



Das Lebensministerium



Monitoring genetischer Diversität

Schriftenreihe des Landesamtes für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie

Heft 1/2009

Freistaat  Sachsen

Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie

**Erarbeitung von Verfahren und Kriterien für ein Monitoring der genetischen Vielfalt für
Leistungszuchtpopulationen und gefährdete Nutztierpopulationen in Sachsen**

Carina Kehr, Prof. Dr. Michael Klunker, Dr. Ralf Fischer

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	1
2	Literatur	2
2.1	Genetische Vielfalt.....	2
2.1.1	Gesetzliche Grundlagen (Tierzuchtgesetz).....	3
2.1.2	Erhaltung der genetischen Vielfalt.....	3
2.1.3	Nationales Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung tiergenetischer Ressourcen in Deutschland.....	6
2.1.3.1	Gefährungsgrad einheimischer Nutztierpopulationen.....	7
2.1.3.2	Situation in der Pferdezucht.....	9
2.1.3.3	Situation in der Rinderzucht.....	9
2.1.3.4	Situation in der Schweinezucht.....	10
2.1.3.5	Situation in der Schafzucht.....	11
2.1.3.6	Situation in der Ziegenzucht.....	12
2.1.4	Zuchttierbestände in Sachsen.....	12
2.1.4.1	Rinderbestand.....	12
2.1.4.2	Schweinebestand.....	15
2.1.4.3	Pferdebestand.....	17
2.1.4.4	Ziegenbestand.....	20
2.1.4.5	Schafbestand.....	21
2.1.4.6	Scrapie-Genotypisierung beim Schaf.....	24
2.2	Populationsgenetische Grundlagen.....	27
2.2.1	Die Idealpopulation.....	27
2.2.2	Systematische Einflussfaktoren auf die genetische Struktur einer Population.....	28
2.2.2.1	Migration.....	28
2.2.2.2	Mutation.....	28
2.2.2.3	Selektion.....	28
2.2.3	Nichtsystematische Einflussfaktoren auf die genetische Struktur einer Population.....	29
2.2.4	Verwandtschaft und Inzucht.....	30
2.2.4.1	Inzucht.....	30
2.2.4.2	Inzuchtkoeffizient.....	31
2.2.4.3	Verwandtschaftskoeffizient.....	31
2.2.4.4	Inzuchtzunahme je Generation ΔF	32
2.2.4.5	Effektive Populationsgröße N_e	33
2.2.4.6	Der Flaschenhalseffekt.....	35
2.2.4.7	Generationsintervall.....	36
2.2.4.8	Fehlende Ahnen.....	36
2.3	APIIS-Datenbank.....	38
2.4	Informationssysteme tiergenetische Ressourcen.....	39

2.5	Software-Programme zur Überwachung von Inzucht und Verwandtschaft.....	41
2.5.1	Das Programm OPTI-MATE.....	41
2.5.2	Das Programm GenCont (Genetic Contribution).....	42
2.5.3	Das Programm EVA (Evolutionary Algorithm for Mate Selection).....	43
2.5.4	Das Programm Pedig.....	43
3	Material und Methoden	43
3.1	Datenlogistik	43
3.2	Datenbank	44
3.3	Datenmaterial	45
3.3.1	Datenmaterial Rotes Höhenvieh.....	45
3.3.2	Datenmaterial Milchrind (HF).....	47
3.3.3	Datenmaterial Pferderassen.....	47
3.3.4	Datenmaterial Schaf- und Ziegenrassen	48
3.3.5	Datenmaterial Schweinerassen	50
3.4	Parameter für die Populationsanalyse	51
3.4.1	Pedigreevollständigkeit.....	51
3.4.2	Generationsintervall.....	52
3.4.3	Familiengröße	52
3.4.4	Inzuchtkoeffizient.....	52
3.4.5	Inzuchtrate ΔF	53
3.4.6	Effektive Populationsgröße N_e	53
3.5	Populationsanalyse.....	55
3.5.1	Erstellung der Populationsanalyse	55
3.5.2	Weitere Programme	56
4	Ergebnisse	57
4.1	Pferd	57
4.1.1	Pedigreevollständigkeit.....	57
4.1.2	Generationsintervall.....	59
4.1.3	Familiengröße	60
4.1.4	Inzuchtkoeffizienten F	61
4.1.5	Inzuchtrate ΔF	62
4.1.6	Effektive Populationsgröße N_e	63
4.2	Schaf und Ziege.....	65
4.2.1	Pedigreevollständigkeit.....	66
4.2.2	Generationsintervall.....	66
4.2.3	Familiengröße	67
4.2.4	Inzuchtkoeffizienten F	68
4.2.5	Inzuchtrate ΔF	69
4.2.6	Effektive Populationsgröße N_e	72
4.3	Schwein	76

4.3.1	Pedigreevollständigkeit.....	76
4.3.2	Generationsintervall.....	78
4.3.3	Familiengröße	78
4.3.4	Inzuchtkoeffizienten F.....	79
4.3.5	Inzuchtrate ΔF	79
4.3.6	Effektive Populationsgröße N_e	81
4.4	Rind	83
4.4.1	Pedigreevollständigkeit.....	83
4.4.2	Generationsintervall.....	84
4.4.3	Inzuchtkoeffizienten	85
4.4.4	Inzuchtrate ΔF	85
4.4.5	Effektive Populationsgröße N_e	87
4.5	Nutzung der Populationsanalysen	91
4.6	Teilprojekt: Nutzungsvorschläge für existenzbedrohte Rassen anhand einer bundesweiten Recherche (Dr. K. Heidig, Dr. K. Graff; HTW Dresden)	91
4.6.1	Einleitung.....	91
4.6.2	Ausgangssituation	92
4.6.3	Zusammenfassung	92
4.6.4	Diskussion der Methode der Datengewinnung	95
5	Diskussion und Schlussfolgerung	96
5.1	Rinderrassen	96
5.1.1	Rotes Höhenvieh.....	96
5.1.2	Deutsche Holsteins sächsische Population	98
5.2	Pferderassen	100
5.2.1	Deutsches Sportpferd und Haflinger.....	100
5.2.2	Schweres Warmblut	100
5.2.3	Rheinisch-Deutsches Kaltblut.....	101
5.3	Schaf- und Ziegenrassen.....	101
5.3.1	Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf und Ostfriesisches Milchschaaf	102
5.3.2	Skudde und Leineschaf	102
5.3.3	Weißer Deutsche Edelziege und Thüringer Wald Ziege.....	103
5.4	Schweinerassen.....	103
5.4.1	Deutsche Landrasse, Deutsches Edelschwein und Pietrain.....	103
5.4.2	Deutsches Sattelschwein	104
6	Zusammenfassung.....	105
7	Quellenverzeichnis.....	105
8	Anhang.....	109
8.1	Datenimport bis Erstellung der Reports	109
8.2	Abbildung des Pedigrees und der Genanteile eines Tieres	110

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1:	Zusammensetzung der genetischen Varianz (SIMIANER UND WEIGEND 2005)	5
Abbildung 2:	Systematik von Erhaltungszuchtprogrammen bei Nutztieren (SIMIANER UND WEIGEND 2005)	7
Abbildung 3:	Einfluss der Paarungsverfahren auf Verengung oder Erweiterung des Erbgutes (KÜNZI UND STRANZINGER 1993 nach LUSH 1945)	30
Abbildung 4:	Einteilung von Methoden zur Schätzung der effektiven Populationsgröße N_e (nach HANSEN et al. 2007)	35
Abbildung 5:	Auszug aus der Struktur der Pferdedatenbank	45
Abbildung 6:	Struktur der Daten des Roten Höhenviehs	46
Abbildung 7:	Inhaltsverzeichnis der Populationsanalyse	56
Abbildung 8:	Inzuchtrate ΔF nach Geburtsjahrgängen von der Eltern- zur Nachkommengeneration bei den Pferderassen	63
Abbildung 9:	Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Zensus-basierte Berechnung bei den Pferderassen	64
Abbildung 10:	Effektive Populationsgröße nach Geburtsjahrgängen über die Pedigree-basierte Berechnung mit ΔF bei den Pferderassen	65
Abbildung 11:	Inzuchtrate nach Geburtsjahrgängen von der Eltern- zur Nachkommen- generation bei den Schaf- und Ziegenrassen (Teil 1)	71
Abbildung 12:	Inzuchtrate nach Geburtsjahrgängen von der Eltern- zur Nachkommen- generation bei den Schaf- und Ziegenrassen (Teil 2)	71
Abbildung 13:	Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Zensus-basierte Berechnung bei den Schaf- und Ziegenrassen (Teil 1)	73
Abbildung 14:	Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Zensus-basierte Berechnung bei den Schaf- und Ziegenrassen (Teil 2)	73
Abbildung 15:	Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Pedigree-basierte Berechnung bei den Schaf- und Ziegenrassen (Teil 1)	74
Abbildung 16:	Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Pedigree-basierte Berechnung bei den Schaf- und Ziegenrassen (Teil 2)	75
Abbildung 17:	Inzuchtrate nach Geburtsjahrgängen von der Eltern- zur Nachkommen- generation bei den Schweinerassen	80
Abbildung 18:	Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Zensus-basierte Berechnung bei den Schweinerassen	82
Abbildung 19:	Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Pedigree-basierte Berechnung mit ΔF bei den Schweinerassen	83
Abbildung 20:	Inzuchtrate nach Geburtsjahrgängen von der Eltern- zur Nachkommen- generation beim Dt. Holstein	86
Abbildung 21:	Inzuchtrate nach Geburtsjahrgängen von der Eltern- zur Nachkommen- generation beim Roten Höhenvieh	87

Abbildung 22:	Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Zensus-basierte Berechnung beim Dt. Holstein	88
Abbildung 23:	Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Zensus-basierte Berechnung beim Roten Höhenvieh.....	89
Abbildung 24:	Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Pedigree-basierte Berechnung mit ΔF beim Dt. Holstein	90
Abbildung 25:	Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Pedigree-basierte Berechnung mit ΔF beim Roten Höhenvieh	90

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1:	Einschätzungshilfe für die Diversität von Tierpopulationen (IÖW et al. 2004).....	6
Tabelle 2:	Bestandszahlen, effektive Populationsgröße (N_e) und Gefährdungskategorien für Pferderassen in Deutschland (TGRDEU 2007)	9
Tabelle 3:	Bestandszahlen, effektive Populationsgröße (N_e) und Gefährdungskategorien für Rinderrassen in Deutschland (TGRDEU 2007)	10
Tabelle 4:	Bestandszahlen, effektive Populationsgröße (N_e) und Gefährdungskategorien für Schweinerassen in Deutschland (TGRDEU 2007)	11
Tabelle 5:	Bestandszahlen, effektive Populationsgröße (N_e) und Gefährdungskategorien für Schafrassen in Deutschland (TGRDEU 2007).....	11
Tabelle 6:	Bestandszahlen, effektive Populationsgröße (N_e) und Gefährdungskategorien für Ziegenrassen in Deutschland (TGRDEU 2007).....	12
Tabelle 7:	Entwicklung der Rinderproduktion in Sachsen (SÄCHSISCHER TIERZUCHTREPORT 2006)	13
Tabelle 8:	Entwicklung der Herdbuchbestände bei Fleischrindern nach Rassen in Sachsen (SÄCHSISCHER TIERZUCHTREPORT 2006)	13
Tabelle 9:	Entwicklung der Herdbuchbestände bei den Schweinerassen in Sachsen (SÄCHSISCHER TIERZUCHTREPORT 2006)	16
Tabelle 10:	Entwicklung der Hengstbestände in Sachsen (SÄCHSISCHER TIERZUCHTREPORT 2006)	17
Tabelle 11:	Entwicklung der Bedeckungen/Besamungen sowie der eingetragenen Zuchtstuten bei den einzelnen Pferderassen in Sachsen (verändert nach (SÄCHSISCHER TIERZUCHTREPORT 2006)	18
Tabelle 12:	Herdbuchbestände bei den Ziegenrassen in Sachsen (SÄCHSISCHER TIERZUCHTREPORT 2006)	21
Tabelle 13:	Herdbuchbestände bei den Schafrassen (SÄCHSISCHER TIERZUCHTREPORT 2006).....	22
Tabelle 14:	Genotypenklassen, Genotyp und Gefährdungsgrad für Scrapie bei den Schafrassen (Auszug nach ERHARDT et al. 2002)	26
Tabelle 15:	Erforderliche Anzahl Generationen zur Erreichung einer Allelfrequenz q_t für unterschiedliche Ausgangsfrequenzen q_0 (SCHÜLER et al. 2001).....	29
Tabelle 16:	Programmeigenschaften und -voraussetzungen	41
Tabelle 17:	Datenbanklogistik aller Tierarten	43
Tabelle 18:	Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr beim Roten Höhenvieh	46
Tabelle 19:	Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr beim Deutschen Holstein sächsische Population	47
Tabelle 20:	Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr beim Deutschen Sportpferd und Schweren Warmblut.....	48

