur durch ihre eigene Leistung, sondern auch durch die Leistungen ihrer Mutter, von väterlichen Halbgeschwistern, usw. bestimmt werden. Bei Kühen ist der zusätzliche Informationsgewinn



durch die Einbeziehung von Verwandtenleistungen im Vergleich zu Stieren besonders deutlich, da Stiere allein aufgrund ihrer Töchterleistungen oft schon recht genau geschätzt sind. Dieser Genauigkeitsgewinn durch die Berücksichtigung von Verwandtenleistungen und damit die Grundidee des Tiermodells soll im folgenden auf den Vererbungsregeln aufbauend erläutert werden.

**Abbildung 1: Durchschnittlicher prozentueller Anteil an gemeinsamen Genen**



In Abbildung 1 sind die durchschnittlichen Anteile an gemeinsamen Genen bezogen auf die Kuh angegeben. Diese Anteile ergeben sich aus den allgemeinen Vererbungsregeln (Mendel), wonach jedes Tier jeweils eine Hälfte der Erbanlagen von seinen Eltern erhält. Aufgrund der gemeinsamen Erbanlagen von verwandten Tieren können mit Hilfe der Leistungen dieser Tiere auch Rückschlüsse auf die Erbanlagen der Kuh gezogen werden. Diese Informationen werden in der Tiermodell-Zuchtwertschätzung korrekt gewichtet. Die Eltern und Nachkommen eines Tieres haben jeweils die Hälfte der gleichen Gene wie das Tier selbst. Da die Anzahl der Eltern naturgemäß limitiert ist, kommt vor allem der Anzahl der Nachkommen eine besondere Bedeutung zu. Dies ist auch die Erklärung für die Entwicklung neuer Reproduktionstechniken (z.B. MOET=Multiple Ovulation und Embryotransfer), um die Anzahl der Nachkommen auch auf der weiblichen Seite zu erhöhen.

Aus Abbildung 1 geht deutlich hervor, daß die Berücksichtigung von Verwandtenleistungen in der Zuchtwertschätzung notwendig ist; wie wichtig diese Informationen sind, soll aufgrund von einigen Beispielen diskutiert werden. Die Beispiele in Tabelle 1 beziehen sich auf eine Kuh mit unterschiedlichen Leistungs- und Verwandtschaftsinformationen bei Merkmalen mit verschiedenen Heritabilitäten. Daraus läßt sich klar erkennen, daß sich in Praxissituationen je nach Heritabilität des Merkmals die Sicherheit der Zuchtwertschätzung durch Einbeziehung der vorhandenen Verwandtschaftsinformation bei einer Kuh mehr als verdoppeln läßt. Bei niedriger Heritabilität (z.B. Kalbeverlauf, Totgeburtenrate) steigt die Sicherheit bei Verwendung von Verwandteninformationen stärker an als im Falle der Milchleistung (Heritabilität=30%). Dies erklärt sich daraus, daß bei einer niedrigen Heritabilität der Umwelteinfluß auf die gezeigte

Leistung bei weitem überwiegt und dadurch die Eigenleistung weniger wert ist. In solchen Fällen kommen die Vorteile des Tiermodells besonders zur Geltung.

Mit dieser höheren Sicherheit der geschätzten Zuchtwerte steigt auch die Treffsicherheit bei der Auswahl der geeigneten Zuchttiere und damit auch der Zuchtfortschritt (siehe Formel (1)). Bei einer Eigenleistung von 3 Laktationen, Mutterleistung, 5 mütterlichen und 100 väterlichen Halbgeschwistern und 5 Töchtern liegt die Sicherheit bei der Milchleistung bei ca. 60%. Bei zusätzlichen Verwandteninformationen auf Mutter- und Vaterseite kann die Sicherheit bei Kühen auf bis zu etwa 70% ansteigen. Bei einem Stier jedoch liegen bei 100 oder mehr Nachkommen die Sicherheiten bei über 90% (Tabelle 2).

**Tabelle 1: Sicherheit der Zuchtwertschätzung ( $r^2_{\hat{A}}$ ) bei unterschiedlichen Leistungs- und Verwandtschaftsinformationen von Kühen (in %)**

Vorhandene Informationen	30% Heritabilität	5% Heritabilität
<b>1 Eigenleistung</b>	30	5
<b>3 Eigenleistungen</b>	41	12
- " - + <b>Mutter mit 3 Eigenleistungen</b>	45	14
- " - + <b>5 mütterliche Halbgeschwister</b>	46	15
- " - + <b>100 väterliche Halbgeschwister</b>	55	24
- " - + <b>5 Töchter</b>	60	27

**Tabelle 2: Sicherheit der Zuchtwertschätzung ( $r^2_{\hat{A}}$ ) bei unterschiedlichen Leistungs- und Verwandtschaftsinformationen von Stieren (in %)**

Vorhandene Informationen	30% Heritabilität	5% Heritabilität
<b>Mutter mit 3 Eigenleistungen</b>	8	3
- " - + <b>5 mütterliche Halbgeschwister</b>	12	4
- " - + <b>100 väterliche Halbgeschwister</b>	34	16
- " - + <b>5 Töchter</b>	45	20
- " - + <b>100 Töchter</b>	90	59
- " - + <b>1000 Töchter</b>	99	93

Aus Tabelle 3 kann man ablesen, daß (ohne sonstige Informationen) 1 Eigenleistung bzw. 5 Nachkommen ungefähr gleich viel wert sind. Außerdem ist ersichtlich, daß mit der Eigenleistung allein auch bei theoretisch unendlich vielen Wiederholungen (Laktationen, 30% Heritabilität) die Sicherheit nicht über 50% ansteigt. Definitionsgemäß ist die Anzahl der Nachkommen wesentlich für die Sicherheit der Zuchtwertschätzung, da der Zuchtwert auf die zu erwartende durchschnittliche Leistung der Nachkommen ausgerichtet ist. Aus diesem Grund kann bei Stieren die Sicherheit in der Regel wesentlich höher ansteigen als bei Kühen. Allerdings ermöglichen neue Reproduktionstechniken auch bei Kühen mehr Nachkommen, sodaß z.B. bei den deutschen Holstein Friesian eine Kuh bereits 90 Nachkommen aufweist.

**Tabelle 3: Sicherheit der Zuchtwertschätzung ( $r^2_{\hat{A}}$ ) bei unterschiedlichen Leistungs- und Verwandtschaftsinformationen (in %)**

Vorhandene Informationen	30% Heritabilität	5% Heritabilität
1 Eigenleistung	30	5
5 Nachkommen	29	6
10 Eigenleistungen	47	21
10 Nachkommen	45	11
100 Eigenleistungen (hypothetisch)	50	32
100 Nachkommen	89	56
1000 Nachkommen	99	93

Mit der Berücksichtigung von Verwandtschaftsinformationen findet im Tiermodell gleichzeitig eine bestmögliche Berücksichtigung des Anpaarungsniveaus statt. Bei der Heranziehung der Nachkommenleistung für die Zuchtwertschätzung spielt die genetische Veranlagung der Paarungspartner eine wichtige Rolle, welche durch Vorselektion oder Zufall beträchtlich vom Populationsmittel abweichen kann. Es wird versucht, diese verzerrenden Effekte rechnerisch entsprechend zu berücksichtigen.

Allerdings ist auch die Anwendung des BLUP-Tiermodells nicht völlig ohne *Probleme*.

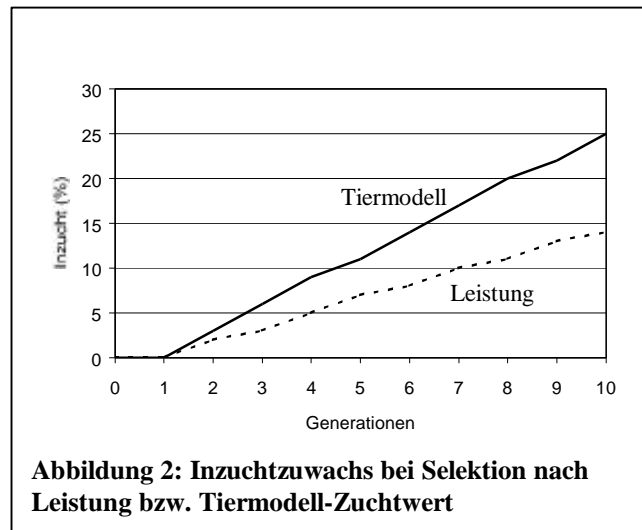
- Die Qualität der Abstammungsdaten ist enorm wichtig, da falsche Abstammungen verfälschte Zuchtwerte liefern können.
- Die Tatsache, daß für alle Tiere simultan ein Zuchtwert geschätzt wird, bedeutet einen enormen Rechenaufwand, der allerdings durch die rasanten Entwicklungen auf dem Computersektor immer mehr an Bedeutung verliert.
- Die Inzuchtgefahr bei kleinen Populationen steigt, da verwandte Tiere ähnlichere Zuchtwerte haben und daher auch enger verwandte Tiere vermehrt selektiert werden. Dieser Punkt soll in der Folge näher beleuchtet werden.