Tabelle 21:	Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr beim Rheinisch-Deutschen Kaltblut und Haflinger	48
Tabelle 22:	Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr beim Merinofleischschaf, Schwarzköpfigen Fleischschaf und Ostfriesischen Milchschaaf...	49
Tabelle 23:	Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr bei der Skudde und dem Leineschaf.....	49
Tabelle 24:	Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr bei der Weißen Deutschen Edelziege und der Thüringer Wald Ziege.....	50
Tabelle 25:	Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr der Deutschen Landrasse und dem Deutschen Edelschwein	50
Tabelle 26:	Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr beim Pietrain und dem Deutschen Sattelschwein.....	51
Tabelle 27:	Pedigreevollständigkeit Deutsches Sportpferd in Prozent	57
Tabelle 28:	Pedigreevollständigkeit Schweres Warmblut	58
Tabelle 29:	Pedigreevollständigkeit Rheinisch-Deutsches Kaltblut	58
Tabelle 30:	Pedigreevollständigkeit Haflinger	59
Tabelle 31:	Pedigreevollständigkeit bei den Pferderassen für die im Jahr 2006 geborenen Nachkommen.....	59
Tabelle 32:	Generationsintervalle für die selektierten Nachkommen im Durchschnitt der Jahre 1998 bis 2003 bei den Pferderassen	60
Tabelle 33:	Durchschnittliche Familiengröße bei den Pferderassen für den Zeitraum 2000 bis 2005.....	61
Tabelle 34:	Inzuchtkoeffizienten der Nachkommen nach Pferderassen	61
Tabelle 35:	Inzuchtzunahme bei den Pferderassen in Prozent	62
Tabelle 36:	Durchschnittliche effektive Populationsgröße N_e und deren Standardabweichung bei den Pferderassen (2002 bis 2006)	63
Tabelle 37:	Pedigreevollständigkeit bei den Schaf- und Ziegenrassen für die im Jahr 2005 geborenen Nachkommen.....	66
Tabelle 38:	Generationsintervalle für die selektierten Nachkommen im Durchschnitt der Jahre 2000 bis 2004 bei den Schaf- und Ziegenrassen.....	67
Tabelle 39:	Durchschnittliche Familiengröße der Zuchttiere bei den Schaf- und Ziegenrassen ...	68
Tabelle 40:	Inzuchtkoeffizienten bei den Schaf- und Ziegenrassen in Prozent	69
Tabelle 41:	Inzuchtzunahme bei den Schaf- und Ziegenrassen in Prozent.....	70
Tabelle 42:	Durchschnittliche effektive Populationsgröße N_e bei den Schaf- und Ziegenrassen (2001 bis 2005)	72
Tabelle 43:	Pedigreevollständigkeit Deutsche Landrasse in Prozent	76
Tabelle 44:	Pedigreevollständigkeit Deutsches Edelschwein	76
Tabelle 45:	Pedigreevollständigkeit Pietrain	77
Tabelle 46:	Pedigreevollständigkeit Deutsches Sattelschwein	77

Tabelle 47: Pedigreevollständigkeit bei den Schweinerassen für die im Jahr 2006 geborenen Nachkommen	77
Tabelle 48: Generationsintervalle für die selektierten Nachkommen im Durchschnitt der Jahre 1998 bis 2003 bei den Schweinerassen	78
Tabelle 49: Durchschnittliche Familiengröße bei den Schweinerassen für den Zeitraum 2000 bis 2005	78
Tabelle 50: Inzuchtkoeffizienten der Nachkommen nach Schweinerassen	79
Tabelle 51: Inzuchtzunahme bei den Schweinerassen in Prozent.....	80
Tabelle 52: Die durchschnittliche effektive Populationsgrößen N_e bei den Schweinerassen (2002 bis 2006)	81
Tabelle 53: Pedigreevollständigkeit Rotes Höhenvieh.....	84
Tabelle 54: Generationsintervalle für die selektierten Nachkommen im Durchschnitt der Jahre 1998 bis 2001 beim Deutschen Holstein sächsische Population und 2002 bis 2005 beim Roten Höhenvieh	84
Tabelle 55: Inzuchtkoeffizienten der Nachkommen nach Rinderrassen	85
Tabelle 56: Inzuchtzunahme bei den Rinderrassen in Prozent	86
Tabelle 57: Durchschnittliche effektive Populationsgröße bei den Rinderrassen (2002 bis 2006)	87

1 Einleitung

Im Laufe der Domestikation haben sich durch geografische Isolation, Selektions- und Anpassungsprozesse an landwirtschaftliche Produktionsformen mehr als 5 300 Rassen entwickelt. Wirtschaftliche Zwänge, auch in Folge der Globalisierung führten zu einseitiger und polarisierter genetischer Ausrichtung der Haustierrassen. Damit steigt das Risiko der Existenzgefährdung von Rassen, die aber zukünftig als Kreuzungspartner zum Erhalt einer bestimmten notwendigen Heterozygotie nötig sein könnten. Auch der Allelverlust in Intensivpopulationen wird unter Umständen mittel- oder langfristig wirtschaftlich negative Folgen haben. Die damit einhergehende steigende Homozygotie und Inzucht kann zu Vitalitätsproblemen führen. Aus diesem Grund unterzeichneten im Jahre 1992 170 Vertragsstaaten die Convention on Biological Diversity (Übereinkommen über die biologische Vielfalt (ÜBV)) als Verpflichtung zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung ihrer genetischen Ressourcen bei wildlebenden und domestizierten Organismen, also aller genetischer Ressourcen. Die Vertragsstaaten haben sich verpflichtet, nationale Strategien, Programme und Pläne zu entwickeln, um diese Ziele in ihre jeweiligen nationalen Politiken zu integrieren.

Auf einer Vertragsstaatenkonferenz im Jahre 2000 wurde in Weiterführung des ÜBV ein Arbeitsprogramm für die landwirtschaftliche Biodiversität verabschiedet. Teil der nationalen Aktivitäten Deutschlands war dabei die Erarbeitung eines „Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung tiergenetischer Ressourcen“, das verbindliche Leitlinien zum Schutz der nationalen tiergenetischen Ressourcen für Bund und Länder enthält. Gleichzeitig ist es als Beitrag zum Weltzustandsbericht der FAO über die genetischen Ressourcen zu werten.

In Umsetzung der Vertragsverpflichtungen erfolgte 2006 eine Novellierung des deutschen Tierzuchtgesetzes. Dabei wurde vom Gesetzgeber die Erhaltung der genetischen Vielfalt in § 1 als Ziel formuliert sowie dahingehend präzisiert, dass die zuständigen Behörden ein Monitoring über die genetische Vielfalt im Bereich der landwirtschaftlichen Nutztiere durchzuführen haben. Außerdem sind die Ergebnisse an die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung zur bundesweiten Bewertung der genetischen Vielfalt sowie an die zuständigen Einrichtungen der Europäischen Gemeinschaft weiterzuleiten.

Die Beurteilung des Gefährdungsstatus im „Nationalen Fachprogramm“ geschieht auf der Basis der ermittelten effektiven Populationsgröße (N_e), d.h. auf der Grundlage von Pedigreedaten. Die Methodik unterscheidet sich vom molekulargenetischen Herangehen z.B. über genetische Distanzmaße, was zurzeit gleichfalls von einigen Arbeitsgruppen in Deutschland wissenschaftlich untersucht wird (FALGE et al. 1998; WEIGEND 2002; WAGNER 2005; GEORG & PETER 2005; SIMIANER 2006).

Um mit den pedigreebasierenden Methoden zu wirklichkeitsnahen und relevanten Aussagen, insbesondere unter Berücksichtigung von meist sehr engen Verwandtschaftsstrukturen innerhalb kleiner Populationen zu gelangen, müssen Einzeltierdaten (Herdbuch) der jeweiligen Populationen als Berechnungsgrundlage verwendet werden. Da die Herdbücher der einzelnen Zuchtverbände und Rassen auf sehr unterschiedlichen Datenbanksystemen und Qualitätsstufen basieren, ist das

Monitieren dieser Bestände auf der Basis von Abstammungsdaten für die Tierzuchtbehörde nicht ohne weiteres möglich.

Ziel dieser Arbeit war es deshalb, Empfehlungen zum methodischen Vorgehen der Tierzuchtbehörde für die Durchführung eines genetischen Monitorings bei Nutztierpopulationen in Sachsen zu geben. Voraussetzung dafür war die Erarbeitung eines Datenbankkonzeptes unter Einbeziehung der vorhandenen Datenhaltung und Datenlogistik für die sächsischen Leistungszuchtpopulationen und die gefährdeten alten Nutztierpopulationen bei Rind, Pferd, Schaf, Ziege und Schwein. Darauf aufbauend wurden die Datenlogistik für die Entwicklung der erforderlichen zentralen Datenbanken erarbeitet, entsprechende Schnittstellen programmiert, Verfahren zur Bestimmung der genetischen Diversität einschließlich Parameterschätzungen angepasst und erprobt sowie Vorschläge für das weitere Datenmanagement und zur Weiterentwicklung des Monitorings erarbeitet. Ergänzende Aufgabe war die Erfassung von bestehenden Nutzungsmöglichkeiten der alten existenzbedrohten Rassen in Deutschland und die Ableitung entsprechender Empfehlungen.

2 Literatur¹

2.1 Genetische Vielfalt

Genetische Vielfalt ist die natürliche Voraussetzung für Anpassung an räumlich und zeitlich wechselnde Anforderungen der Umwelt. Nutzpflanzen-, Forstpflanzen-, Nutztier- und Fischzüchtungen sind auf unterschiedliche Weise von der Einengung der genetischen Vielfalt betroffen. Grund dafür sind unterschiedlich verwendete Züchtungsmethoden und Unterschiede in der Reproduktionsbiologie der Organismen. In der Nutztierhaltung wurden aus Wildformen über viele Jahre Rassen gezüchtet. Damit kann hier nicht auf wildlebende Arten zurückgegriffen werden. Diese Situation beschränkt die Möglichkeiten der Erhaltung und Entwicklung tiergenetischer Ressourcen im Wesentlichen auf die sich in der Haltung befindlichen Populationen. Anders verhält es sich in der Forstpflanzen- und Fischzüchtung bzw. im eingeschränkten Maße bei der Nutzpflanzenzüchtung: Hier ist ein Rückgriff auf genetische Variation in verwandten, heimischen, züchterisch unbearbeiteten Wildformen noch möglich (GREGORIUS et al. 2004) Wegen der unterschiedlichen Ausgangslagen werden auch unterschiedliche Methoden zur Bestimmung genetischer Vielfalt benötigt.

IDEL (2006) fasst die gegenwärtigen Trends in der Tierzucht mit Auswirkungen auf die Agrobiodiversität wie folgt zusammen.

- Verlust der Variabilität innerhalb der Rassen
- Verlust der Variabilität zwischen den Rassen
- Bevorzugung von Hochleistungsrassen
- Ersatz/Verdrängung einheimischer durch Hochleistungsrassen/-linien
- zunehmender Einsatz künstlicher Fortpflanzungsmethoden

¹ Anmerkung Herausgeber: Ein Teil der hier recherchierten Daten sind inzwischen veraltet (v.a. Tab. 2-6), aber auf den Webseiten der entsprechenden Organisationen noch nicht aktualisiert.

- zunehmende Privatisierung der Tierzucht (Eigentumsrechte)
- Verlust von Zuchtwissen und Erfahrungen in der Landwirtschaft
- Mangel an freilandtauglichen Herkünften

War die konventionelle Tierzucht bis in die 1960er-Jahre auch in den Industrieländern durch eine große Diversität gekennzeichnet, so sind nach Schätzungen der FAO in den letzten 100 Jahren mit dem Schwerpunkt der letzten 30 bis 50 Jahre ca. 1 000 der anerkannten 6 400 Nutztierassen ausgestorben. Weitere 2 000 Rassen gelten als hoch bedroht und jede Woche verschwinden zwei lokale Rassen (SCHERF 2000 zit. bei IDEL 2006)

2.1.1 Gesetzliche Grundlagen (Tierzuchtgesetz)

Wie bereits in der Einleitung vermerkt, wurde mit der Novellierung des deutschen Tierzuchtgesetzes (TierZG) in der Ausgabe vom 22.12.2006 die Verantwortung des Staates für den Erhalt der genetischen Vielfalt durch die Beauftragung für ein Monitoring präzisiert. Wörtlich heißt es in § 1 (Anwendungsbereich des Gesetzes), Abs. 2:

(2) Im züchterischen Bereich ist die Erzeugung der in Absatz 1 bezeichneten Tiere, auch durch Bereitstellung öffentlicher Mittel, so zu fördern,

1. daß die Leistungsfähigkeit der Tiere unter Berücksichtigung der Vitalität erhalten und verbessert wird,
2. die Wirtschaftlichkeit, insbesondere Wettbewerbsfähigkeit, der tierischen Erzeugung verbessert wird,
3. die von den Tieren gewonnenen Erzeugnisse den an sie gestellten qualitativen Anforderungen entsprechen und
4. eine genetische Vielfalt erhalten wird.

In Abschnitt 3 „Erhaltung der genetischen Vielfalt“ werden die Durchführung des Monitorings und die entsprechenden Maßnahmen präzisiert.

2.1.2 Erhaltung der genetischen Vielfalt

Durch die o. g. Novellierung des TierZG und flankierende Beschlüsse der Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde (DGfZ) sowie die Aufstellung des Nationalen Fachprogramms "Tiergenetische Ressourcen" wurden die bereits von WERKMEISTER (2003) geforderten Maßnahmen zum Erhalt der genetischen Vielfalt und deren Berücksichtigung im TierZG umgesetzt.

Um die Situation gefährdeter Rassen zu verbessern, sollten nach WERKMEISTER (2003) im Tierzuchtgesetz folgende Punkte enthalten sein:

- Einrichtung eines nationalen Lenkungsgremiums (z. B. Fachbeirat) zur Koordination von Maßnahmen der Rassenerhaltung

- Festlegung von Grenzwerten für die Populationsgröße, ab der eine stärkere staatliche Einflussnahme aus Gründen der Erhaltung der Rasse angezeigt ist
- Einführung eines gesetzlich verankerten Meldesystems zum Populationsumfang an männlichen und weiblichen Zuchttieren an eine zentrale Stelle als Voraussetzung für die Überwachung und Steuerung der staatlichen Maßnahmen
- Verbesserung der züchterischen und wirtschaftlichen Produktionsbedingungen für Landwirte, die sich zur Haltung gefährdeter Rassen verpflichten
- Festlegung verbindlicher Kriterien für die Einlagerung von Tiersamen, Embryonen und Eizellen zur Rassenerhaltung.