## Auswirkungen auf die genetische Vielfalt

Im vorigen Abschnitt wurde ausführlich erläutert, daß bzw. warum bei der Zuchtwertschätzung mit dem Tiermodell die Leistungen von verwandten Tieren berücksichtigt werden. Das bedeutet allerdings automatisch auch, daß die Zuchtwerte von verwandten Tieren ähnlicher sind und daher auch Mitglieder einer Familie gehäuft an der Spitze liegen. Folglich ist bei alleiniger Selektion nach dem Tiermodell-Zuchtwert mit einer Verringerung der genetischen Varianz und einer Zunahme der Inzucht zu rechnen. Diese Tatsache wurde in der Literatur des öfteren untersucht und bestätigt.

In einer kanadischen Arbeit (Quinton et al., 1992) wurden die Auswirkungen der Selektion nach dem Tiermodell-Zuchtwert auf die Inzuchtentwicklung untersucht. Dabei wurde mittels Computersimulation eine Population generiert bei der aus 100 männlichen und 100 weiblichen Tieren die 10 besten männlichen und 50 besten weiblichen Tiere aufgrund ihrer phänotypischen Leistung bzw. aufgrund ihres Tiermodellzuchtwertes selektiert wurden. Es wurde ein Merkmal mit 25% Heritabilität unterstellt. Dabei war das Tiermodell bezüglich des Selektionserfolges erwartungsgemäß deutlich überlegen (ca. 15% mehr Zuchtfortschritt). Damit einher ging

allerdings auch ein deutlich stärkerer Inzuchtzuwachs (Abbildung 2). Bei zusätzlicher Verwendung neuer Reproduktionstechniken (MOET, u.a.) erhöht sich die Gefahr der Inzucht noch um ein Vielfaches (z.B. Villanueva et al., 1995). In Simulationsstudien mit MOET-Zuchtsystemen zeigte sich, daß durch die Verwendung einer zu hohen Heritabilität in der BLUP-Zuchtwertschätzung bei fast gleich bleibendem Selektionserfolg die Inzuchtsteigerung stark reduziert werden konnte (Villanueva et al., 1995).



In einer Untersuchung an einer simulierten Schweinepopulation wurde bestätigt, daß bei niedrigeren Heritabilitäten die Überlegenheit des Tiermodells noch stärker ausgeprägt ist. Allerdings war in diesem Fall auch die Steigerung des Inzuchtkoeffizienten noch stärker (Belonsky und Kennedy, 1988). In Tabelle 4 sind die wichtigsten Ergebnisse aus dieser Untersuchung angegeben, deren genannte Grundaussagen auch auf Rinderpopulationen übertragen werden können. Die Selektion nach BLUP-Tiermodellzuchtwerten war besonders bei niedriger Heritabilität bei weitem überlegen (+81 % Selektionserfolg), allerdings war hier auch der Inzuchtzuwachs mehr als verdoppelt. Die Unterschiede zwischen Selektion auf Basis von BLUP-Zuchtwerten und einer Selektion auf der Basis der Phänotypen verringern sich bei höheren Heritabilitäten.

**Tabelle 4: Unterschiede der Selektion nach BLUP-Zuchtwert gegenüber Selektion nach Phänotyp im Selektionserfolg (in %) und Inzucht (in %) nach 10 Jahren bei unterschiedlichen Heritabilitäten (Belonsky und Kennedy, 1988).**

Heritabilität (%)	Selektionserfolg	Inzucht
10	+81	+120
30	+31	+72
60	+3	+43

In den angeführten und anderen Literaturarbeiten bezüglich der Auswirkungen des Tiermodells auf die Inzuchtentwicklung wurde allerdings in der Regel davon ausgegangen, daß die Tiere ausschließlich nach dem Tiermodell-Zuchtwert ausgewählt werden und dann zufällig

untereinander gepaart werden. In der praktischen Rinderzucht sieht es allerdings aus mehreren Gründen anders aus:

- Es wird üblicherweise nicht ausschließlich nach Tiermodell-Zuchtwerten für ein Merkmal selektiert, da es einerseits Zuchtwerte für viele verschiedene (zum Teil negativ korrelierte) Merkmale gibt, andererseits werden auch andere Selektionskriterien herangezogen (Exterieur, u.a.).
- Solange noch eine ausreichende Auswahl an verschiedenen Stierlinien vorhanden ist, versuchen die Züchter fast durchwegs enge Inzuchtpaarungen zu vermeiden. Erst wenn die Anzahl der Linien so klein wird, daß sich Inzucht nicht mehr vermeiden läßt, kommt es tatsächlich zu einem Inzuchtanstieg. Hier sind auch die Zuchtorganisationen durch eine effiziente Zuchtplanung gefordert, eine optimale Kombination aus Zuchtfortschritt und Inzuchtsteigerung anzustreben.
- In den Literaturarbeiten wurden Computersimulationen anhand von geschlossenen Populationen durchgeführt. In der Praxis ist jedoch der Import von Tieren aus anderen Zuchtpopulationen weit verbreitet und gewährleistet damit die Zahl der Linien zu erhalten bzw. zu vergrößern. Dabei ist es von Vorteil, wenn die Importpopulation genetisch so unabhängig wie möglich von der eigenen Population ist. Je weniger verwandt die fremde Population mit der eigenen ist, desto stärker reduziert sich die Inzuchtrate.

Ein weiterer Aspekt, der die genetische Variation in den Rinderpopulationen weltweit einschränken könnte, ist die Einführung der Interbull-Zuchtwertschätzung (Potucek, 1998), die im wesentlichen auch auf dem Tiermodell beruht. Durch die weltweite Erstellung von Toplisten aufgrund eines Merkmals (Milch), versuchen selbstverständlich die Züchter auf aller Welt mit den besten Stieren weiterzuzüchten, um international bestehen zu können. Diese Entwicklung könnte die weltweite Linienverengung besonders bei den Holstein Friesian beschleunigen. Ein alarmierendes Zeichen stellt z.B. das Ergebnis aus der Interbull-Zuchtwertschätzung vom August 1997 dar, wo 35 (!) Söhne des Topvererbers MASCOT und MASCOT selbst in den Top 100 der Holstein-Liste vertreten waren. In der aktuellen Interbull-Zuchtwertschätzung (Februar 1998) stellen 3 Väter (MASCOT, AEROSTAR und CLEITUS) fast die Hälfte aller Top 100-Stiere bei den Holstein Friesian.

## Schlußfolgerungen

Eine BLUP-Zuchtwertschätzung auf der Basis eines Tiermodells ist gekennzeichnet durch eine theoretisch optimale Gewichtung aller zur Verfügung stehenden Verwandteninformationen und führt damit zum optimalen Selektionserfolg. Die Selektion nach Tiermodell-Zuchtwerten ist im Zuchtfortschritt generell einer Selektion nach phänotypischen Leistungen klar überlegen, wobei diese Überlegenheit vor allem bei Merkmalen mit niedriger Heritabilität (z.B. Fitness) besonders ausgeprägt ist. Allerdings ist mit dem höheren Selektionserfolg auch ein höherer Inzuchtwachstum verbunden. Daher kann man, um auf die Frage dieses Beitrages zurückzukommen, ob das Tiermodell die genetische Vielfalt gefährdet, folgendes antworten: Grundsätzlich wird durch jede Selektion die genetische Variation eingeschränkt, damit kann auch die alleinige Selektion nach Tiermodell-Zuchtwerten die genetische Vielfalt theoretisch gefährden. Allerdings besteht in Österreich diesbezüglich zur Zeit keinerlei Grund zur Besorgnis, da in der österreichischen Rinderzucht die Inzucht kein Problem darstellt (Fürst-Waltl, 1998). Aus diesem Grund ist die

Verwendung von Tiermodell-Zuchtwerten als primäres Selektionskriterium nicht nur absolut unbedenklich, sondern in Anbetracht des bisher ohnehin niedrigen Zuchtfortschritts sogar dringend anzuraten!

## 5. Literatur

- Belonsky, G.M, und B.W. Kennedy, 1988. Selection on individual phenotype and best linear unbiased predictor of breeding value in a closed swine herd. *J. Anim. Sci.* 66: 1124-1131.
- Eßl, A., 1996. Grundlagen der Zuchtwertschätzung. In: Zuchtwertschätzung beim Rind: Grundlagen und aktuelle Entwicklungen. Seminar des genetischen Ausschusses der ZAR, Salzburg.
- Fürst-Waltl, B., 1998. Inzucht - ein Problem in der Rinderzucht? In: Intensivierung und Internationalisierung der Rinderzucht: Auswirkungen auf die genetische Vielfalt. Seminar des genetischen Ausschusses der ZAR, Salzburg.
- Götz, K.-U., 1997. BLUP-Tiermodell-Zuchtwertschätzung beim Schwein in Bayern. <http://www.stmelf.bayern.de/blt/blup/>
- Miesenberger, J., 1997. Zuchtzieldefinition und Indexselektion für die österreichische Rinderzucht. Dissertation, Universität für Bodenkultur Wien.
- Potucek, E., 1998. Interbull-Zuchtwertschätzung: Zuchtwerte werden weltweit vergleichbar. In: Intensivierung und Internationalisierung der Rinderzucht: Auswirkungen auf die genetische Vielfalt. Seminar des genetischen Ausschusses der ZAR, Salzburg.
- Quinton, M., C. Smith und M.E. Goddard, 1992. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. *J. Anim. Sci.* 70: 1060-1067.
- Villanueva, B., G. Simm und J.A. Woolliams, 1995. Genetic progress and inbreeding for alternative nucleus breeding schemes of beef cattle. *Anim. Sci.* 61: 231-239.

# Molekulare Marker - ein wesentlicher Beitrag zum Verständnis der Geschichte des Rinds und der Erhaltung seiner genetischen Vielfalt

Christian Schlötterer

Molekulare Marker detektieren Unterschiede im Erbmateriale und können zur Aufklärung der Stammesgeschichte des Rindes verwendet werden. Ebenso kann die genetische Vielfalt verschiedener Populationen und Rassen bestimmt werden. Diese Daten bilden die Grundlage für Strategien zur Erhaltung der genetischen Vielfalt.

## Was kann mit Markern gemessen werden?

Marker zeichnen sich dadurch aus, daß sie in mehreren Merkmalsausprägungen vorkommen. Ein klassisches phänotypisches Merkmal (Marker) ist die Pigmentfarbe des Fells. Diese kann die Merkmalsausprägungen rot und schwarz haben. Da es sowohl rote, als auch schwarze Rinder gibt, bezeichnet man diesen Marker als polymorph (variabel). Auf molekularer Ebene kann der Unterschied zwischen zwei Merkmalsausprägungen im Extremfall nur eine einzige Base betragen.

Zur Ermittlung der Unterschiede zwischen zwei Tieren oder Rassen werden mehrere polymorphe Marker untersucht. Man zählt die Marker die sich zwischen zwei Tieren unterscheiden und erhält so ein Maß für die Verschiedenartigkeit/Einzigartigkeit der Tiere. Um diesen Wert in ein universelles Distanzmaß umzuwandeln, werden die beobachteten Unterschiede für die Anzahl der untersuchten Marker normiert. Wenn es sich um genetische Marker handelt, dann bezeichnet man diese Distanz als *genetische* Distanz. In der Literatur werden viele verschiedene Maße der genetischen Distanz angeführt, die sich in Feinheiten unterscheiden, auf deren Details hier aber nicht eingegangen werden kann.

Zur Beschreibung der Biodiversität innerhalb einer Rasse wird der Polymorphismus in dieser Rasse quantifiziert. Die genetische Distanz hingegen kann Aufschluß darüber geben, wie verschieden zwei Rassen sind. Im Prinzip werden mit der genetischen Distanz die Unterschiede gemessen, die sich entwickelt haben seitdem zwei Rassen eine getrennte Stammesgeschichte haben. Somit bedeutet eine große genetische Distanz, daß zwei Rassen sich schon lange voneinander getrennt entwickelt haben. Das sehr verbreitete Konzept der "molekularen Uhr" nimmt an, daß sich die Anzahl der beobachteten Unterschiede ungefähr proportional zur Zeit verhält. Kennt man die Rate, mit der Unterschiede z.B. durch Mutationen entstehen, dann kann die genetische Distanz in Jahre umgerechnet werden. Experimentell wird also die Anzahl der Veränderungen gemessen, und aus einer bekannten oder geschätzten Mutationsrate die Zeit abgeleitet.

## Molekulare Marker in der Biodiversitätsforschung

Isoenzyme waren die ersten molekularen Marker, die einen gewissen Grad an Polymorphismus aufwiesen. Allerdings haben Isoenzyme den Nachteil, daß es nur eine beschränkte Anzahl gibt, diese nicht stark polymorph sind und außerdem einem Selektionsdruck unterliegen können. Sie stellen daher keine neutralen Marker dar. Um diese Nachteile zu umgehen, wurden für eine kurze Übergangsperiode "Multi Locus Fingerprints" verwendet, eine Technik, die es gestattet einen molekularen Fingerabdruck von jedem untersuchten Tier anzufertigen. Die "Fingerprinting"-Technik hatte den Nachteil technisch anspruchsvoll zu sein. Weiterhin konnten genetische Distanzen nur unter vielen Annahmen berechnet werden. In jüngster Zeit haben sich zwei Techniken als besonders vielversprechend herausgestellt, die im folgenden ausführlicher dargestellt werden - mtDNA Sequenzierung und Mikrosatelliten Analyse.

### mtDNA Sequenzierung

Mitochondrien sind zytoplasmatische Organellen und haben ihr eigenes, zirkuläres Erbmateriale (DNA) mit einer Größe von etwa 16500 Basenpaaren. Zwei Abschnitte des mitochondrialen Genoms haben in der Biodiversitätsforschung eine zentrale Bedeutung erlangt, das Cytochrom b Gen und die Kontrollregion. Für Analysen auf dem Populations-/Rasseniveau ist die mitochondrielle Kontrollregion besser geeignet, da sie im Vergleich zum Cytochrom b Gen schneller Mutationen ansammelt und somit mehr Polymorphismen hat. Die Analyse der Kontrollregion erfolgt über eine Polymerase Ketten Reaktion (PCR), bei der ein Teil der Kontrollregion vervielfältigt (amplifiziert) wird. Anschließend wird die Basenabfolge des PCR Produkts durch DNA Sequenzierung ermittelt. Ein Sequenzvergleich verschiedener Individuen ergibt die Anzahl der polymorphen Basen, woraus die genetische Divergenz berechnet werden kann. Ein besonderer Vorteil der mitochondrialen DNA (mtDNA) ist ihre strikt maternale Vererbung. Somit erlaubt die Analyse von mtDNA die Rassen- und Stammesgeschichte mit einem mütterlichen Marker zu studieren (Avise, 1979). Weiterhin findet keine Rekombination zwischen verschiedenen mitochondrialen Sequenzen statt, was die Analyse deutlich erleichtert.

### Mikrosatelliten

Innerhalb von kürzester Zeit haben sich Mikrosatelliten zu einem der populärsten Marker in der Biodiversitätsforschung entwickelt (Schlötterer & Pemberton, 1994). Mikrosatelliten sind tandemartige Wiederholungen eines Sequenzmotivs, das aus 1-6 Basen besteht. Anders als im Falle der Kontrollregion verändert sich nicht eine einzelne Base, sondern die Anzahl der Wiederholungen des Sequenzmotivs. Neben einem höheren Polymorphismus besteht der Vorteil gegenüber der DNA Sequenzierung darin, daß die Mikrosatellitenanalyse nur aus einer PCR Amplifikation besteht. Der teure Schritt der DNA Sequenzierung entfällt. Die Größe der PCR Produkte und damit die Anzahl der Wiederholungseinheiten kann auf einem Polyacrylamid Gel bestimmt und automatisch ausgewertet werden (Schlötterer, 1998). Da die Analyse so einfach ist, können mit geringem Aufwand sehr leicht viele Loci analysiert werden. Besonders durch eine multiplex Reaktion in der mehrere Loci zusammen amplifiziert analysiert werden, können viele Individuen typisiert werden (Abb. 1). In der Rinderzucht wurden Mikrosatelliten bisher überwiegend für die Erstellung genetischer Karten verwendet.



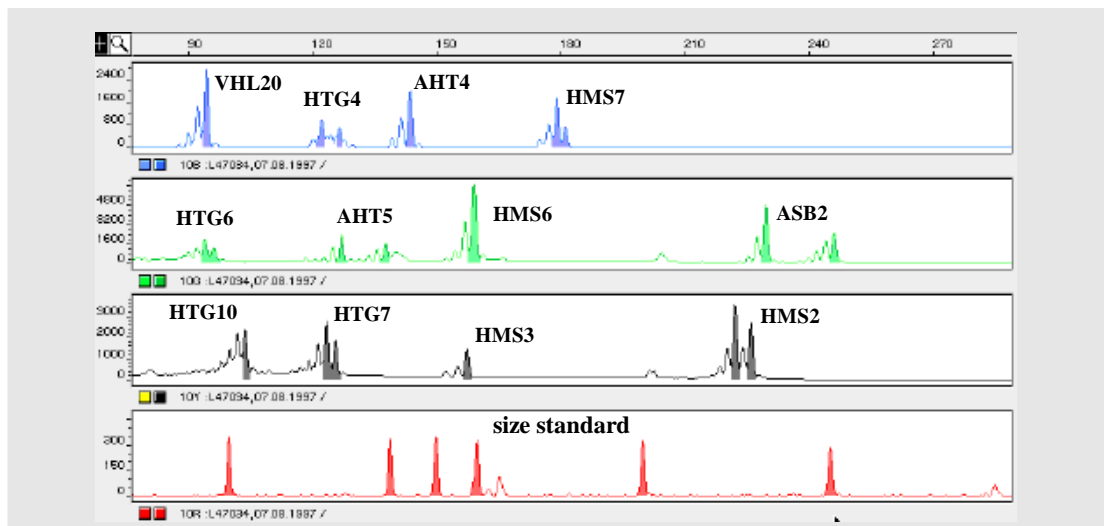


Abb 1. Analyse von 12 Mikrosatelliten Loci auf einem automatischen Fragmentanalysegerät (ABI); Quelle: Dr. R. Achmann