Bei der Erhaltung gefährdeter Rassen durch lebende Zuchttiere bestehen nach SIMON (1992) folgende Risiken:

- Totalverlust der Rasse durch Seuche, Unfall oder Betriebsaufgabe,
- bewusste Änderung durch importierte Zuchttiere aus anderen Populationen,
- bewusste Änderung durch Selektion,
- unbewusste und ungesteuerte Änderung der Rasse durch Inzucht und genetische Drift infolge Paarung zwischen verwandten Tieren. Die Wahrscheinlichkeit dafür ist umso größer, je weniger Zuchttiere der Rasse zur Verfügung stehen.

Aus den genannten Gründen erfolgte in den Jahren 1995 bis 1999 durch die DGfZ die Erarbeitung von Empfehlungen zum Erhalt der Genetischen Vielfalt bei Haustieren für jedes Bundesland (GRAVERT 1999). Wesentliche Empfehlungen werden zur

- Förderstrategie bei den einzelnen Tierarten,
- gezielten Zusammenarbeit zwischen den Bundesländern und dem Ausland bei bestimmten Rassen,
- Anlage von Kryokonserven (Samen und Embryonen),
- gezielten Entwicklung und Förderung ganz besonders gefährdeter Vartierlinien

gegeben.

In Abbildung 1 wird darauf verwiesen, dass der Erhalt der Genetischen Vielfalt (bzw. Varianz) nicht nur zwischen den Rassen von Bedeutung ist, sondern auch die genetische Varianz innerhalb der Rassen und Populationen Beachtung finden muss, wobei letzteres auch oder ganz besonders unsere hochgezüchteten Leistungspopulationen betrifft.

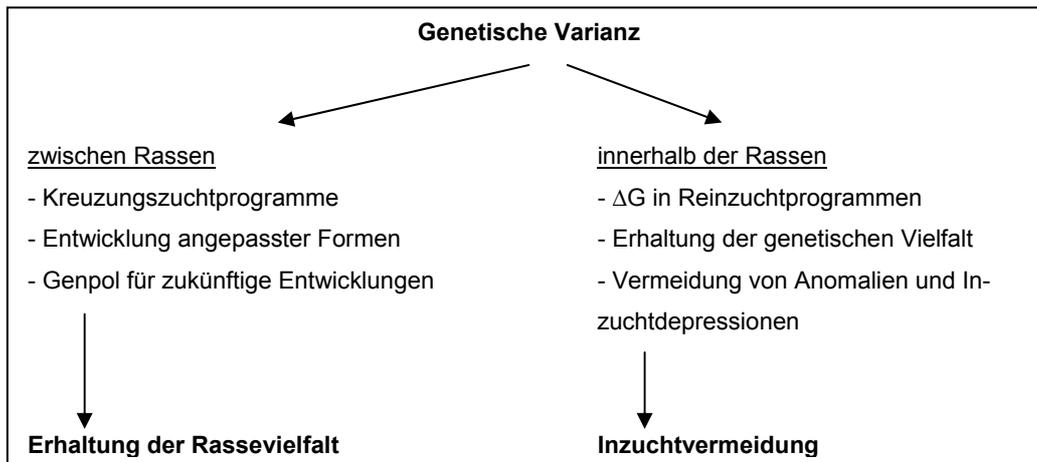


Abbildung 1: Zusammensetzung der genetischen Varianz (SIMIANER und WEIGEND 2005)

Um den von SIMON (1992) aufgezeigten Risiken zu begegnen, ist es erforderlich, vor allem Spermareserven anzulegen. Dies kann in zwei Formen geschehen:

Inaktive Spermareserve

Langzeitlagerung von Sperma zur Reaktivierung einer Rasse bei Totalverlust zur Erreichung einer N_e von 50 Tieren.

Aktive Spermareserve

zur laufenden Reproduktion der Rasse mit genügend Vatertieren des ursprünglichen Rassetyps, um damit die Gefahr einer bewussten und unkontrollierten genetischen Veränderung gering zu halten.

Tabelle 1 verdeutlicht vereinfachend, welche Größen Einfluss auf die genetische Diversität von Tierpopulationen und ihre tendenzielle Entwicklung haben.

Tabelle 1: Einschätzungshilfe für die Diversität von Tierpopulationen (IÖW et al. 2004)

negativ für Agrobiodiversität	Einschätzung Einflussgröße/Tendenz	positiv für Agrobiodiversität
wenig Tiere	Populationsgröße/Anzahl der weiblichen und männlichen Tiere insgesamt	viele Tiere
Abnehmend	Tendenz der Populationsgröße	zunehmend
wenige Väter im Einsatz	Zahl der Vatertiere (Verhältnis $N_m : N_w$ bestimmt die maximal zu erwartende N_e)	viele Väter im Einsatz
Abnehmend	Tendenz der N_e	zunehmend
Hoch	Verwandtschaftsgrad (R) innerhalb der Gesamtpopulation	niedrig
Zunehmend	Tendenz von R gesamt	abnehmend
Hoch	Verwandtschaftsgrad der Vatertiere untereinander (R_m)	niedrig
Zunehmend	Tendenz von R_m	Abnehmend
einseitig, wenige Merkmale	Zuchtziel	komplex, viele Merkmale
verengend auf weniger Merkmale (bis auf 1)	Zuchtzielentwicklung	komplexer werdend, mehr beachtend

m = männlich, w = weiblich, N = Anzahl

2.1.3 Nationales Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung tiergenetischer Ressourcen in Deutschland

Das „Nationale Fachprogramm“ enthält mehrere Handlungsfelder und Möglichkeiten des Erhalts genetischen Materials. Dies reicht von der Lebenderhaltung alter Rassen unter Laborbedingungen über die aktive Nutzung in der Landwirtschaft bis hin zur Kryokonservierung von Embryonen, Gameten und somatischen Zellen. Abbildung 2 fasst diese Möglichkeiten zusammen (SIMIANER UND WEIGEND 2005).

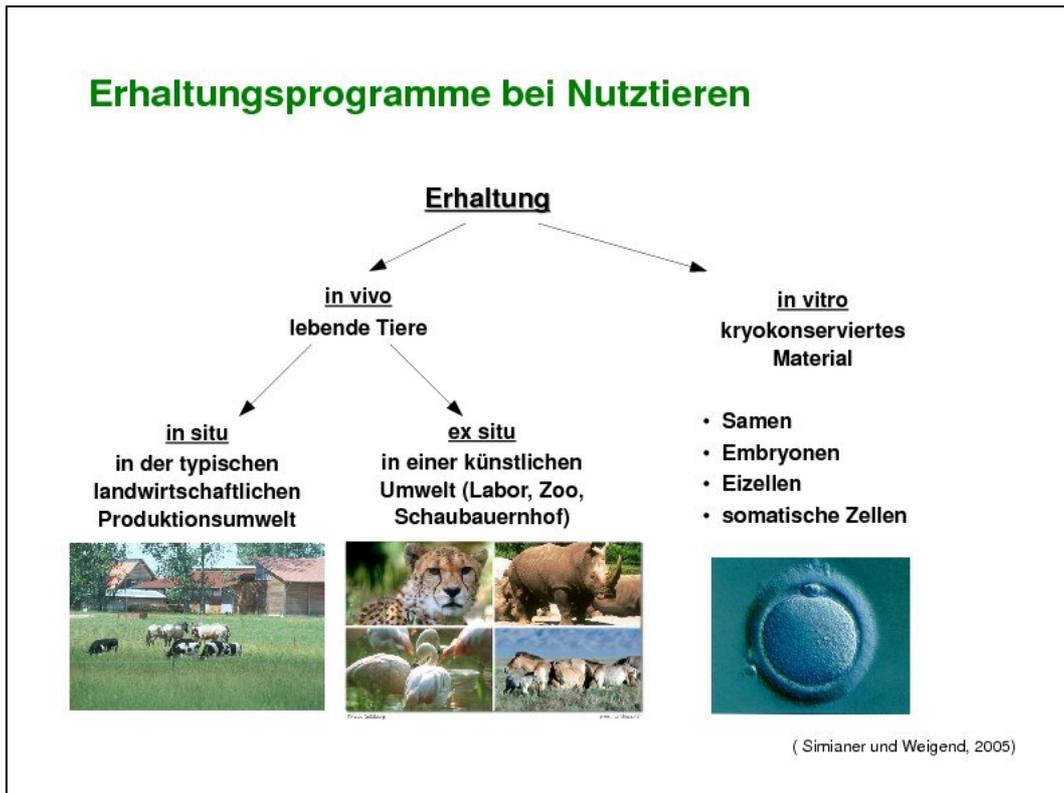


Abbildung 2: Systematik von Erhaltungszuchtprogrammen bei Nutztieren (SIMIANER UND WEIGEND 2005)

Der aktuelle Stand der Umsetzung des „Nationalen Fachprogramms“ stellen SIMIANER und WEIGEND (2005) wie folgt dar:

- ✓ Maßnahmenkaskade konzipiert
- ✓ Fachbeirat als beratendes und koordinierendes Gremium konstituiert
- ✓ Informationszentrum Biologische Vielfalt (IBV, ZADI) als zentrale Informations- und Dokumentationsstelle etabliert
- ✓ Erste Aktivitäten

ANGEFANGEN Bestandsmonitoring (Liste bei Großtieren, Weiterentwicklung der Werkzeuge)
Konzept für die Anlage einer Nationalen Kryokonserven erarbeiten
Kryokonservierungsprojekt bei Schafen (Scrapieresistenzzuchtprogramm)

Erste Projekte wurden zur Zusammenführung von Herdbuchdaten gestartet.

2.1.3.1 Gefährdungsgrad einheimischer Nutztierpopulationen

Um den Gefährdungsgrad einheimischer Nutztierpopulationen einschätzen zu können, wurde eine Berechnung der effektiven Populationsgröße auf der Basis der jeweils aktuellen Bestandszahlen im Rahmen der Tiergenetischen Ressourcen Deutschland (TGRDEU 2006) vorgenommen. Gemäß der Vorgabe im „Nationalen Fachprogramm zur Erhaltung und Nachhaltigen Nutzung Tiergeneti-

scher Ressourcen in Deutschland" erfolgte danach eine Einstufung in verschiedene Kategorien der Bestandsgefährdung.

Einteilung in Gefährdungskategorien:

PERH	Phänotypische Erhaltungspopulation	$N_e < 50$
ERH	Erhaltungspopulation (stark gefährdete Population, für die baldmöglichst ein Lebenderhaltungsprogramm begonnen werden sollte)	$N_e > 50$ und ≤ 200
BEO	Beobachtungspopulation (gefährdete Population, in der ein Kryokonservierungsprogramm durchgeführt werden sollte)	$N_e > 200$ und ≤ 1.000
NG	Nicht gefährdete Population (effektive Populationsgröße ist routinemäßig zu berechnen und zu dokumentieren)	$N_e > 1.000$
SYN	Synthetische Population	

Die Berechnung der effektiven Populationsgröße N_e erfolgt mit der Formel:

$$N_e = 4 \times \left(\frac{V_e \times M_e}{V_e + M_e} \right)$$

N_e	= Populationsgröße
V_e	= Anzahl männlicher Zuchttiere
W_e	= Anzahl weiblicher Zuchttiere

Das folgende Beispiel soll die Berechnung verdeutlichen:

Rasse:	Schweres Warmblut
Weibliche Zuchttiere:	1 140
Männliche Zuchttiere:	61

Die effektive Populationsgröße N_e beträgt bei der Rasse Schweres Warmblut 231,6 Tiere. In diesem Fall würde es sich um eine Beobachtungspopulation handeln, da die N_e zwischen 200 und 1 000 liegt. Die Definition von N_e und die Erläuterung der damit im Zusammenhang stehenden Probleme erfolgen in diesem Kapitel unter 2.2.4.5 und im Kapitel Material und Methoden unter 3.4.6.

In den folgenden Abschnitten sind die Bestandszahlen, die effektive Populationsgröße sowie die Eingruppierung in die jeweilige Gefährdungskategorie für die Tierarten Pferd, Rind, Schwein, Schaf und Ziege in Deutschland aufgelistet. Enthalten sind gefährdete Nutztierpopulationen und Leis-

tungszuchtpopulationen. Die Untersuchungen wurden durch die Zentrale Dokumentationsstelle Tiergenetischer Ressourcen in Deutschland (TGRDEU 2007) durchgeführt.

2.1.3.2 Situation in der Pferdezucht

Tabelle 2 gibt eine Übersicht zur Situation in der deutschen Pferdezucht. Immerhin erreichen sechs der aufgeführten Rassen nur noch den Status der phänotypischen Erhaltungspopulation, d.h. also eine effektive Populationsgröße von unter 50 und sind damit extrem in ihrem Fortbestand gefährdet. 10 Rassen sind in die zweitgefährdete Klasse, dem Erhaltungsstatus, eingestuft.

Tabelle 2: Bestandszahlen, effektive Populationsgröße (N_e) und Gefährdungskategorien für Pferderassen in Deutschland (TGRDEU 2007)

Rasse	Jahr	n wbl. Tiere	N_e	Kategorie
Rottaler Pferd	2005	0	0	PERH
Senner Pferd	2005	8	0	PERH
Sarvar/Leutstettener Pferd	2005	16	7	PERH
Pfalz Ardenner Kaltblut	2005	22	24	PERH
Alt-Württemberger	2005	55	28	PERH
Dülmener	2005	64	84	PERH*
Schw. Warmblut/ostf.-altold.	2005	161	58	ERH
Schleswiger Kaltblut	2005	190	104	ERH
Schwarzwälder Kaltblut	2005	873	203	ERH*
Sächs.-Thüring. Schw. Warmblut	2005	1.140	232	ERH*
Rheinisch Deutsches Kaltblut	2005	1.253	530	ERH*
Süddeutsches Kaltblut	2005	2.137	408	BEO
Ostpreuß. WB Trak. Abst	2005	3.693	690	NG*
Deutsches Reitpony	2005	6.512	2.687	NG
Dt. Sportpferd/ Reitpferd	2005	62.363	8.757	NG

Legende: n = Anzahl, wbl. = weiblich, WB = Warmblut

* unter Berücksichtigung zusätzlicher fachlicher Aspekte wurden diese Tierrassen abweichend von den oben dargestellten Gefährdungskategorien durch den Fachbeirat Tiergenetische Ressourcen eingestuft

2.1.3.3 Situation in der Rinderzucht

Ähnlich sieht die Situation bei Rindern aus. Hier befinden sich vier Rassen im extremsten Gefährdungszustand, während neun zum Erhaltungsstatus zählen (Tabelle 3).