## Was sagen uns molekulare Marker über die Herkunft des Rindes?

Seit langem ist über die Stammesgeschichte unseres Rindes spekuliert worden. Es ist zwar allgemein bekannt, daß das mittlerweile ausgestorbene Ur oder Aurochs die Vorfahren waren, doch wo und wann sich die heutige Form des Rindes entwickelt hat war bis zum Einsatz von molekularen Markern weitgehend unklar. Es werden zwei Rinderarten unterschieden, *Bos taurus* und *Bos indicus*, die sich durch charakteristische Merkmale, wie beispielsweise den besonders ausgeprägten Buckel, voneinander unterscheiden. In unseren Breitengraden haben Rinder vornehmlich den *Bos taurus* Phänotyp, während in Indien *Bos indicus* dominiert. In Afrika, findet man beide Rinderarten. Es wird angenommen, daß *Bos taurus* den afrikanischen Kontinent zuerst besiedelte und von dem später eingeführten *Bos indicus* seither sukzessive verdrängt wird. Zwei Fragen sind in diesem Zusammenhang besonders interessant. Sind die beiden Rinderarten *Bos taurus* und *Bos indicus* aus einem Domestikationsereignis hervorgegangen? Wie nahe sind die europäischen und afrikanischen *Bos taurus* Rassen miteinander verwandt?

Ein irisches Forscherteam ist diese Fragestellungen mit Sequenzanalysen der mitochondrialen Kontrollregion angegangen. Da DNA Abschnitte annähernd mit einer molekularen Uhr vergleichbar sind, können unter der Annahme, daß die Mutationsrate bekannt ist, die genetischen Distanzen in Jahre umgerechnet werden. Auf diese Weise war es Loftus et al. (1994) möglich, den Zeitpunkt der Trennung der beiden Rinderarten auf ca. 275.000 Jahre zu datieren. Dieser Zeitraum und die damit verbundene große genetische Distanz zwischen den beiden Rinderarten war überraschend. Bradley et al. (1996) folgerten daraus, daß *Bos taurus* und *Bos indicus* durch verschiedene Domestikationsereignisse aus dem Aurochs entstanden sind. Um sicherzustellen, daß diese große Divergenz zwischen den Rinderarten nicht durch Beimischung von anderen verwandten Arten, wie dem Banteng oder Yak, entstanden ist, wurde von diesen die mitochondriale Kontrollregion analysiert. Es zeigte sich, daß alle in Frage kommenden Arten noch

weiter entfernt waren. Damit wird die Hypothese der zwei Domestikationsereignisse von *Bos indicus* und *Bos taurus* unterstützt.

Aus züchterischer Sicht sind die Unterschiede zwischen europäischen und afrikanischen *Bos taurus* Rassen besonders interessant, da sich die Rassen in einigen ökonomisch wichtigen Merkmalen, wie Hitze- und Krankheitsresistenzen, unterscheiden. Bradley et al. (1996) konnten wiederum mit einer Analyse der mitochondrialen Kontrollregion zeigen, daß die Aufspaltung in europäische und afrikanische Rinder vor 26.000 Jahren erfolgte. Dieser Wert datiert allerdings weit vor dem bisher angenommenen Domestikationsereignis. Somit ist nicht geklärt, ob afrikanische und europäische Rinder aus dem gleichen Domestikationsereignis hervorgegangen sind. Um dies zu untersuchen nahmen Bradley et al. (1996) an, daß die Domestifikation von einer Populationsexpansion begleitet war. Mit der Hilfe von mathematischen Modellen, die von Rogers et al. (1992) entwickelt wurden, konnte aus der Verteilung der paarweisen Unterschiede zwischen den mtDNA Typen der beiden Rassen der Zeitpunkt des Populationswachstums abgeschätzt werden. Interessanterweise haben die irischen Forscher den Zeitpunkt der Domestifikation afrikanischer Rinder auf 9.000 Jahre und den der europäischen Rinder auf 5.000 Jahre geschätzt, was die These der zwei getrennten Domestikationsereignisse unterstützt.

## **Molekulare Marker und die Stammesgeschichte europäischer Rinder**

Aufgrund der Verfügbarkeit hochvariabler molekularer Marker, wie Mikrosatelliten oder die mitochondriale Kontrollregion, ist es möglich geworden, sowohl den Ursprung der menschlichen Populationen in Afrika zu lokalisieren, als auch einen Zeitraum für die Besiedelung Europas abzuschätzen. Es ist somit naheliegend die gleichen Techniken auf die Frage nach der Entstehung europäischer Rinderrassen anzuwenden. Erste Studien mit mtDNA ergaben allerdings, daß die beobachteten mitochondrialen Sequenzen nicht mit der Rassezuordnung in Übereinstimmung gebracht werden konnte. Mit Mikrosatelliten besteht die Möglichkeit, diese Fragestellung mit schnell evolvierenden Markern aus dem Kerngenom zu hinterfragen. Zwei Studien, die 12 und 17 Mikrosatellitenloci zur Analyse verwendeten, fanden allerdings auch mit Mikrosatelliten fast keine Differenzierung zwischen europäischen Rinderrassen (MacHugh et al, 1994, Moazami-Goudarzi et al, 1997). Lediglich die Paare Jersey/Angus und Holstein/Maine-Anjou bildeten je eine Gruppe, die statistisch signifikant war. Dieses Ergebnis ist besonders erstaunlich, da beide Studien eine relativ kleine Anzahl an Rassen untersuchten. Die molekularen Ergebnisse stehen allerdings nicht im Widerspruch zu der Geschichte der europäischen Rassen. Erst im 19. Jahrhundert hat die eigentliche Rassebildung begonnen, und vor der Existenz richtiger Zuchtbücher erfolgte außerdem sehr viel Zuzüchtung von anderen Rassen. Es stellt sich daher die berechnete Frage, welche und wieviele molekulare Marker benötigt werden, um die Stammesgeschichte europäischer Rinder zu rekonstruieren.

## **Molekulare Marker und Biodiversität**

Spätestens seit 1981 mit der Veröffentlichung des "FAO Animal Production and Health paper 24" ist die Problematik des Verlustes der genetischer Ressourcen in Rindern ein offen diskutiertes Thema. Bei wenigen ökonomisch relevanten Rinderrassen, die in einem zunehmend international vernetzten Zuchtwesen dominieren, stellt sich die Frage wie die genetische Vielfalt in gefährdeten Rassen mit einer kleinen Populationsgröße bewahrt werden kann.

Die zentrale Rolle molekularer Marker zur Erhaltung der genetischen Ressourcen wird klar, wenn man sich die Problematik verdeutlicht. Unter dem bestehenden ökonomischen Druck wird die Haltung alter, weniger ertragsreicher Rassen immer unrentabler, und ihre Bestände schrumpfen. Mit einer kleinen Populationsgröße geht die noch bestehende genetische Variabilität innerhalb der Population verloren, weshalb zusätzlich viel leichter schädliche Mutationen fixiert werden können. Prinzipiell wäre es am effektivsten, die noch bestehenden Rassen in möglichst großen Populationen zu halten. Da dies aus ökonomischen Gründen nicht möglich ist, gilt es die zu erhaltenden Rassen besonders sorgfältig auszuwählen. Welche Auswahlkriterien sollen jedoch zur Anwendung kommen? Das Ziel ist die genetische Basis für zukünftige züchterische Aktivitäten möglichst breit zu halten, da es heute sehr schwierig ist vorherzusagen, welche Merkmale in Zukunft erforderlich sein werden. Es ist somit offensichtlich, daß ein möglichst objektives Maß für die genetische Vielfalt benötigt wird. Die große Anzahl neutraler genetischer Marker, wie die Mikrosatelliten, sind daher morphologischen Markern überlegen. Mit der Mikrosatellitenanalyse ist es nicht nur möglich das Ausmaß der genetischen Diversität innerhalb einer Rasse zu messen, sondern die Unterschiede zwischen Rassen können ebenfalls gut quantifiziert werden. Wenn ökonomische Zwänge die Konservierung sämtlicher gefährdeten Rassen erschweren, dann ist eine sorgfältige Analyse der bestehenden Rassen der erste notwendige Schritt. Basierend auf dieser Information können Entscheidungen über künftige Strategien zur Erhaltung der genetischen Ressourcen getroffen werden.