Tabelle 3: Bestandszahlen, effektive Populationsgröße (N_e) und Gefährdungskategorien für Rinderrassen in Deutschland (TGRDEU 2007)

Rasse	Jahr	n wbl. Tiere	N_e	Kategorie
Ansbach-Triesdorfer	2000	25	4	PERH
Murnau-Werdenfelser	2005	129	23	PERH
Deutsches Shorthorn	2005	284	82	PERH**
Uckermärker	2005	2.229	253	PERH**
Doppelnutzung Rotbunt	2005	7.101	0	ERH**
Pinzgauer*	2005	404	24	ERH**
Rotvieh alter Angler Zuchtr.	2001	344	39	ERH**
Limpurger	2005	158	51	ERH**
Braunvieh alter Zuchtr.	2003	284	68	ERH
Dt. Sbt. Niederungsrind	2005	2.125	75	ERH**
Gelbvieh*	2005	5.002	155	ERH
Hinterwälder*	2005	668	179	ERH
Rotes Höhenvieh	2005	725	211	ERH**
Vorderwälder*	2005	4.663	822	ERH**
Glanrind	2005	600	251	BEO
Holstein-Rbt.	2005	150.459	863	NG**
Braunvieh	2005	149.783	4.329	NG
Fleckvieh*	2005	642.110	10.716	NG
Holstein-Sbt.	2005	1.485.729	27.532	NG

Legende: n = Anzahl, wbl. = weiblich

* Soweit für die Rassen Vorderwälder, Hinterwälder, Gelbvieh, Pinzgauer und Fleckvieh getrennte Zuchtbücher auch für die Zuchtichtung Fleischnutzung besteht, werden diese derzeit als getrennte Rassen ausgewiesen. Bei der Einstufung in Gefährdungskategorien war jedoch der Gesamtbestand je Rasse einschließlich der Zuchtichtung Doppelnutzung maßgebend.

** unter Berücksichtigung zusätzlicher fachlicher Aspekte wurden diese Tierrassen abweichend von den oben dargestellten Gefährdungskategorien durch den Fachbeirat Tiergenetische Ressourcen eingestuft

2.1.3.4 Situation in der Schweinezucht

Tabelle 4 verdeutlicht die Gefährdungssituation in den deutschen Schweinepopulationen, wobei bei dieser Tierart eine wesentlich geringere Rassenvielfalt zu verzeichnen ist als bei den anderen Haustierrassen. Zwei Erhaltungspopulationen (Husumer und Bentheimer) und eine Beobachtungspopulation (Deutsches Sattelschwein) sind hier die gefährdeten Populationen.

Tabelle 4: Bestandszahlen, effektive Populationsgröße (N_e) und Gefährdungskategorien für Schweinerassen in Deutschland (TGRDEU 2007)

Rasse	Jahr	n wbl. Tiere	N_e	Kategorie
Rbt. Husumer Schwein	2003	75	70	ERH
Bunte Bentheimer	2004	95	77	ERH
Deutsches Sattelschwein	2004	340	210	BEO
Deutsche Landrasse	2004	29.663	2.314	NG
Dt. Edelschwein (Large White)	2004	7.547	2.360	NG

Legende: n = Anzahl, wbl. = weiblich

2.1.3.5 Situation in der Schafzucht

Ein deutlich vielfältiges Rassespektrum ist bei den Schafpopulationen in Deutschland zu verzeichnen. Tabelle 5 zeigt den größten Rasseanteil im Beobachtungsstatus (14 Rassen), gefolgt von sechs Erhaltungspopulationen. Im phänotypischen Erhaltungstatus befinden sich das Alpine Steinschaf und das Leineschaf im ursprünglichen Typ.

Tabelle 5: Bestandszahlen, effektive Populationsgröße (N_e) und Gefährdungskategorien für Schafrassen in Deutschland (TGRDEU 2007)

Rasse	Jahr	n wbl. Tiere	N_e	Kategorie
Alpines Steinschaf	2004	138	19	PERH
Leineschaf ursprünglicher Typ	2004	587	47	PERH
Krainer Steinschaf	2004	242	71	ERH
Weißer gehörnte Heidschnucke	2004	701	166	ERH
Brillenschaf	2004	789	167	ERH
Waldschaf	2004	1.049	209	ERH*
Leineschaf	2004	1.579	224	ERH*
Blauköpfiges Fleischschaf	2004	502	218	BEO
Merinolangwollschaf	2004	5.532	226	BEO
Weißes Bergschaf	2004	1.215	276	BEO
Bentheimer Landschaf	2004	2.339	321	BEO
Weißer hornlose Heidschnucke	2004	2.894	323	BEO
Merinofleischschaf	2004	4.744	346	BEO
Braunes Bergschaf	2004	1.403	584	BEO
Weißköpfiges Fleischschaf	2004	1.745	656	BEO
Rhönnschaf	2004	6.655	796	BEO
Skudde	2004	2.850	817	BEO
Graue Gehörnte Heidschnucke	2004	5.041	843	BEO
Coburger Fuchsschaf	2004	4.994	876	BEO

Rasse	Jahr	n wbl. Tiere	N _e	Kategorie
Ostfriesisches Milchschaaf	2004	3.225	880	BEO
Rauhwooll. Pommer. Landschaaf	2004	3.551	966	BEO
Merinolandschaaf	2004	16.698	1.287	NG
Schwarzköpfiges Fleischschaaf	2004	15.402	1715	NG

Legende: n = Anzahl, wbl. = weiblich

* unter Berücksichtigung zusätzlicher fachlicher Aspekte wurden diese Tierrassen abweichend von den oben dargestellten Gefährdungskategorien durch den Fachbeirat Tiergenetische Ressourcen eingestuft

2.1.3.6 Situation in der Ziegenzucht

Bei den Ziegen wurden lediglich fünf Rassen auf ihren Gefährdungsgrad untersucht. Tabelle 6 weist als Erhaltungspopulationen die Braune Harzer Ziege, die Erzgebirgsziege und die Thüringer Wald Ziege aus.

Tabelle 6: Bestandszahlen, effektive Populationsgröße (N_e) und Gefährdungskategorien für Ziegenrassen in Deutschland (TGRDEU 2007)

Rasse	Jahr	n wbl. Tiere	N _e	Kategorie
Braune Harzer Ziege	2003	298	68	ERH
Erzgebirgsziege	2003	299	85	ERH
Thüringer Wald Ziege	2003	641	413	ERH*
Weißer Deutsche Edelziege	2003	3.784	842	NG*
Bunte Deutsche Edelziege	2003	5.476	1.149	NG

Legende: n = Anzahl, wbl. = weiblich

* unter Berücksichtigung zusätzlicher fachlicher Aspekte wurden diese Tierrassen abweichend von den oben dargestellten Gefährdungskategorien durch den Fachbeirat Tiergenetische Ressourcen eingestuft

2.1.4 Zucht tierbestände in Sachsen

Nachdem in den vorangegangenen Abschnitten eine Übersicht über die deutschen Nutztierpopulationen gegeben wurde, werden in den folgenden Tabellen die Zucht tierbestände in Sachsen und damit auch die Datenbasis für die vorliegenden Untersuchungen dargestellt. Ergänzt werden die Bestandsübersichten durch eine kurze Rasse- und Zuchtzielbeschreibung der in Sachsen als existenzbedroht geführten Haustierrassen.

2.1.4.1 Rinderbestand

Während der Gesamtrinderbestand und die Anzahl der Milchkühe seit 1995 rückläufig ist (Tabelle 7), hat die Anzahl der Mutterkühe und damit der Kühe der Fleischrassen stetig zugenommen (Tabelle 8). Die Rassenvielfalt ist bei den Fleischrindern in Sachsen ähnlich hoch wie im Bundesgebiet (Tabelle 3).

Tabelle 7: Entwicklung der Rinderproduktion in Sachsen (SÄCHSISCHER TIERZUCHTREPORT 2006)

Jahr	Rinderbestand	dav. Milchkühe	Ammen- und Mutterkühe	HB-Kühe
1992	630.254	249.080	15.488	110.053
1995	644.394	247.459	29.060	156.106
2000	548.982	213.986	37.004	151.391
2002	522.192	205.220	36.008	139.624
2004	502.817	201.213	36.835	136.060
2005	497.021	197.147	37.109	142.266
2006	483.588	191.342	36.655	133.793

Legende: HB = Herdbuch

Tabelle 8: Entwicklung der Herdbuchbestände bei Fleischrindern nach Rassen in Sachsen (SÄCHSISCHER TIERZUCHTREPORT 2006)

Rasse	1992	1995	2000	2002	2004	2005	2006	06/05
Charolais	258	829	953	899	954	1.000	1.016	+ 16
Blonde dAquitaine	47	54	52	61	50	88	112	+ 24
Fleckvieh-Fleisch	412	1.522	2.135	2.275	2.045	2.160	2.178	+ 18
Pinzgauer	101	118	143	61	14	15	15	0
Gelbvieh	-	10	50	103	163	140	136	- 4
Uckermärker	-	23	53	67	75	55	73	+ 18
Angus	190	1.545	1.768	2.017	1.714	1.648	1.661	+ 13
Limousin	139	583	1.147	1.360	1.530	1.765	1.783	+ 18
Red Lincoln	12	15	12	10	23	19	-	-
Luing	8	36	71	23	39	38	34	- 4
Hereford	66	434	777	651	719	616	669	+ 53
Salers	77	131	132	59	43	38	35	- 3
Highland	85	294	562	632	566	523	540	+ 17
Galloway	356	869	1.062	790	751	681	679	- 2
Dexter	-	-	17	19	25	21	23	+ 2
Rotes Höhenvieh	-	-	135	173	222	303	248	- 55
Piemonteser	-	-	5	14	10	10	13	+ 3
Aubrac	-	-	7	11	9	12	8	- 4
Welsh Black	-	-	-	-	6	6	8	+ 2
Pustertaler	-	-	-	15	9	15	24	+ 9
gesamt	1.757	6.275	9.091	9.240	8.967	9.153	9.255	+ 102

Rassebeschreibung des Roten Höhenviehs

(www.rotes-hoehenvieh.de)

Das Rote Höhenvieh ist ein mittelrahmiges, einfarbig rotbraunes, fleischbetontes Zweinutzungs- und Dreinutzungs- (Zug, Fleisch und Milch) Rind. Weitere Merkmale sind die gute Bemuskelung, ein helles Flotzmaul und die hellen Hörner mit dunkler Spitze. Neben der Genügsamkeit, Robustheit, Fruchtbarkeit und Langlebigkeit besitzt dieses Rind eine gute Mastfähigkeit und Schlachtkörperqualität. Die Jahresmilchmenge liegt etwa bei 4 000 kg mit 4,5 % Fett. (SAMBRAUS 1999).

Das Rote Höhenvieh ist eine Zusammenfassung der Rotviehschläge der deutschen Mittelgebirge. In dieser Region wurde schon seit langer Zeit ein kleines, genügsames, rotes Rind für die Dreinutzung (Zug, Fleisch und Milch) gezüchtet. Das Merkmal Arbeitstier war dabei ein wichtiges Kriterium, da sich die kleinstrukturierten bäuerlichen Betriebe Zugpferde gar nicht leisten konnten. Diese Rotviehschläge hießen je nach Ursprungsgebiet Harzer-, Vogelsberger-, Waldecker-, Sauer- und Siegerländer-, Schlesier-, Odenwälder-, Bayrisches-, Vogtländisches Rotvieh.

Um die Mitte des 19. Jahrhunderts begann man mit einer züchterischen Bearbeitung dieser Rassen. Zur Leistungssteigerung wurden allerhand Rassen, von denen sich die Züchter etwas versprochen, eingekreuzt. Die Ergebnisse zeigten aber bald, dass diese Kreuzungen für die im Mittelgebirge herrschenden Verhältnisse nicht zu gebrauchen waren. So züchtete man rein weiter, um die speziellen Leistungen des heimischen Rotviehs zu verbessern. 1911 vereinigten sich die verschiedenen Züchtervereine zum Verband Mitteldeutscher Rotviehzüchter. Es sollte ein einheitliches Zuchtziel angestrebt werden. Dies war eine logische Konsequenz daraus, dass natürlich schon immer ein Zuchttieraustausch zwischen den Rotviehschlägen bestanden hatte.

Bis zum 2. Weltkrieg gedieh die Zucht der einzelnen Schläge sehr gut. Mit der ab den 1950er-Jahren einsetzenden Motorisierung der Landwirtschaft wurde aber plötzlich ein Merkmal dieser Rassen unwichtig: Das Arbeits- und Zugtier hatte ausgedient. Der dann einsetzende Produktionsdruck in der Landwirtschaft versetzte dem Höhenvieh einen weiteren Tiefschlag. Um die Rasse „produktiver“ zu machen, wurden Niederungs-Rotvieh, zuerst Angler, später auch Dänisches Rind massiv eingekreuzt. Es fand eine Verdrängungszucht statt, die die roten Mittelgebirgsschläge verschwinden ließ. Anfang der 1980er-Jahre erinnerten sich einige Züchter des Vogelsberger Schlages und die Suche nach Restbeständen begann. 1985 schloss man sich mit Suchenden der anderen Schläge zum Verein zur Erhaltung und Förderung des Roten Höhenviehs e.V. zusammen. Weitere Tiere mit altem Blutanteil konnten gefunden werden. Ein glücklicher Umstand war das Wiederauftauchen von Spermia eines alten reinrassigen Rotviehbullen. Mit diesem Potenzial wurde ein Wiederaufbau des Roten Höhenviehs gestartet.