## Referenzen

- Avise, C. J., C. Giblin-Davidson, J. Laerm, J. C. Patton and R. A. Lansman. 1979. Mitochondrial DNA clones and matriarchal phylogeny within and among geographic populations of the pocket gopher, *Geomys pinetis*. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. **76**: 6694-6698.
- Bradley, D. G., D. E. MacHugh, P. Cunningham and R. T. Loftus. 1996. Mitochondrial diversity and the origins of African and European cattle. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. **93**: 5131-5135.
- Loftus, R. T., D. E. MacHugh, D. G. Bradley and P. M. Sharp. 1994. Evidence for two independent domestications of cattle. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. **91**: 2757-2761.
- MacHugh, D. E., R. T. Loftus, D. G. Bradley and e. al. 1994. Microsatellite variation within and among European cattle breeds. Proceedings of the Royal Society of London: Biological Sciences **256**: 25-31.
- Moazami-Goudarzi, K., D. Laloe, J. P. Furet and F. Grosclaude. 1997. Analysis of genetic relationships between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. Animal Genetics **28**: 338-345.
- Rogers, A. R., and H. Harpending. 1992. Populations growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences. Mol. Biol. Evol. **9**: 552-569.
- Schlötterer, C. 1998. Microsatellites. *in Press*. in R. A. Hoelzel, eds. Molecular genetic analysis of populations: a practical approach 2/e. Oxford University Press, Oxford.

Schlötterer, C., and J. Pemberton. 1994. The use of microsatellites for genetic analysis of natural populations. Pp. 203-214. in B. Schierwater, B. Streit, G. P. Wagner and R. DeSalle, eds. Molecular ecology and evolution: approaches and applications. Birkhäuser Verlag, Basel.

# Schätzung der genetischen Vielfalt mittels Stammbaumanalyse: Ergebnisse für die österreichischen Rinderrassen

Johann Sölkner

In Besamungszuchtprogrammen können die Gene einzelner Vererber rasch Verbreitung finden. Die Gene von Spitzenstieren gelangen über ihre Töchter, vor allem aber über ihre Söhne und deren Töchter in die Population. Dies führt dazu, daß selbst aus sehr vielen Tieren bestehende Populationen genetisch gesehen kleine Populationen sind. Die Stammbäume der Tiere einer Population können Auskunft über die tatsächliche genetische Vielfalt geben, die in einer Population zu finden ist.

## Stammbaumanalyse

Die Abstammung spielt seit jeher in der Rinderzucht eine wichtige Rolle. Mit der Einführung des Tiermodells in der Zuchtwertschätzung kam es zu einer systematischen Nutzung aller bekannten Verwandteninformationen. Je kompletter die verfügbare Stammbauminformation ist, umso verlässlicher sind auch die geschätzten Zuchtwerte. Deshalb wurden in den vergangenen Jahren von der ZAR bzw. von den Zuchtverbänden viele Anstrengungen unternommen, die Abstammungsdaten (häufig auch als Pedigreedaten bezeichnet) zu "bereinigen" bzw. zu vervollständigen. Die Abstammungsdaten, wie sie in die Zuchtwertschätzung eingehen, können auch verwendet werden um herauszufinden, von welchen Tieren wieviel Erbgut in den derzeit lebenden Tieren zu finden ist. Schließlich weiß man, daß jedes Tier jeweils die Hälfte seiner Gene von Vater und Mutter besitzt, durchschnittlich ein Viertel von jedem der vier Großeltern, ein Achtel von den Urgroßeltern und so fort. Mit speziellen Computerprogrammen ist es möglich, sowohl Aussagen über die genetische Vielfalt zu treffen als auch die Anteile von wichtigen Vererbern am Genbestand aller Tiere der aktuellen Population zu schätzen.

## Effektive Anzahl von Gründergenomen

Es gibt verschiedene Möglichkeiten, die genetische Vielfalt bzw. deren Einengung in einer Population aufgrund von Stammbaumdaten abzuschätzen. Die bekannteste Methode ist die Bestimmung der "effektiven Populationsgröße" über die Berechnung der Steigerung des durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten von einer Generation zur nächsten. Diese Methode ist allerdings relativ stark abhängig vom Umfang der verfügbaren Stammbauminformation ("Länge" der Pedigrees). Eine alternative Methode, welche bezüglich lückenhafter Pedigrees weniger empfindlich reagiert, ist die Berechnung der effektiven Anzahl von Gründergenomen. Dies ist die (hypothetische) Anzahl von Gründer-Tieren, welche die gleiche genetische Variabilität erzeugen, wie sie in der untersuchten Population vorliegt, unter der Annahme, daß alle Gründer-Tiere gleichen Anteil an der aktuellen Population hätten. Die Berechnung ist im Prinzip simpel, aber relativ rechenaufwendig und kann nur über Computerprogramme erfolgen. Sie basiert auf der Simulation eines einzelnen Genortes. Jedem Gründertier (d.h. Tier, dessen Vorfahren nicht bekannt sind) werden zwei "Allele" (Kopien eines Gens auf einem Genort) zugewiesen, so daß es zu Beginn der Berechnungen doppelt so viele verschiedene Allele wie Gründertiere gibt. Diese

Allele werden dann an die Nachkommen nach dem Prinzip des Zufalls "weitergegeben", d.h. so wie in der Realität erhält jedes Tier jeweils ein Allel von seinem Vater und eines von seiner Mutter. Ein Zufallszahlengenerator entscheidet, welches der beiden Allele von einem Tier auf seinen Nachkommen weitergegeben wird. Der Vorgang wird für alle Tiere im Abstammungsdatensatz durchgeführt, und am Ende werden die relativen Anteile aller Allele der Gründertiere am Genbestand der aktuellen Population ermittelt. Die Anteile der Gründertiere sind natürlich äußerst unterschiedlich. Gründertiere, welche Vorfahren von männlichen Tieren (v.a. Besamungsstieren) sind haben sehr hohe Anteile, während gleichzeitig viele Allele von Gründertieren, welche nur weibliche Nachkommen haben, gänzlich verloren gehen.

Die Anzahl effektiver Gründergenome ( $N_g$ ) berechnet sich nach Lacy (1989) wie folgt:

$$N_g = 0.5 \cdot \left(1 / \sum_{i=1}^{2f} q_i^2\right)$$

wobei  $f$  die Anzahl der Gründertiere darstellt ( $2f$  ist demnach die Anzahl der Gründerallele) und  $q_i$  der relative Anteil des Gründerallels  $i$  an der aktuellen Population ist. Wären alle Gründerallele genau gleich häufig in der aktuellen Population vertreten, so entspräche  $N_g$  genau der tatsächlichen Anzahl der Gründertiere, je ungleicher die Beiträge der einzelnen Gründertiere sind, umso kleiner ist  $N_g$  im Vergleich zur tatsächlichen Anzahl an Gründertieren.

Da es sich bei der Berechnung um eine Simulation handelt, bei der auch der Zufall eine Rolle spielt, wird der Vorgang viele Male wiederholt. Dies entspricht der Betrachtung vieler verschiedener (allerdings unabhängiger) Genorte. Die Ergebnisse der vorliegenden Untersuchung beruhen auf jeweils 500 Wiederholungen.

## Berechnung der Genanteile wichtiger Ahnen

Eine weitere Möglichkeit, Aussagen über die genetische Vielfalt zu machen, ist die Berechnung der Genanteile von besonders wichtigen Vererbern. Diese Genanteile können dann in ähnlicher Weise wie die Genanteile von Gründertieren zur Berechnung einer effektiven Anzahl von Ahnentieren verwendet werden. Es können davon aber auch Maße abgeleitet werden, die dem Praktiker verständlicher sind. Zum Beispiel kann man berechnen, von wievielen Tieren 50 % oder 80 % aller in einer Population vorkommenden Gene stammen. Darüber hinaus können Ranglisten der wichtigsten Vererber erstellt werden. Die Berechnung der Genanteile wichtiger Ahnen ist wiederum im Prinzip simpel, aber das notwendige Computerprogramm relativ kompliziert (Boichard et al. 1997). Das Programm sucht nach dem wichtigsten Vererber, danach nach dem zweitwichtigsten unter Berücksichtigung der bereits beim ersten Vererber "vergebenen" Genanteile, usw. Dadurch kommt es zu keiner Doppelberücksichtigung der Gene, welche etwa ein Sohn von seinem bereits in der Liste der wichtigen Vererber berücksichtigten Vater bekommen hat. Allerdings entsprechen andererseits die ausgewiesenen Genanteile nicht den tatsächlichen, wenn ein Vorfahre oder Nachkomme eines Tieres bereits in der Liste aufscheint.

Die Stammbaumanalyse wurde für die fünf zahlenmäßig bedeutendsten österreichischen Rinderrassen, Fleckvieh, Braunvieh, Holstein Friesian, Pinzgauer und Grauvieh durchgeführt.

## Ergebnisse

Die für die Stammbaumanalyse zur Verfügung stehenden Daten sind in Tabelle 1 zusammengefaßt. Es handelt sich um Abstammungsdateien, wie sie für die Zuchtwertschätzung für Nutzungsdauer bei der ZAR verwendet werden. Als Referenzpopulation (Population, auf die sich die Ergebnisse beziehen) wurden alle Kühe mit Geburtsjahr 1988-1993 definiert. Die Qualität der Pedigrees ist beim Grauvieh eindeutig am besten. Dies liegt wohl daran, daß es beim Grauvieh die geringsten Mitgliederfluktuationen gab und die meisten Betriebe schon sehr lange Mitglied beim Zuchtverband sind. Von einer Grauvieh-Kuh sind im Durchschnitt 362 Ahnen bekannt, es gibt sogar eine Kuh, von der 1042 Vorfahren bekannt sind.