Heute werden diese Tiere häufig als Mutterkühe eingesetzt, wo sie sich auch in der Landschaftspflege hervorragend bewähren. Leider wird dabei natürlich nicht mehr auf ihre ehemaligen Qualitäten als Mittelgebirgsmilchkuh gezüchtet. So drohen diese ganz speziellen genetischen Anlagen doch noch verloren zu gehen (VIEH-EV 2007).

Kurzbeschreibung des Vogtländischen Rotviehs:

Kennzeichen:

Mittelgroßes und gedrungenes, einfarbig rot bis rotbraunes Rind mit hellem Flotzmaul und Augenrändern.

Verbreitung:

Sachsen, Vogtland und Egerland.

Herkunft:

Schon im 18. Jahrhundert erwähnt. Bis Mitte des 19. Jahrhunderts einzige Rasse im Vogtland. 1897 Gründung als erste Herdbuchgesellschaft Sachsens. 1904 erste Milchkontrolle. 1935 staatliche Aberkennung und Erklärung des Vogtlandes als Fleckviehzuchtgebiet.

Eigenschaften/Leistung:

Dreinuezungstyp; widerstandsfähig und anspruchslos; brachte als Zugtier 3 000 kg Milch mit bis zu 5 % Fett. Ende der 60er-Jahre durchschnittlich über 4 000 kg bei 4 % Fett und Weidezunahmen um 650 g/Tag. Hohe Fleischqualität.

Besonderheiten:

Erhaltung letzter Individuen durch illegale Spermaeinfuhr von Roten Höhenvieh- und Harzer Bullen in die ehemalige DDR (1989) und damit Aufbau einer Zuchtgruppe Vogtländisches Rotvieh.

Bestand:

40 Tiere des Vogtländischen Rotviehs mit unterschiedlichen Genanteilen.

Gefährdungsgrad:

Kategorie I (extrem gefährdet) (Vogtländisches Rotvieh) laut der Roten Liste der Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen (GEH 2007)

Der Arbeitsausschuss zur Erhaltung der genetischen Vielfalt der DGfZ empfiehlt für Sachsen, die Abstimmung mit den anderen Bundesländern zum Erhalt bestimmter Bullenlinien und die Koordination des Bulleneinsatzes über den Verein zur Erhaltung und Förderung des Vogtländischen Rotviehs e.V. zu koordinieren. Mittlerweile hat dies die Bundesarbeitsgemeinschaft Rotes Höhenvieh übernommen und führt dazu eine Internetplattform (www.Rotes-Hoehenvieh.de).

2.1.4.2 Schweinebestand

Bei der Betrachtung der Herdbuchbestände in Sachsen (Tabelle 9) wird deutlich, dass das Sattelschwein als allein sächsische Population keine Überlebenschancen hätte. Nur durch bundesweite gemeinsame Zuchtarbeit ist diese alte Kulturrasse für die Nachwelt und als eventueller zukünftiger Kreuzungspartner zu erhalten.

Tabelle 9: Entwicklung der Herdbuchbestände bei den Schweinerassen in Sachsen (SÄCHSISCHER TIERZUCHTREPORT 2006)

Rasse		Mitteldeutscher Schweinezuchtverband e.V.			
		2005	dav. Sachsen	2006	dav. Sachsen
Deutsche Landrasse (DL)	Sauen	5.363	4.022	4.997	3.811
	Eber	31	31	25	25
	Betriebe	23	13	22	12
Large White (LW)	Sauen	977	131	974	133
	Eber	68	60	62	51
	Betriebe	11	5	12	8
Deutsches Pietrain (Pi)	Sauen	78	42	98	59
	Eber	299	297	299	297
	Betriebe	9	4	8	4
Deutsches Sattelschwein	Sauen	34	32	32	30
	Eber	5	5	3	3
	Betrieb	12	11	13	12
Duroc (Du)	Sauen	30	26	33	21
	Eber	8	8	11	11
	Betriebe	3	1	2	1
Leicoma (Lc)	Sauen	384	26	408	-
	Eber	6	8	6	2
	Betriebe	5	1	3	-

Rassebeschreibung des Deutschen Sattelschweins

(GEH 2007)

Das Zuchtziel ist seit 1992 für alle Züchter der Sattelschweine (DS, AS, SH) bindend. Zuchtziel ist eine widerstandsfähige, langlebige, milchergiebigere Sau von sehr großer Fruchtbarkeit und mit besten Muttereigenschaften ausgestattet. Sie soll frohwüchsig und großrahmig sein, eine gute Futterverwertung sowie bei ausreichender Bemuskelung eine hervorragende Fleischbeschaffenheit aufweisen und für alle Haltungsformen einschließlich Weidehaltung geeignet sein. Dem MHS-Gentest sind alle Zuchttiere zu unterziehen. Für die Reinzucht sollten nur stressstabile, also NN-freie Tiere verwendet werden. An das äußere Erscheinungsbild werden folgende Anforderungen gestellt:

Mittellanger Kopf mit mäßig eingesatteltem Gesichtsprüfil, die Stirn zeigt i. d. R. eine Runzelung, Schlappohren; lange breite Schulter und gute Verbindung, tiefe und breite Brust, Rücken zum Kreuz um etwa 5 cm gegenüber der Widerristhöhe ansteigend, Becken mäßig abfallend, aber breit, Schinken geräumig; Gliedmaßen gut gestellt, trocken und stabil; Gesäuge gut ausgeprägt und drüsig, nicht unter 14 gut entwickelte und gleichmäßig verteilte Zitzen; Vorderhand und Hinterhand

schwarz, mit weißer Mittelhand, die Anteile „schwarz“ und „weiß“ können verschieden sein, weiße Haare auf weißer Haut, schwarze Haare auf schwarzer Haut, Säumungsstreifen beim Übergang weiße Haare auf schwarzer Haut; ausschließende Merkmale sind Blesse, schwarze Punkte, gänzlich schwarze Tiere; durchschnittlich 10 aufgezogene Ferkel je Wurf.

Sattelschweinzüchter können vom Verkauf der Reinzuchttiere nicht leben, deshalb wurden 1990/91 Kreuzungspaarungen Sattelschwein x DE; BL; Pi-Eber betreffs Mast- und Schlachtleistung geprüft. Es konnte nachgewiesen werden, dass eine besonders gute Kreuzungseignung Pi x DS besteht. Das Fleisch-Fett-Verhältnis dieser Kreuzungstiere war besser, der Muskelfleischanteil lag bei 55 %, und es zeigen sich durchgängig gute bis sehr gute Fleischqualitäten (pH 1 Kot. 6.00-6,40, LF 1 Kot. 3,0-3,9). Die Robustheit, die guten Muttereigenschaften und die nachgewiesene gute Kreuzungseignung mit Pietrainebern sind günstige Voraussetzungen dafür, das Sattelschwein in alternativen Haltungsformen zu nutzen. Voraussetzung aber ist der Erhalt der vorhandenen Reinzuchtbasis und die enge Zusammenarbeit mit den Sattelschweinzüchtern in Schwäbisch Hall und Angeln. Hinsichtlich des Gefährdungsgrades sind sie in die Kategorie I (extrem gefährdet) in der Roten Liste der GEH eingestuft.

Für Sachsen wird von der DGfZ empfohlen, von allen lebenden Besamungsebern Spermakryokonserven anzulegen und die Zusammenarbeit mit den anderen Sattelschweinpopulationen in der bundesweiten Arbeitsgruppe der Sattelschweinzüchter auszuweiten. Kreuzungszuchten sollten im Interesse der Bestandserhöhung und der besseren Vermarktungsfähigkeit weiterhin zugelassen werden.

2.1.4.3 Pferdebestand

Die Hengstbestände verzeichnen bei allen Rassen eine stabile Entwicklung. Beim existenzbedrohten Kaltblut ist ein leichter Bestandsaufbau im Hengstbereich zu registrieren, was dem Erhalt und der Erhöhung der effektiven Populationsgröße der Rasse zu Gute kommt (Tabelle 10).

Tabelle 10: Entwicklung der Hengstbestände in Sachsen (SÄCHSISCHER TIERZUCHTREPORT 2006)

Rasse	2003	2004	2005	2006
Reitpferd	57	63	75	79
Schweres Warmblut	24	28	37	36
Kaltblut	15	14	17	18
Andere Großpferde	-	-	3	6
Haflinger	17	17	20	20
Deutsches Reitpony	14	12	15	15
Andere Ponyrassen	27	29	28	15
Shetlandpony	58	59	59	55
gesamt	212	222	254	252

Die in Tabelle 11 aufgeführten Kennzahlen zu Bedeckungen und Besamungen geben ein realistischeres Bild zur Gesamtsituation bei den einzelnen Rassen als reine Bestandszahlen. Dabei gab es bei den Rassen Reitpferd, Schweres Warmblut und Haflinger einen leichten Rückgang der Bedeckungen und Besamungen, während sich wiederum beim Kaltblut eine positive Entwicklung der in der Vergangenheit z. T. bedenklichen Zahlen abzeichnete. Nachfolgend stehen einige Informationen zur Zuchtgeschichte des Kaltbluts und des Schweren Warmbluts als bedrohte bzw. ehemals bedrohte Pferderassen in Sachsen.

Tabelle 11: Entwicklung der Bedeckungen/Besamungen sowie der eingetragenen Zuchtstuten bei den einzelnen Pferderassen in Sachsen (verändert nach (SÄCHSISCHER TIERZUCHTREPORT 2006))

Rasse	Anzahl Bed./				Entwicklung	Zuchtstut.- bestand	Bed.-/ Bes. rate
	Bes. Stute						
Jahr	2003	2004	2005	2006	05/06	2006	2006
Reitpferd	737	707	818	772	- 5,6 %	1.397	56,5 %
Schweres WB	486	488	510	450	- 11,8 %	731	61,6 %
Kaltblut	114	117	89	108	+ 21,3 %	165	65,4 %
Haflinger	172	186	188	166	- 11,7 %	419	39,6 %
Dt. Reitpony	66	87	100	90	- 10,0 %	219	41,1 %
Welsh		44	47	52	+ 10,6 %	66	78,8 %
Shetland	187	178	163	168	+ 3,1 %	342	49,1 %
gesamt	1.839	1.850	1.915	1.808	- 5,6 %	3.339	45,9 %

Legende: WB = Warmblut, Bed. = Bedeckung, Bes. = Besamung

Rassebeschreibung des Rheinisch-Deutschen Kaltbluts

(GEH 2007)

Die heute auf Basis Belgischer bzw. Rheinisch-Deutscher Abstammung gezüchteten Kaltblüter zeigen in allen neun Zuchtgebieten den Typ des Kaltblutpferdes, der auch zu Zeiten der Hochzucht dieser Rasse gefragt war. Kaliber und Rahmen liegen heute etwas unter den imposanten Maßen der belgischen Ahnen. Ausgesprochener Kaltblutadel mit einem trockenen Gesichtsausdruck und nicht zu viel Behang kennzeichnet heute diesen eher mittelschweren Kaltblüter. Ein harmonisches, korrektes Exterieur mit trockenen, klaren Gelenken und ebensolchem Fundament wird heute bei der Rheinisch-Deutschen Zuchtrichtung gewünscht. Die Bewegungen sollen raumgreifend und flüssig sein. Großer Wert wird auf eine gute Bewegung im Trab gelegt. Leichtfuttrigkeit, guter Charakter und angenehmes Temperament sowie Arbeitswilligkeit sind die hervorstechenden Merkmale dieser Rasse.

Das gewünschte Stockmaß liegt heute zwischen 159 und 167 cm mit einem Röhrbeinmaß von 25 bis etwa 29 cm. Die Lebendgewichte liegen etwa zwischen 720 und 850 kg.

Bei den Farbschattierungen sind in den ostdeutschen Zuchten die verschiedenen Schimmelvariationen mit einem großen Anteil vertreten, während im westdeutschen Raum sehr häufig die Fuchse, bevorzugt mit hellerem Langhaar, und in jüngster Zeit die braunen Rassevertreter die Mehrzahl bilden. Dunkelbraune, Rappen und die früher so sehr gesuchten Rappschimmel finden sich nur noch selten bei den Kaltblütern auf Rheinisch-Deutscher Grundlage.

Der heutige Verwendungszweck dieses Kaltblutes hat sich ziemlich verändert. Vom schwersten Schrittzugpferd, mit vorrangiger Verwendung in intensivsten Ackerbaubetrieben und im schweren Fuhrgeschäft für die Industrie, erfolgte der Wandel zu einem mittelschweren Kaltblüter, der einen Teil seiner Arbeit nun im Trab erledigen muss. Heute gehören die bestandsschonende Arbeit im Forst und der Freizeitbereich mit Planwagen- und Ausflugsfahrten sowie der private Hobbybereich zu den Hauptaufgaben dieser Kaltblutrassen. Vereinzelt erfolgt wieder ein Einsatz in der Landwirtschaft wie z. B. in Spezialkulturen, Gartenbau- und Baumschulbetrieben für Pflegearbeiten, für die diese Rasse durch ihre Kraft, Ausdauer und die Bereitschaft zum Mitmachen (Arbeitswille) sehr gut geeignet ist.

Seit 2004 wird von den deutschen Pferdezuchtverbänden ein gemeinsames Zuchtbuch für die Rasse des Rheinisch-Deutschen Kaltblutes geführt, in das die folgenden Rassen eingingen: Altmärker Kaltblut, Kaltblut der DDR, Mecklenburger Kaltblut, Niedersächsisches Kaltblut, Westfälisches Kaltblut und Sächsisch-Thüringisches Kaltblut. Der Gesamtbestand in Deutschland beläuft sich auf ca. 1 300 Zuchtstuten und 170 Hengste.

Die Empfehlungen der DGfZ für Sachsen liegen bei dieser Rasse in der Konsolidierung des Stutenbestandes durch gezielte Förderung sowohl der Haltung als auch des Einsatzes in der Forstwirtschaft zur gezielten Bedarfserhöhung und in der Zusammenarbeit mit anderen Zuchtgebieten. Gleichzeitig sollten von bestimmten nicht zu erhaltenden Hengstlinien Spermakryokonserven angelegt werden.

Rassebeschreibung des Schweren Warmbluts

(GEH 2007)

Obwohl das Schwere Warmblut mittlerweile von der Liste der bedrohten Rassen genommen werden konnte, soll hier kurz auf die Zuchtgeschichte eingegangen werden, da die Rasse beispielgebend für den Erhalt durch Nutzung ist.

Bis ins vorige Jahrhundert hinein lag ihr Einsatzgebiet in der Landwirtschaft auf mittelschweren Böden und im Fuhrgewerbe. Die Armee nutzte schwere Warmblüter als Trosspferde und für die bespannte Artillerie. Mit der sinkenden wirtschaftlichen Bedeutung des Pferdes gingen auch die Bestände dieser klassischen Kutschpferderasse rapide zurück. Im Jahre 1923 wurden beide Stutbücher vereint und zur Erhärtung der Reinzucht geschlossen. Man orientierte sich auf ein mittelrahmiges, starkknochiges und leichtfuttriges Arbeitspferd. Nach dem Zweiten Weltkrieg setzte eine Veredlungsphase mit Hilfe von Arabischen und Englischen Vollblütern sowie einem Anglo-

Normannen ein. Ab Mitte der sechziger Jahre muss die angewandte Zuchtmethod im Hochzuchtgebiet als vielseitige Kombinationszüchtung bezeichnet werden, welche die Umstellung auf ein elegantes Reitpferd beinhaltete. Im Jahre 1971 wurde der letzte Beschäler klassischer Blutführung aus der Zucht genommen. Die heute in Deutschland existierenden Schweren Warmblutbestände rekrutieren sich im Wesentlichen aus den ehemaligen Nachzuchtgebieten Sachsen und Thüringen. Dort setzte der Umzüchtungsprozess zum Reitpferd später als im Hochzuchtgebiet ein. Im Laufe der sechziger Jahre nahmen die Bestände an Schweren Warmblutstuten auch in Sachsen und Thüringen stark ab, bis es zum völligen Erliegen der Zucht kam. In den Jahren 1975/76 deckten weder in Sachsen noch in Thüringen Schwere Warmbluthengste. Dank des engagierten Eintretens von Züchtern, Zuchtleitung und insbesondere der damaligen Landstallmeisterin von Moritzburg, Dr. Herta Steiner, wurden die abgekörten Hengste nicht kastriert und verdienten als Kutschpferde weiter ihren Hafer, so dass 1977 erstmals wieder drei Hengste auf Station gingen. Unter ihnen befand sich der 1962 in Oldenburg geborene „Eros“, der noch bis 1986 im Deckeinsatz war. Mit insgesamt 10 Althengsten und den noch vorhandenen Stuten wurde die Rasse „reaktiviert“. Die erste Hengstkörung nach der Zuchtpause fand 1981 statt.

Ruhiges Temperament und Zugwilligkeit, Leichtfuttrigkeit und eine bestechende Gangmechanik bestimmten die Zuchtziele des Schweren Warmblutpferdes seit zwei Jahrhunderten. Sie ermöglichen heute den vorzugsweisen Einsatz dieser Pferde vor dem Wagen, ob nun im Fahrsport oder als repräsentatives Gespann. Auch unter dem Sattel zeigt sich der Schwere Warmblüter als geeignet. Sein ruhiges Temperament lässt ihn beim therapeutischen Reiten und im Freizeitsport zum Einsatz kommen. Die genannten Eigenschaften führten dazu, dass diese Rasse sich bestandsmäßig soweit erholte, dass sie von der Liste der geförderten bedrohten Haustierrassen in Sachsen gestrichen werden konnte. Trotzdem empfiehlt der DGfZ-Ausschuss das Anlegen von Kryokonserven für bestimmte Hengstlinien, um damit die genetische Diversität dieser Rasse langfristig zu sichern.

2.1.4.4 Ziegenbestand

Bei der Betrachtung der Tabelle 12 fällt auf, dass nach der Weißen Deutschen Edelziege als wichtigste Rasse in Sachsen mit über 1 000 Herdbuchtieren die als existenzbedroht eingestufte Thüringer Wald Ziege mit 141 Herdbuchtieren folgt. Das ist als positiv zu bewerten, da nur mit eingetragenen Tieren eine entsprechend effektive Erhaltungszuchtarbeit gewährleistet ist.

Tabelle 12: Herdbuchbestände bei den Ziegenrassen in Sachsen (SÄCHSISCHER TIER-ZUCHTREPORT 2006)

Rasse	2003		2004		2005		2006	
	A	B	A	B	A	B	A	B
Weißer Deutsche Edelziege (WDZ)	10	1.737	10	2.135	6	1.550	3	1.191
Anglo-Nubier-Kreuzung (ANK)							19	30
Bunte Deutsche Edelziege (BDE)	21	359	19	232	17	280	2	109
Thüringer Wald Ziege (TWZ)	11	83	11	98	10	92	11	141
Holländer Schecke (HS)	5	14	6	16	3	5	3	9
Walliser Schwarzhalsziege (WSZ)	1	5	1	5	2	2	3	6
Burenziege (BU)	9	46	9	41	9	56	11	65
gesamt	57	2.244	56	2.527	47	1.985	55	1.823

Legende: A = Anzahl Züchter, B = Anzahl der Ziegen

Rassebeschreibung der Thüringer Wald Ziege

Die Thüringer Wald Ziege entstand um die Jahrhundertwende in Thüringen aus bodenständigen thüringischen Landschlägen, in die über einen begrenzten Zeitraum Schweizer Toggenburger Ziegen eingekreuzt wurden. Das Hauptverbreitungsgebiet ist Thüringen, es existieren jedoch nennenswerte Bestände über die gesamte Bundesrepublik verteilt.

Die Thüringer Wald Ziege ist mittelgroß, sowohl kräftige als auch feingliedrige Tiere kommen vor, wie auch gehörnte und ungehörnte Tiere. Das Haarkleid ist kurz und glatt anliegend. Die Farbe erstreckt sich von hell- bis dunkelschokoladenbraun ohne Anflug von Fuchsfarbe und ohne Aalstrich, vereinzelt kommen auch schwarze Tiere vor. Die typische Kennzeichnung kommt zum Ausdruck an der ausgeprägten Gesichtsmaske mit den von der Überaugengegend bis zur Oberlippe weißen Streifen, weiß gesäumten Ohren und Maul, weißem Spiegel und weißen Unterbeinen.

Als weitere Rassemerkmale werden herausgestellt: Eine besondere Widerstandsfähigkeit und Anspruchslosigkeit, der Einsatz in der vorwiegend milchbetonten Doppelnutzung (Milch und Fleisch) sowie in der Landschaftspflege, saisonale Brunst mit einer Lammung pro Jahr (i.d.R. Zwillingengeburt, Drillingsgeburt sind jedoch nicht selten) und eine Milchleistung von 700 bis 1 000 kg mit durchschnittlich 3,5 % Fett. (LANDESVERBAND THÜRINGER ZIEGENZÜCHTER E.V. 2008)

Da die Thüringer Wald Ziege insgesamt eine akzeptable Bestandsentwicklung sowohl in Sachsen als auch in Thüringen genommen hat, empfiehlt der DGfZ-Ausschuss lediglich die Weiterführung der Förderung.

2.1.4.5 Schafbestand

Auch bei den Schafbeständen haben die beiden existenzbedrohten Rassen Skudde und Leineschaf sowohl bestandsmäßig als auch bei der Züchterschaft eine positive bzw. stabile Entwicklung

gemacht. Problematischer sieht es beim Merinofleischschaf aus, das mittlerweile auch als gefährdet gilt und über dessen Förderung in Sachsen neuerdings debattiert wird. Lediglich drei Züchter widmen sich dieser Rasse, was für den Erhalt aus Sicherheitsgesichtspunkten problematisch erscheint (Tabelle 13).

Tabelle 13: Herdbuchbestände bei den Schafrassen (SÄCHSISCHER TIERZUCHTREPORT 2006)

Rasse	2003		2004		2005		2006	
	A	B	A	B	A	B	A	B
Merinolandschaf (MLS)	4	664	3	578	3	651	3	569
Merinofleischschaf (MFS)	3	950	3	924	3	823	3	362
Schwarzköpfl. Fleischsch. (SKF)	7	619	9	680	9	643	10	619
Weißköpfliges Fleischsch. (WKS)	1	20	1	28	1	29	1	43
Suffolk (SUF)	8	509	7	529	6	492	8	517
Texel (TEX)	5	124	5	117	5	84	6	98
Charollais (CHA)	1	3	-	-	1	8	1	6
Dorperschaf (DOS)	2	52	3	60	3	59	3	106
Skudde (SKU)	19	166	21	193	22	228	20	221
Leineschaf (LNS)	10	206	10	245	11	271	12	315
Pommersches Lands. (RPL)	3	86	2	39	1	34	1	29
Rhönischaf (RHO)	4	59	3	45	3	49	3	47
Ostfriesisches Milchs. (WOM)	32	848	28	769	26	717	25	618
Kamerunschaf (KMS)	7	70	6	54	6	67	6	53
Gr. Gehörn. Heidschn. (GGH)	2	64	2	58	2	49	2	45
Boorolablütiges MFS (BOO)	1	50	1	37	1	37	1	29
Shropshireschaf (SHR)	4	38	3	28	5	37	6	37
Braunes Bergschaf (BBS)	1	16	1	19	1	29	1	27
Coburger Fuchsschaf (COF)	-	-	2	83	2	86	3	88
Gotländisches Pelzsch. (GPS)	8	55	7	54	3	35	2	23
Jacobschaf (JAS)	3	12	3	16	4	25	4	26
Waldschaf (WAD)	1	22	-	-	1	4	1	5
Wall. Schwarznasens. (WNS)	-	-	1	7	1	10	3	7
Oussant (OUS)	54	13	1	7	6	59	5	76
Nolana Kreuz.prod. (NOK)	1	109	1	258	1	147	1	136
Berichon du Cher (BDC)	-	-	-	-	1	5	1	5
Gesamt	130	4.755	127	4.855	128	4.678	132	4.107

Legende: A = Anzahl Züchter, B = Anzahl der Schafe

Rassebeschreibung der Skudde

(AID 2008; GEH 2007)

Die Skudden sind eine kleinrahmige, ursprüngliche Landschaftsrasse. Sie ist die kleinste deutsche Schafrasse, sehr anspruchslos, robust und widerstandsfähig. Wegen ihrer Anspruchslosigkeit eignet sie sich im Rahmen der Landschaftspflege besonders für Flächen mit geringem Nährstoffangebot unter rauen Klimabedingungen.

Die Tiere sind meist weiß bis grau/weiß, auch rostfarben, vorwiegend an Kopf und Beinen. Die Böcke haben ein Schneckengehörn, die weiblichen Tiere variieren von Hornlosigkeit über Hornstummel bis zu kleinen Hörnern, die mitunter abgestoßen werden. Ursprünglich war diese Rasse in Ostpreußen und im Baltikum verbreitet. Sie wurde in ihrem Ursprungsgebiet kaum züchterisch bearbeitet. Der jetzige Bestand geht im Wesentlichen auf Tiere zurück, die vor dem Ende des Zweiten Weltkrieges aus Ostpreußen und Litauen nach Deutschland kamen. Die Rasse ist vom Aussterben bedroht.

Die Skudde produziert eine gute Fleischqualität und das gleicht bei Schlachttieren das geringere Gewicht aus. Das Fleisch muss langsam und artgerecht wachsen, keinesfalls sollten die Tiere gemästet werden. Die ideale Weide für diese genügsamen Schafe zeigt vielfältigen Bewuchs und bietet Möglichkeiten der Selektion aus Kräutern, Gräsern und Sträuchern. Skudden verbeißen Brennnesseln und Disteln genau wie Schlehe, Weißdorn oder Brombeeren auf verbuschten Flächen. Hingegen werden Blütenpflanzen oft stehen gelassen, solange anderes Futter vorhanden ist (auch Orchideen werden eher durch Tritt als durch Biss geschädigt). Skudden sind widerstandsfähig gegen Klauenkrankheiten und Parasiten. Die derzeit übliche Ablammrate liegt bei 130 %, die Zwischenlammzeit bei ca. acht Monaten. Jungtiere werden erst bei Erlangen der vollen Geschlechtsreife in der Herde gedeckt. Geburtsschwierigkeiten sind bei Skudden selten, gutes Mutterverhalten dagegen die Regel. Skudden sind standorttreu, sie werden vornehmlich als Koppelschafe gehalten.

Die DGfZ empfiehlt für die Skudde in Sachsen die Weiterführung der Förderung mit dem Schwerpunkt der Unterstützung der Bockhaltung, um die notwendige genetische Breite in den Vatertierlinien zu erhalten.

Rassebeschreibung des Leineschafs

(AID 2008; GEH 2007)

Das Leineschaf alten Typs muss in Deutschland als nahezu ausgestorben gelten. Einkreuzungen in der Mitte der 60er-Jahre mit den milchergiebigeren Ostfriesischen Milchschaften und den fleischigeren Texelschafen führten zu einem neuen Typ des Leineschafes. Die heute existierenden etwa 20 Zuchtbetriebe halten ausschließlich dieses „neue Leineschaf“.