Tabelle 1: Vorhandene Abstammungsinformationen bei österreichischen Rinderpopulationen

<b>Kriterium</b>		<b>Fleckvieh</b>	<b>Braunvieh</b>	<b>Holstein</b>	<b>Pinzgauer</b>	<b>Grauvieh</b>
Tiere in der Abstammungsdatei		1401003	549779	112190	169538	30511
Tiere in der Referenzpopulation		293198	90484	21256	19644	4521
$\phi$ Anzahl an Ahnen/Tier		62.4	70.6	26.4	83.3	362.3
% bekannte Ahnen in Generation	2	96.69	97.47	96.03	95.72	98.60
	4	64.06	65.23	37.80	79.23	88.24
	6	19.32	17.76	4.38	30.41	65.84
	8	1.55	2.49	0.13	2.05	26.66
	10	0.04	0.24	0.00	0.01	4.27

Die bei weitem schlechteste Qualität der Daten gibt es bei Holstein Friesian (26 Ahnen pro Kuh, Maximum 129 Ahnen). Hier besteht das Problem, daß von Tieren, die aus dem Ausland kommen oder deren Sperma aus dem Ausland importiert wird, lediglich 2 Vorfahrgenerationen (Eltern und Großeltern) in die Abstammungsdatei aufgenommen werden. Zwar können die Pedigrees auch von ausländischen Tieren länger werden, wenn zum Beispiel schon der Großvater eines Stieres in Österreich eingesetzt wurde, generell ist aber bei so geringer Anzahl von bekannten Vorfahren zu erwarten, daß viele tatsächlich vorhandene Verwandtschaften zwischen Tieren nicht erfaßt werden. Damit wird auch die genetische Vielfalt (egal nach welcher Methode sie geschätzt wird) überschätzt.

### Effektive Anzahl von Gründergenomen

In Tabelle 2 ist die effektive Anzahl an Gründergenomen für die verschiedenen Rassen angegeben. Es zeigt sich, daß die extrem ungleiche Häufigkeit, mit der Tiere Nachkommen erzeugen, dazu führt, daß unsere Populationen genetisch gesehen kleine Populationen sind. Der Hauptgrund für diesen Effekt ist natürlich die künstliche Besamung, über die derzeit je nach Population 65 bis 85 Prozent aller Trächtigkeiten erzielt werden.

Tabelle 2: Anzahl Gründertiere und effektive Anzahl von Gründergenomen ( $N_g$ ) in den verschiedenen Populationen

<b>Kriterium</b>	<b>Fleckvieh</b>	<b>Braunvieh</b>	<b>Holstein</b>	<b>Pinzgauer</b>	<b>Grauvieh</b>
Anzahl Gründertiere	85201	29465	10485	10244	1675
Eff. Anz. Gründergenome	94.3	41.0	71.6	32.0	20.8

In einer französischen Untersuchung fanden Maignel et al. (1996) im Durchschnitt noch niedrigere Werte für die effektive Anzahl von Gründergenomen, so wurde etwa für die französischen Holstein Friesian ein Wert von 30.4 ermittelt, obwohl die totale Anzahl an Tieren im Pedigree mehr als 11 Millionen betrug. Dies zeigt, daß der Wert von 71.6 für die österreichische HF-Population aufgrund der schlechten Qualität der Pedigrees deutlich überhöht sein dürfte. Bei sieben französischen Milch-Rassen wurde die höchste Variabilität bei der Rasse Montbeliarde gefunden, der Wert betrug 35.8. Dies ist deutlich niedriger als der beim Fleckvieh gefundene Wert (94.3), obwohl die Qualität der Pedigree-Informationen zwischen Fleckvieh und den genannten französischen Rassen durchaus vergleichbar ist. In einer Studie über mögliche Ursachen für die vergleichsweise hohe Variabilität konnten Sölkner und Filipcic (1997) und Sölkner et al. (1998) zeigen, daß dies durch die Unterteilung der österreichischen Fleckviehpopulation in mehr oder weniger unabhängige Verbände erklärbar ist. Beim Braunvieh gibt es zwar auch eine solche Unterteilung, allerdings wurden bei dieser Rasse doch vielfach dieselben Brown Swiss Stiere aus den U.S.A. in mehreren oder allen Verbänden eingesetzt. Eine Studie beim Kroatischen Fleckvieh von Filipcic et al. (1997) ergab einen Wert von 112, wobei die Abstammungen länger als beim österreichischen Holstein Friesian, aber kürzer als bei den übrigen österreichischen Rassen waren. Auch in Kroatien ergab sich ein ausgeprägtes regionales Muster.

Das Grauvieh zeigt die geringste genetische Variabilität, obwohl die Besamungsdichte bei dieser Rasse vergleichsweise gering ist. Allerdings handelt es sich beim Grauvieh um die bei weitem kleinste Rasse und zudem ist die Qualität der Pedigrees sehr gut, so daß der im Vergleich zu den übrigen Rassen niedrigere Wert auch aus diesem Grund zu erwarten ist.

### **Genanteile wichtiger Ahnen**

Die Ergebnisse für die zehn jeweils wichtigsten Vererber sind in den Tabellen 3 bis 7 zusammengefaßt. Es zeigt sich, daß es bei den Rassen Braunvieh, Pinzgauer und Grauvieh jeweils einen dominanten Vererber gibt, der in seiner Bedeutung über die anderen wichtigen Vererber hinausragt. Beim Braunvieh ist dies der Brown-Swiss Stier *Elegant*, beim Pinzgauer der Stier *Adrian* und beim Grauvieh heißt der wichtigste Vererber *Elefant*. Alle drei Stiere steuern jeweils knapp 10 Prozent zum gesamten Erbgut der aktuellen Kuhpopulation bei. Anders ausgedrückt heißt das, daß z.B. jede heute lebende Braunviehkuh rund zehn Prozent ihrer Gene indirekt (über seine Söhne, Enkel und Urenkel) von *Elegant* hat. Beim Fleckvieh und bei Holstein Friesian gibt es einen solchen dominanten Vererber nicht, die wichtigsten Vererber tragen jeweils "nur" gut vier Prozent zum Erbgut der heute lebenden Kühe bei. Alle angeführten wichtigen Vererber wurden zwischen 1958 und 1984 geboren. Jüngere Stiere hatten noch nicht die Chance, ihre Gene auch über ihre Söhne und Enkel genügend breit zu streuen, um so einen sehr hohen Genanteil an der Population zu erreichen. Es kommen auch einige Kühe als wichtige Vererber vor, es handelt sich dabei um die Mütter von jeweils mindestens zwei breit eingesetzten Stieren.



### **Fleckvieh: Morello, Haxl und Salamon liegen vorne**

Die drei Stiere *Morello*, *Haxl* und *Salamon* erreichen einen Genanteil von jeweils über 3 Prozent, d.h. rund 10 Prozent aller Gene der aktuellen Fleckviehpopulation stammen von diesen drei Stieren (Tabelle 3). Am häufigsten in den Stammbäumen der aktuellen Kuhpopulation ist der Stier *Polzer* zu finden, immerhin 56 Prozent aller Kühe haben *Polzer* als (meist weit zurückliegenden) Ahnen im Stammbaum.

Bezüglich der Herkunft der wichtigsten Vererber zeigt sich, daß vier der zehn Stiere aus Deutschland stammen, vier aus Oberösterreich und zwei aus Niederösterreich. Allerdings muß festgehalten werden, daß der Anteil deutscher Vererber im nachfolgenden Teil der Liste (hier nicht abgedruckt) der nächstwichtigen vergleichsweise gering ist. Offensichtlich wurden die besten Stiere aus Deutschland als Stierväter geholt und dadurch fanden deren Gene eine weite Verbreitung.

Tabelle 3: Genanteile der 10 wichtigsten Vererber beim Fleckvieh

<b>Name</b>	<b>Geburtsjahr</b>	<b>Genanteil, %</b>	<b>Stammbaum, %<sup>1)</sup></b>
Morello	72	4,3	15
Haxl	66	4,0	32
Salamon	63	3,0	27
Polzer	59	2,4	56
Hetro	70	2,2	16
Romulus	75	1,9	13
Streif	78	1,9	7
Präfekt	72	1,5	5
Honig	64	1,4	15
Paris	63	1,4	7

<sup>1)</sup> gibt an, in wieviel Prozent aller Stammbäume ein Vererber vorkommt.

Die Feststellung des Red Friesian-Anteiles in der aktuellen Fleckvieh-Kuhpopulation ist schwierig, weil die Information über den RF-Genanteil von Kühen oft unvollständig ist oder gar nicht gemeldet wird. Eine Erfassung über die wichtigen Vererber scheint deshalb sicherer. Unter den 50 Stieren und 5 Kühen, welche gemeinsam 50 Prozent der Gene der Fleckviehpopulation bestimmen, befindet sich mit *Brand* ein reiner RF-Stier und mit *Präfekt*, *Lux* und *Radi* drei Stiere mit 25 % RF-Anteil. Eine Hochrechnung der Genanteile ergibt, daß im österreichischen Fleckvieh der Anteil an RF-Genen unter 3 % liegt.