Überlebt hat diese Verdrängungskreuzung in Deutschland lediglich eine kleine Zuchtgruppe aus dem Erfurter Zoo sowie wenige Einzeltiere. Der Naturschutzbund Landesverband Sachsen hat eine

kleine Zuchtgruppe zur Beweidung extremer Sonderstandorte vom Tierpark Erfurt ausgeliehen und beobachtet deren Eignung aus naturschützerischer Sicht.

Die GEH ist bemüht, Restbestände einst nach Polen exportierter Leineschafe zu finden und gegebenenfalls in ein Erhaltungszuchtprogramm zu integrieren.

Als Marsch- und Koppelschaf gehörte es zu den robusten und anspruchslosen Landrasseschlägen. Das Leineschaf ist ein mittel- bis großrahmiges Schaf, mit weißer, zum Teil rötlich schimmernder Wolle, einem langen, feinen, spärlich behaarten Kopf. Die Ohren sind lang und glatt und hängen leicht abwärts. Der Kopf ist hornlos und unpigmentiert. Das Leineschaf ist frohwüchsig, marschfähig und überzeugt mit vielseitigen Leistungseigenschaften. Weibliche Tiere wiegen zwischen 55 - 65 kg bei einer Widerristhöhe von 70 - 75 cm, die männlichen zwischen 100 - 125 kg bei 80 - 85 cm Höhe. Die Jahreswollmenge erreicht im C-D-Sortiment 3,5 - 4 kg bei den Muttertieren und 6 - 7 kg bei den Böcken. Die Ablammergebnisse bei saisonaler Brunst liegen beim alten Leineschaftyp mit 112 - 130 % deutlich niedriger als beim neuen Typ. Die Fleischleistung wird als gut bezeichnet.

Für das Leineschaf empfiehlt die DGfZ gleichfalls die Fortsetzung der Förderung und zusätzlich eine verstärkte Zusammenarbeit mit Polen und Tschechien im Hinblick auf Importe aus diesen Ländern.

2.1.4.6 Scrapie-Genotypisierung beim Schaf

Scrapie hat insofern für den Rasseerhalt bei Schafen eine Bedeutung, als dass sich die Anfälligkeit für die Prionenerkrankung auf bestimmte Landrassen konzentriert und damit ein zusätzliches Gefährdungspotenzial durch Sanierungsmaßnahmen entstehen kann.

Scrapie (von engl. scrape kratzen, schaben, auch Traberkrankheit - Paraplegia enzootica -, seltener auch G nubberkrankheit, Wetzkrankheit oder Rida genannt), ist eine übertragbare, langsam tödlich verlaufende Erkrankung des Gehirns (Enzephalopathie). Sie tritt bei Schafen und seltener auch bei Ziegen auf. Sie wird höchstwahrscheinlich durch fehlgebildete Eiweiße (Prionen) hervorgerufen. Scrapie gehört zu den übertragbaren (transmissiblen) spongiformen Enzephalopathien (TSE), ist potenziell auch für den Menschen gefährlich und ist wie alle TSE eine anzeigepflichtige Tierseuche. Der Übergang des Erregers auf das Rind wird als Ursache für das Auftreten der BSE angesehen. 2005 gab es in Deutschland 27 bestätigte Scrapie-Fälle.

Das krankhafte Prion kommt im Zentralnervensystem, Gehirnwasser, in Mandeln, Lymphknoten und in der Milz vor. Es wird über die Nachgeburt und das Fruchtwasser ausgeschieden. Mit dem Scrapie-Agens kontaminierte Oberflächen können über Jahre eine Infektionsquelle sein.

Die natürliche Übertragung erfolgt zumeist durch orale Aufnahme von Nachgeburt und Fruchtwasser oder damit kontaminiertem Wasser oder Futter sowie Belecken des Lammes durch das Mutter-schaf. Das Muttertier kann die Erkrankung auf den Fötus übertragen. Offenbar ist auch eine Übertragung durch Kontakt möglich, auch die Übertragung durch Milben (Heumilbe) wird diskutiert.

Experimentell wurde auch eine Infektionsübertragung über die Bindehaut und kleinste Verletzungen der Maulschleimhaut sowie über Bluttransfusionen nachgewiesen. Auch kontaminierte Impfstoffe wurden als Auslöser identifiziert.

Empfänglich für diese Erkrankung sind alle Schafrassen, allerdings mit unterschiedlicher Präferenz. Außer Schafe und Ziegen können auch Nerze, Mäuse, Ratten, Hamster, Mufflons, Affen und der Mensch betroffen sein. Der Übergang des Erregers auf das Rind (BSE) wird als eigenständige TSE angesehen.

Klinisch zeigt sich die Erkrankung zunächst in Verhaltensänderungen wie Schreckhaftigkeit, Unruhe, Veränderungen des Lippen- („Gnubbern“) und Ohrenspiels sowie Nick- und Seitwärtsbewegungen des Kopfes. Beim Ergreifen brechen erkrankte Tiere plötzlich zusammen. Auch ein vermehrter Speichelfluss wird häufig beobachtet. Ein weiteres charakteristisches Merkmal sind Störungen der Bewegungsabläufe wie eine Traber-artige Bewegung der Vordergliedmaßen (Traberkrankheit), ein hahnentrittartiger Gang oder Schwäche der Hintergliedmaßen, Schleifen der Zehen über den Boden, schwankender Gang und Einknicken in den Gliedmaßen. Galopp und Sprünge sind den Tieren nicht mehr möglich. Ein weiteres häufig beobachtetes Merkmal ist Juckreiz, der dazu führt, dass die Tiere mit den Gliedmaßen aufstampfen, sich benagen oder an Gegenständen scheuern (daher der Name Scrapie), was zu Beschädigungen des Vlieses führt. Im Regelfall geht die Erkrankung mit Abmagerung einher.

Nach den ersten Krankheitssymptomen überleben die betroffenen Schafe nur noch einen bis sechs Monate (in Extremfällen zwei Wochen bis sechs Monate), danach tritt unweigerlich der Tod ein.

Die Scrapie-assoziierten Fibrillen lassen sich elektronenmikroskopisch nachweisen, die krankhaften Prion-Proteine auch immunhistochemisch.

Die Anfälligkeit bei Schafen variiert in Abhängigkeit von der genetischen Variation in der Aminosäuresequenz des Prion-Proteins. So sind Schafe mit einer homozygoten Erbanlage für Alanin (A) an Position 136, Arginin (R) an Position 154 und Arginin an Position 171 (AA136, RR154, RR171) nahezu resistent. Allerdings sind mittlerweile atypische Scrapie-Fälle auch bei diesem Genotyp bekannt geworden und auch dieser Genotyp ist prinzipiell für das BSE-Agens empfänglich, so dass die Tiere stumme Träger für BSE sein können.

Tabelle 14: Genotypenklassen, Genotyp und Gefährdungsgrad für Scrapie bei den Schafressen (Auszug nach ERHARDT et al. 2002)

Genotypenklasse	Genotyp	Gefährdung
G1	AA, RR, RR	extrem niedrig (resistent)
G2	AA, RH, RQ AA, RR, RH	geringes Risiko, wenn Anpaarung mit G1 oder G2
	AA, RR, RH	
G3	AA, HH, QQ	erhöhtes Risiko für das Einzeltier, häufigster betroffener Genotyp in Deutschland ist ARQ
	AA, HR, QH	
	AA, HR, QQ	
	AA, RR, HH	
	AA, RR, HQ	
	AA, RR, QQ	
G4	AV, RR, RQ	hohes Risiko für das Einzeltier und die Hälfte der Nachkommen
G5	AV, HR, QQ	sehr hohes Risiko
	AV, RR, HQ	
	AV, RR, QQ	
	VV, RR, QQ	

Aminosäure 136, 154 und 171 beider Chromosomensätze; A = Alanin, R = Arginin, V = Valin, H = Histidin, Q = Glutamin; Paare gleicher Buchstaben bedeuten Homozygotie.

In der EU sind die Mitgliedsstaaten seit 2003 verpflichtet, Programme zur Züchtung von Schafen auf Resistenz gegen TSE aufzustellen. Bei Ziegen ist diese genetische Abhängigkeit nicht vorhanden, so dass keine Zucht auf Scrapieresistenz möglich ist.

Da Scrapie nicht behandelbar ist, ist die Bekämpfung auf die Tötung und unschädliche Beseitigung erkrankter Tiere in betroffenen Beständen, die Zucht auf genetisch resistente Schafe und Quarantänemaßnahmen gerichtet. Die konkreten Bekämpfungsmaßnahmen werden international unterschiedlich gehandhabt.

In der Europäischen Union wird die Bekämpfung durch die Verordnung (EG) Nr. 999/2001, zuletzt geändert in der Verordnung (EG) Nr. 339/2006, und das nationale Tierseuchenrecht (in Deutschland: Tierseuchengesetz, Viehverkehrsverordnung, VO über anzeigepflichtige Tierseuchen und die TSE-Überwachungsverordnung) geregelt.

Alle Todesfälle bei über 18 Monate alten Schafen müssen auf Scrapie untersucht werden, ebenso stichprobenartig alle Schlachttiere ab diesem Alter. Da Scrapie anzeigepflichtig ist, werden die entsprechenden Maßnahmen durch den Amtstierarzt festgelegt. Dabei ermöglichen die aktuellen Bestimmungen, dass nicht mehr ganze Bestände, sondern nur noch genetische Risikogruppen (Böcke G2 bis G5, weibliche Schafe G3 bis G5) in betroffenen Beständen getötet werden. Herden

dürfen nach Bestandstötungen nur mit homozygoten ARH-Tieren oder heterozygoten ARH-Kombinationen mit anderen Genotypen außer VRQ aufgefüllt werden. Die Zukäufe sollten nur aus Beständen erfolgen, in denen mindestens fünf, besser acht Jahre keine Scrapie-Fälle mehr auftraten. Sollten keine entsprechenden Tiere verfügbar sein, kann das Veterinäramt Ausnahmeregelungen erlassen. Die Zucht auf „genetisch resistente“ Schafe ist durch die atypischen Scrapie-Fälle in jüngerer Zeit jedoch wieder fraglich geworden. Durch konsequente Hygienemaßnahmen lassen sich auch mit genetisch-empfindlichen Genotypklassen Scrapie-freie Bestände erzeugen, was besonders für die bedrohten Rassen von Bedeutung ist. Sowohl ERHARDT et al. (2002) als auch DE FRIES et al. (2006) weisen darauf hin, dass für kleine und gefährdete Populationen ein vollständiger Ausschluss von anfälligen Genotypen nicht zu empfehlen ist. Als Alternative wird auch von DE FRIES et al. (2006) vorgeschlagen, zuerst auf heterozygote ARR-Genotypen zu züchten, bis ein Schwellenwert von 45 % ARR-Allelfrequenz erreicht ist. Gleichzeitig sollte auf ein enges Bock-Muttern-Verhältnis geachtet werden.

2.2 Populationsgenetische Grundlagen

2.2.1 Die Idealpopulation

Zum Verständnis der Allelverhältnisse und deren Veränderung durch verschiedene natürliche und züchterische Prozesse in einer Tierpopulation wurde das Modell der Idealpopulation aufgestellt. Die Idealpopulation ist durch folgende Eigenschaften gekennzeichnet (SCHÜLER et al. 2001):

- unendliche Populationsgröße
- Zufallspaarung (Panmixie)
- keine Mutation
- keine Selektion
- keine Migration.

Unter den Voraussetzungen einer Idealpopulation stellt sich ein genetisches Gleichgewicht ein. Dieses Gleichgewicht ist durch das Hardy-Weinberg-Gesetz definiert und wird auch Hardy-Weinberg-Gleichgewicht (HWG) genannt.

Definition HARDY-WEINBERG-Gesetz:

In einer großen Population mit Zufallspaarung sind bei Abwesenheit von Selektion, Mutation und Migration die Genotyp- und Allelfrequenzen von Generation zu Generation konstant.

Praktisch bedeutsam sind folgende Schlussfolgerungen aus dem HWG:

- Das HWG gilt auch innerhalb einer Generation.
- Eine Population, die sich nicht im HWG befindet, erreicht den Gleichgewichtszustand bereits nach einer Generation Zufallspaarung.

Bei einer geringen Frequenz eines Allels nimmt die Genotypfrequenz der Homozygoten quadratisch ab. Der überwiegende Teil der Allele in der Population kommt daher in den Homozygoten vor. Diese Tatsache ist von großer Bedeutung bei der Bekämpfung von Erbfehlern.

Die Anwendung des Hardy-Weinberg-Gesetzes ist für vier verschiedene Fragestellungen bedeutsam:

1. Schätzung der Allelfrequenz von dominanten Allelen (z. B. Schätzung der Allelfrequenz von rezessiven Erbfehlern)
2. Ermittlung der Häufigkeit von Anlageträgern
3. Test auf Hardy-Weinberg-Gleichgewicht
4. Test zwischen zwei Populationen

Punkt 1 und 2 sind für die Berechnung der Häufigkeiten von Anlageträgern für Erbkrankheiten wichtig. Der Anteil Anlageträger unter den gesunden Tieren der Population ist umso höher, je größer die Allelfrequenz des unerwünschten Allels in der Population ist.

2.2.2 Systematische Einflussfaktoren auf die genetische Struktur einer Population

Zu den systematischen Faktoren, die Einfluss auf die genetische Struktur einer Population nehmen, gehören somit die Migration, Mutation und die Selektion. Bei dieser Gruppe von Einflussfaktoren lässt sich die Wirkung auf die Genotypen- und Allelfrequenzen sowohl in ihrem Ausmaß als auch in ihrer Wirkungsrichtung vorhersagen.

2.2.2.1 Migration

Emigration und Immigration bezeichnen die Ab- bzw. Zuwanderung von Allelen durch Verkauf bzw. Zukauf (Umsetzung) von Tieren. Zur Migration gehören auch die Zuchtverfahren Veredlungs- und Verdrängungszucht und zum Teil auch die Kreuzungszucht.