### **Braunvieh: Elegant ist der dominante Vererber!**

Der dominante Vererber in der österreichischen Braunviehzucht ist eindeutig *Elegant* (Tabelle 4). Der 1966 geborene Stier ist in den Abstammungen von zwei Drittel aller aktuellen Kühe zu finden und rund 10 Prozent der Gene einer durchschnittlichen österreichischen Braunviehkuh stammen von *Elegant*. An zweiter Stelle liegt mit etwas mehr als 5 Prozent der Stier *Stretch*, der ebenfalls bei mehr als der Hälfte der Kühe im Stammbaum zu finden ist. Sein Sohn *Stretch Improver* liegt an fünfter Stelle mit einem Anteil von 2,3 %. Der tatsächliche Anteil von *Stretch Improver* ist

doppelt so hoch, allerdings wird jener Teil der Gene in der Population, die schon bei seinem Vater berücksichtigt wurden, von seinem Anteil abgezogen. Auf diese Art kommt es zu keinen "Doppelberücksichtigungen", andererseits muß man bei der Interpretation der Genanteile der einzelnen Vererber etwas vorsichtig sein. Bei der an vierter Stelle liegenden Kuh *Jewelex* handelt es sich um die Mutter von *Jade* und *Classic*.

Die Welt-Braunviehzucht wurde in den letzten Jahrzehnten eindeutig von Brown Swiss Vererbern aus den U.S.A. dominiert. Auch in Österreich kam es zu einer weitgehenden Verdrängung des Braunviehs vom kombinierten europäischen Typ durch die milchbetonte Brown Swiss-Rasse. Der erste Original-Braunviehstier in der Liste der wichtigsten Vererber ist *Dori*, ein Tiroler Stier, der im Jahr 1960 geboren wurde. Er liegt an 49. Stelle, sein Genanteil an der Gesamtpopulation beträgt 0,34 Prozent, er kommt aber immerhin in rund 20 Prozent aller Stammbäume vor, in Tirol sogar in mehr als 50 Prozent der Stammbäume.

Tabelle 4: Genanteile der 10 wichtigsten Vererber beim Braunvieh

Name	Geburtsjahr	Genanteil, %	Stammbaum, % <sup>1)</sup>
Elegant	66	9,7	66
Stretch	62	5,4	58
Norvic	60	3,5	48
Jewelex (Kuh)		2,4	15
Stretch Improver	72	2,3	28
Jubilation	75	1,9	9
Victor	67	1,8	14
Pavanne	59	1,8	24
Johnny	77	1,8	9
Delegate	65	1,7	19

<sup>1)</sup> Gibt an, in wieviel Prozent aller Stammbäume ein Vererber vorkommt.

Das Braunvieh hat mehr als andere Rassen mit dem Auftreten von Erbfehlern, welche oft durch ein einzelnes rezessives Gen (siehe Fürst-Waltl, 1998) bedingt sind, zu kämpfen. In der Liste der wichtigsten Vererber finden sich *Norvic* als Träger der Spinnengliedrigkeit, *Stretch Improver* und *Delegate* als Träger der spinalen Muskelatrophie und *Johnny* als Weaver-Träger. Wenn etwa *Norvic* 3,5 Prozent der Gene der Braunviehpopulation beisteuert, so heißt das auch, daß die Hälfte dieser Tiere (also insgesamt fast 2 Prozent aller Tiere) das Gen für Spinnengliedrigkeit von *Norvic* geerbt haben. Allerdings tritt die Krankheit erst dann auf, wenn ein Tier das Gen in doppelter Ausführung (also von Vater und Mutter) erbt. Es ist daher gefährlich, wenn *Norvic* sowohl auf der väterlichen als auch auf der mütterlichen Seite des Stammbaumes zu finden ist.

### **Holstein Friesian: Elevation und Ivanhoe Star**

Mit *Elevation* und *Ivanhoe Star* führen zwei Stiere die Rangliste der meistverbreiteten Vererber an (Tabelle 5), die recht entgegengesetzten Zuchtzielen entsprechen. *Elevation* ist ein Vertreter der amerikanischen Holstein Friesian-Zucht, der auch in vielen anderen Ländern in einer solchen Rangfolge an der Spitze oder in der Nähe der Spitze zu finden wäre. Bei *Ivanhoe Star* und vor allem den drei nachfolgenden Stieren handelt es sich um Vererber, die vor allem im Rahmen des

Lebensleistungszuchtprogrammes von BAKELS und HAIGER bzw. im Rahmen des Zuchtprogrammes der Besamungsstation Uelzen eingesetzt wurden. Bei *Heilo* handelt es sich um die Mutter von *Norman* und *Norstar*, zwei Stieren, die ebenfalls im Rahmen des Lebensleistungszuchtprogrammes eingesetzt wurden.

Die Ergebnisse bezüglich der wichtigsten Vererber sind weniger empfindlich als jene bezüglich der effektiven Anzahl der Gründergenome. Die hier aufgelisteten Stiere sind tatsächlich die, welche in Österreich am häufigsten eingesetzt wurden. Es könnte allerdings sein, daß gemeinsame Vorfahren einiger dieser Stiere, welche selbst gar nie in Österreich zum Einsatz kamen (etwa die Linienbegründer der Lebensleistungslinien) in der Liste der wichtigsten Vererber noch vor den genannten Tieren aufscheinen würden.

Tabelle 5: Die 10 wichtigsten Vererber bei Holstein Friesian

Name	Geburtsjahr	Genanteil, %	Stammbaum, % <sup>1)</sup>
Elevation	65	4,4	32,1
Ivanhoe Star	63	4,2	27,9
Alstar Pilot	60	3,5	25,8
Eminent	76	3,0	8,7
Praesident	67	2,8	19,6
Berni	66	2,6	10,1
Heilo (Kuh)		2,6	15,9
Valiant	75	2,3	9,5
Gardenia	69	1,6	8,2
Manitu	79	1,6	3,6

<sup>1)</sup> gibt an, in wieviel Prozent aller Stammbäume ein Vererber vorkommt.

### ***Pinzgauer: Adrian dominiert***

*Adrian*, ein reiner Pinzgauer-Stier aus St. Veit im Pongau, ist der mit Abstand bedeutendste Vererber in der Pinzgauer-Zucht. Er stand mehr als sieben Jahre im Besamungseinsatz an der Station Kleßheim, und es wurden über 150 seiner Söhne als Herdbuchstiere anerkannt. Adrian kommt bei 86 Prozent der aktuellen Kuhpopulation im Stammbaum vor. An zweiter Stelle in der Top-Liste der wichtigsten Vererber liegt *Brand*, ein Red Friesian-Stier mit hervorragenden genetischen Anlagen für Milchleistung und Langlebigkeit, der ja auch beim Fleckvieh relativ breit eingesetzt wurde. Er kommt im Stammbaum von etwas über 50 Prozent der Kühe vor. Der Anteil an Red Friesian-Genen in der Pinzgauer-Zucht beträgt zur Zeit rund 18 Prozent.

Tabelle 6: Die 10 wichtigsten Vererber bei Pinzgauer

Name	Geburtsjahr	Genanteil, %	Stammbaum, % <sup>1)</sup>
Adrian	76	9,5	86,2
Brand	67	5,2	52,2
Straus (Kuh)	62	4,1	70,6
Wodan II	79	3,4	9,6
Galant	67	3,3	43,6
Feltrin	65	2,9	46,4
Lucki	64	2,8	34,3
Solitär	75	2,7	16,4
Sam	84	2,4	10,7
Gabriel	77	2,1	12,4

<sup>1)</sup> gibt an, in wieviel Prozent aller Stammbäume ein Vererber vorkommt.

### ***Grauvieh: lange Stammbäume***

Auch beim Grauvieh ist mit *Elefant* ein Stier dominierend, allerdings ist Elefant jünger als die Spitzenreiter bei den anderen Rassen (Geburtsjahr 1977). Trotz seiner relativen Jugend kommt er aber bereits in 46 Prozent aller Stammbäume vor. Der im Jahr 1958 geborene *Dollar* kommt in 97,8 Prozent der Stammbäume vor, es gibt also kaum eine Grauvieh-Kuh, die diesen Stier nicht mindestens einmal im Stammbaum hat. Wie bereits erwähnt ist die verfügbare Information über die Abstammung der Kühe beim Grauvieh mit Abstand am besten, von jeder Kuh sind im Durchschnitt 362 Vorfahren bekannt.

Tabelle 7: Die 10 wichtigsten Vererber beim Grauvieh

Name	Geburtsjahr	Genanteil, %	Stammbaum, % <sup>1)</sup>
Elefant	77	9,3	45,8
Degen	68	5,9	89,9
Bernhard	73	5,8	42,9
Capri	80	5,0	16,5
Dieter	64	3,0	84,1
Dollar	73	2,6	26,6
Dollar	58	2,6	97,8
Dorn	64	2,5	52,0
Nil	60	2,3	89,0
Gusti (Kuh)	72	1,8	16,3

<sup>1)</sup> gibt an, in wieviel Prozent aller Stammbäume ein Vererber vorkommt.

## Wie viele Vererber erklären 50 (80) Prozent des Erbguts der Population?

Eine weitere Art, sich eine Vorstellung über die genetische Vielfalt zu machen, ist über die Anzahl der wichtigen Ahnen, welche einen bestimmten Prozentsatz aller Gene im Genpool einer Population bestimmen. In der Tabelle 8 findet sich eine Aufstellung über die Anzahl von Ahnen, die gemeinsam 50 bzw. 80 Prozent des Genpools determinieren.

Tabelle 8: Anzahl an Ahnen, welche 50 bzw. 80 % des Genpools der Rasse bestimmen

<b>Population</b>	<b>50 %</b>	<b>80 %</b>
Fleckvieh	55	565
Braunvieh	28	239
Holstein Friesian	45	455
Pinzgauer	21	219
Grauvieh	16	69

Die Aufstellung zeigt erneut, daß unsere Rinderpopulationen genetisch gesehen nur kleine Populationen sind. Die Tatsache, daß 69 Vererber beim Grauvieh für 80 % aller Gene der Population verantwortlich sind, verdeutlicht dies klar. Die Ergebnisse stimmen bezüglich der Rangreihung der Populationen recht gut mit der effektiven Anzahl von Gründertieren (Tabelle 2) überein.

## Wie gefährlich ist die geringe genetische Vielfalt?

Die Ergebnisse der Stammbaumuntersuchung zeigen deutlich, daß die heutigen Rinderpopulationen vor allem aufgrund des Einsatzes der künstlichen Besamung genetisch gesehen klein sind.

Wenn etwa in der Braunvieh-, Pinzgauer oder Grauvieh-Population fast 10 % aller Gene von einem einzelnen Stier stammen, stellt sich die Frage, ob eine solche Situation gefährlich oder für den Fortbestand der Population bedrohlich ist. Es ist nicht einfach, eine klare Antwort auf diese Frage zu finden, weil das Problem mehrschichtig ist. Schließlich ist eine Beschränkung der genetischen Vielfalt ja auch im Sinne des Züchters. Tiere, die bezüglich der Leistungsveranlagung unterdurchschnittlich sind, sollen aus der Zucht ausgeschieden werden. Allerdings treten mit dieser Reduktion der Vielfalt drei potentielle Probleme auf, die zum Abschluß noch kurz beleuchtet werden sollen: Leistungsreduktion durch Inzuchtdepression, das Auftreten von Erbfehlern und verminderte Leistungssteigerung durch den Verlust wertvoller Gene.

### *Leistungsreduktion durch Inzuchtdepression*

Inzucht führt im allgemeinen zu einem Verlust der Anpassungsfähigkeit eines Individuums an seine Umgebung und damit, im Falle von Milchkühen, zu einer Reduktion der Leistungsfähigkeit. Der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient kann ebenfalls aus den Abstammungsdaten geschätzt werden. Ein Tier ist dann ingezüchtet, wenn es in väterlicher und mütterlicher Linie auf mindestens einen gemeinsamen Ahnen zurückgeführt werden kann. Der Grad der Inzucht steigt, je näher der gemeinsame Ahne im Stammbaum beim Tier selbst zu finden ist (bei einer Vater-Tochter-Paarung beträgt der Inzuchtkoeffizient des resultierenden Nachkommen 25 %) bzw. je

mehr gemeinsame Ahnen in einem Stammbaum vorkommen. Im Beitrag von Fürst-Waltl (1998) zum gleichen Seminar wird gezeigt, daß trotz der relativ geringen effektiven Populationsgröße die durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten der Kühe aufgrund gezielter Vermeidung von engen Verwandtenpaarungen relativ klein sind. Untersuchungen zum Effekt der Inzuchtdepression von Fürst (1994) haben gezeigt, daß eine Steigerung der Inzucht um 1 Prozent eine Verminderung der Milchleistung um weniger als 10 kg zur Folge hat, die durchschnittliche Zwischenkalbezeit verlängert sich um weniger als einen Tag und die Nutzungsdauer sinkt nur um wenige Tage. Bezüglich der Inzuchtdepression befinden sich die Populationen also in keiner kritischen Situation.

#### *Auftreten von Erbfehlern*

Gerade die Braunviehzucht scheint von diversen Erbfehlern in den letzten Jahrzehnten geradezu heimgesucht. Die Frequenz der Gene für spinale Muskelatrophie, Spinnengliedrigkeit und Weaver stieg bis vor wenigen Jahren stark an, was sicherlich auf den konzentrierten Einsatz relativ weniger Linien zurückzuführen ist. Gentests, mit denen auch Trägertiere von Erbfehlern erkannt werden können, sollten in Zukunft dazu beitragen, die weitere Ausbreitung dieser Erbfehler zu kontrollieren bzw. die Frequenz dieser Gene zu senken. Die genetische Überlegenheit von Tieren, in deren Stammbaum Trägertiere vorkommen, kann trotzdem genutzt werden, falls sie selbst sich beim Gentest als von diesen Erbfehlern frei erweisen.

#### *Verlust wertvoller Gene*

Neben den relativ offensichtlichen Gefahren der Inzuchtdepression und des Auftretens von Erbfehlern gibt es noch eine dritte Komponente des Problems der Verringerung der genetischen Vielfalt durch den Einsatz von nur wenigen Vererbern. Es ist möglich, daß durch Zufall ("genetische Drift") Gene aus der Population verlorengehen, die sich vielleicht in Zukunft als besonders wertvoll erweisen könnten. Das mögen Gene für die Milchleistung sein, oder Gene, die etwa die Verarbeitungseigenschaften der Milch positiv beeinflussen (wie das Kappa-Casein-Allel B), oder Gene, die Vorteile bringen, von denen wir heute noch gar nichts wissen.

Es geht hier um ein Abwägen von momentanem und möglichem zukünftigen Nutzen, für das es auch wissenschaftlich nur relativ wenige Ansätze gibt, die der Komplexität der Situation gerecht werden könnten.

## **Schlußfolgerung**

Die Ergebnisse der Stammbaumanalyse zeigen, daß die österreichischen Rinderpopulationen genetisch gesehen recht kleine Populationen sind und daß es in mehreren Rassen einen dominanten Vererber gibt, der allein 10 Prozent zum Bestand der Gene (Genpool) der heutigen Kuhpopulation beiträgt. Die Frage nach der Gefahr, die von der Einengung der genetischen Vielfalt ausgeht, ist nicht einfach zu beantworten. Die Gefahr von Leistungseinbußen durch Inzuchtdepression ist zwar gering, die Erbfehlerproblematik wird uns aber auch in Zukunft beschäftigen. Zudem muß sich der Tierzüchter dem Problem stellen, daß er zwar zum einen bewußt die genetische Vielfalt durch Ausscheidung leistungsschwacher Tiere verringern will, andererseits aber die Vielfalt bei den positiven Varianten weiter steigern möchte. Die Mechanismen der Vererbung widersprechen aber diesem tierzüchterischen Versuch einer Quadratur des Kreises.

## Literatur

- Boichard, D., Maignel, L. und Verrier, E. 1997. The value of probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* 29: 5-23.
- Filipic, L., Curik, I. and Sölkner, J. 1997. Genetic variability and structure analysis of Croatian Simmental breed based on pedigree information. *Proc. of the Information Technology Interfaces ITI '97*, June 17-20, Pula, Croatia, 169-174.
- Fürst, C., 1994. Schätzung und züchterische Bedeutung nicht-additiv genetischer Varianzkomponenten in der Rinderzucht. Dissertation, Universität für Bodenkultur, Wien.
- Fürst-Waltl, B., 1998. Inzucht - ein Problem in der Rinderzucht? In: Intensivierung und Internationalisierung der Rinderzucht: Auswirkungen auf die genetische Vielfalt. Seminarunterlagen des genetischen Ausschusses der ZAR, Wien.
- Lacy, R.C. 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biol.* 8, 111-123.
- Maignel, L., Boichard, D. und Verrier, E. 1996. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bulletin* 14, 49-54.
- Sölkner, J. und Filipic, L. 1997. Genetic variability of populations and similarity of subpopulations in cattle breeds evaluated by analysis of pedigrees. Vortrag 48. Jahrestagung der EVT, Wien.
- Sölkner, J., Filipic, L. und Hampshire, N. 1998. Genetic variability of populations and similarity of subpopulations in Austrian cattle breeds determined by analysis of pedigrees. *Animal Science* (in Druck)

---

*Medieninhaber und Herausgeber:*

Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR)

Universumstraße 33/8, 1200 Wien

im Rahmen des Genetischen Ausschusses

DVR: 0514080

*Für den Inhalt verantwortlich:*

Die jeweiligen Autoren

*Redaktion und Layout:*

Dr. Christian Fürst, ZAR

*Druck:* Agrarmarkt Austria, Dresdnerstraße 70, 1200 Wien