2.2.2.2 Mutation

Die Mutationsrate eines Gens und Organismus betragen etwa 10^{-5} oder 10^{-6} pro Generation. Trotz dieser geringen Rate bilden die Mutationen die Grundlage der genetischen Variabilität.

2.2.2.3 Selektion

Bei der Selektion gegen genetisch bedingte Krankheiten ist die Selektion gegen ein rezessives Allel dominierend, da viele genetisch bedingte Krankheiten auf einem rezessiven monogenen Erbgang basieren und daher nur im homozygot rezessiven Erbgang sichtbar sind. Tabelle 15 zeigt, dass die Effizienz bei einer hohen Frequenz des unerwünschten Allels sehr hoch ist. Mit abnehmender Allelfrequenz lässt die Effizienz sehr schnell nach. Der Grund liegt in den unerkannten heterozygoten Trägern des unerwünschten Allels, die nicht erkannt werden.

Tabelle 15: Erforderliche Anzahl Generationen zur Erreichung einer Allelfrequenz q_t für unterschiedliche Ausgangsfrequenzen q_0 (SCHÜLER et al. 2001)

q_0	q_t							
	$\geq 0,5$	0,4	0,3	0,2	0,1	0,05	0,01	0,001
1	1	2	3	4	9	19	99	999
0.9	1	2	3	4	9	19	99	999
0.8	1	2	3	4	9	19	99	999
0.7	1	2	2	4	9	19	99	999
0.6	1	1	2	4	9	19	99	999
0.5		1	2	3	8	18	98	998
0.4			1	3	8	18	98	998
0.3				2	7	17	97	997
0.2					5	15	95	995
0.1						10	90	990
0.05							80	980
0.01								900

Dies zeigt, dass erbgienetische Maßnahmen (vollständige Elimination) bei rezessiven Erbkrankheiten nur bei Verwendung eines molekulargenetischen Tests (Erkennung der heterozygoten Träger) wirksam sind. Diese Tests stehen für Weaver, DUMPS und MHS zur Verfügung. Unter diesem Gesichtspunkt kann bei Erkennung des heterozygoten Genotyps auf eine vollständige Elimination verzichtet werden, wenn heterozygote Tiere (scheinbar gesunde Tiere) nur an homozygot dominante Tiere angepaart werden.

Vor dem Einsatz molekulargenetischer Tests wurden Testanpaarungen zum Feststellen von Anlageträgern genutzt. Die Anwendung erfolgte hauptsächlich bei männlichen Zuchttieren.

Folgende Testanpaarungen kamen zur Anwendung:

- Anpaarung an Merkmalsträger (A2A2)
- Anpaarung an bekannte Anlageträger (A1A2)
- Inzuchtpaarung an Voll- und Halbgeschwistern bzw. Nachkommen
- Anpaarung an eine Stichprobe der Population

2.2.3 Nichtsystematische Einflussfaktoren auf die genetische Struktur einer Population

Nichtsystematische Einflussfaktoren auf die genetische Struktur einer Population treten in kleinen Populationen auf und sind eng mit dem Phänomen der Inzucht gekoppelt. In kleinen Populationen kommt es zu Allelfrequenzveränderungen, die genetische Drift genannt wird. Hier kann im Gegensatz zu den systematischen Faktoren keine Wirkungsrichtung vorhergesagt werden.

2.2.4 Verwandtschaft und Inzucht

Zwei Individuen sind im quantitativ genetischen Sinn verwandt, wenn sie gleiche Gene besitzen. Die Abbildung 3 zeigt deutlich, dass Inzucht zur Verengung und Fremdzucht zur Erweiterung der genetischen Vielfalt führt. Ebenfalls geht hier hervor, dass der Begriff Rasse bzw. auch die Begriffe Reinzucht und Kreuzung nicht eindeutig abgrenzbar sind.

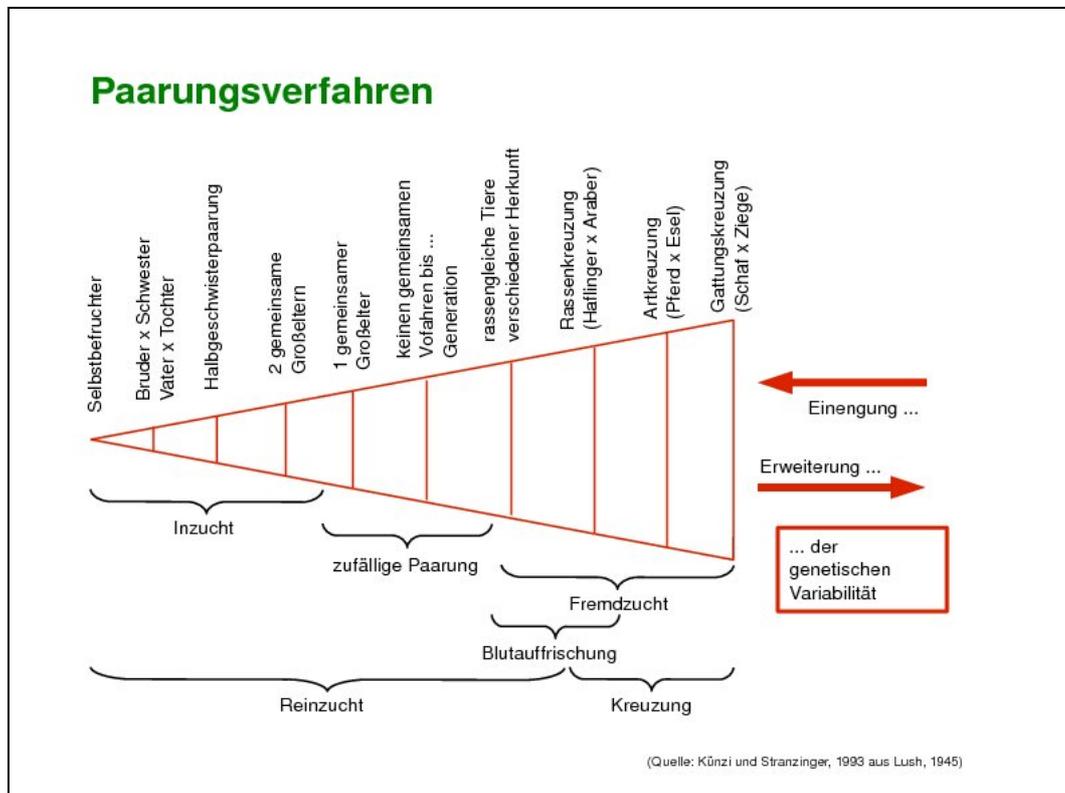


Abbildung 3: Einfluss der Paarungsverfahren auf Verengung oder Erweiterung des Erbgutes (KÜNZI und STRANZINGER 1993 nach LUSH 1945)

2.2.4.1 Inzucht

Definition Inzucht (SCHÜLER et al. 2001):

Unter Inzucht wird generell die Paarung von verwandten Individuen verstanden. Verwandte Individuen sind solche Tiere, die in ihrem Abstammungsnachweis mindestens einen gemeinsamen Vorfahren besitzen. Der aus der Inzuchtpaarung entstehende Nachkomme hat also mindestens einen Vorfahren, der auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite vorkommt.

Definition Inzucht in Generation t (SCHÜLER et al. 2001):

Die Inzucht in Generation t setzt sich aus zwei Termen zusammen: Der neuen Inzucht (Inzuchtrate) durch zufälliges Aufeinandertreffen abstammungsidentischer Allele und der kumulierten Inzucht der vorhergehenden Generationen.

2.2.4.2 Inzuchtkoeffizient

Definition: Inzuchtkoeffizient (SCHÜLER et al. 2001):

Der Inzuchtkoeffizient F ist definiert als der erwartete Anteil der Individuen einer Population, die an einem beliebigen Genort abstammungsidentische Allele besitzen.

Die Formel zur Berechnung des Inzuchtkoeffizienten zeigt sich folgt (WRIGHT 1923):

$$F_x = \sum (0,5^{n+n'+1} \times (1 + F_A))$$

- F_x = des Individuums X
- n = Anzahl der Generationen von einem Elter bis zu einem gemeinsamen Vorfahren beider Eltern
- n' = Anzahl der Generationen vom anderen Elter bis zum gemeinsamen Vorfahren
- F_A = Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Vorfahren

Bei der Beurteilung des Inzuchtkoeffizienten muss immer bedacht werden, dass es sich dabei um die Inzuchtsteigerung im betrachteten Zeitraum handelt, so dass die Anzahl der berücksichtigten Ahnengenerationen eine wichtige Zusatzinformation darstellt (WREDE und SCHMIDT 2005).

2.2.4.3 Verwandtschaftskoeffizient

Definition Abstammungskoeffizient (SCHÜLER et al. 2001):

Der Verwandtschafts- oder Abstammungskoeffizient entspricht der Wahrscheinlichkeit, dass bei zwei verschiedenen Tieren zwei zufällig herausgegriffene Allele am gleichen Locus herkunftsgleich sind.

Der kollaterale Verwandtschaftskoeffizient R zwischen den Individuen X und Y ist durch die nachfolgend aufgeführte Berechnungsformel gegeben (SCHÜLER et al. 2001; WREDE und SCHMIDT 2005):

$$R_{xy} = \frac{\sum_i 0,5^{n+n'} \times (1 + F_A)}{\sqrt{(1 + F_x) \times (1 + F_y)}}$$

- R_{xy} = der Individuen X und Y
- n = Anzahl der Generationen von einem Elter bis zu einem gemeinsamen Vorfahren beider Eltern
- n' = Anzahl der Generationen vom anderen Elter bis zum gemeinsamen Vorfahren
- F_A = Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Vorfahren
- F_x = Inzuchtkoeffizient des Individuums X
- F_y = Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Vorfahren

Mit Hilfe der Verwandtschaftskoeffizienten lässt sich auch der Einfluss eines bedeutenden Vorfahren auf eine Herde oder ganze Zucht als durchschnittliche Verwandtschaft zu den Probanden der Population berechnen.

Bei Zufallspaarung besteht in einer Population folgender Zusammenhang zwischen ihrem Inzuchtgrad und der Verwandtschaft der Individuen untereinander (WREDE und SCHMIDT 2005):

$$R = \frac{2F}{1 + F} \qquad F = \frac{R}{2 - R}$$

R = Verwandtschaftsgrad innerhalb einer Population
 F = Inzuchtgrad der Population

Hieraus folgern WREDE und SCHMIDT (2005), dass bei bekanntem Verwandtschaftsgrad in einer Population und Anpaarung ohne Beachtung der Abstammung der Paarungspartner (Panmixie) eine bestimmte Inzuchthöhe zu erwarten ist und umgekehrt. Tritt eine deutliche Abweichung von diesem Zusammenhang auf, so lassen sich Rückschlüsse auf das Anpaarungssystem bzw. die Populationsstruktur ziehen. Liegt der Inzuchtkoeffizient unter der Erwartung, kann dies sowohl an der Zufuhr von Individuen aus anderen Populationen liegen (Migration) als auch an der bewussten Vermeidung von Inzucht. Im umgekehrten Fall - Inzucht höher als aufgrund der Verwandtschaft zu erwarten - kann entweder auf Subpopulationsbildung mit innerhalb erhöhtem Verwandtschaftsgrad oder auf bewusste Linien- bzw. Inzucht geschlossen werden.

2.2.4.4 Inzuchtzunahme je Generation ΔF

Der Zusammenhang zwischen der Anzahl der Elterntiere und der Inzuchtzunahme je Generation lässt sich mit folgenden Formeln darstellen:

$$\Delta F = \frac{1}{8 \times M_e} + \frac{1}{8 \times W_e}$$

ΔF = Inzuchtzunahme pro Generation
 M_e / W_e = effektive Anzahl eingesetzter Vater- und Muttertiere

$$\Delta F = \frac{1}{2 \times N_e}$$

ΔF = Inzuchtzunahme pro Generation
 N_e = effektive Populationsgröße

Somit lässt sich bereits aus der Anzahl Zuchttiere der Inzuchtzuwachs je Generation bestimmen, annähernd gleiche Nachkommenzahl je Zuchttier vorausgesetzt bzw. nur Zufallsabweichung von dieser Gleichverteilung. Da die Zahl der Muttertiere meist sehr viel größer als die der Väter ist, kann der zweite Summand in der Formel auch vernachlässigt werden, was in diesem Fall nur zu einer geringfügigen Unterschätzung der wahren Inzucht führt.

Die individuellen Inzuchtkoeffizienten (je Tier) zeigen hier natürlich sehr große Schwankungen. Die Inzuchtzunahme wird wie folgt berechnet:

$$\Delta F = \frac{\Delta F_{Jahr}}{GI}$$

ΔF_{Jahr} = Inzuchtzunahme pro Jahr

ΔF = Inzuchtzunahme pro Generation

GI = Generationsintervall

2.2.4.5 Effektive Populationsgröße N_e

Beobachtet man in einer realen Population (z.B. Zuchtpopulation) in einer bestimmten Generation einen Inzuchtzuwachs (ΔF), so kann man berechnen, wie viele Individuen einer Idealpopulation diesen Inzuchtzuwachs erzeugt hätten. Das heißt, die effektive Populationsgröße N_e ist der Parameter der Wahl, um eine komplex strukturierte Population in eine analoge ideale Population zu überführen, um so populationsgenetische Mechanismen deutlich einfacher abschätzen zu können (WRIGHT 1931).

Definition Effektive Populationsgröße N_e (SCHÜLER et al. 2001):

Die effektive Populationsgröße N_e ist die Anzahl der Individuen in einer Idealpopulation, die der Anzahl Individuen in einer realen Population mit unterschiedlichem Geschlechterverhältnis entspricht.

Zur Berechnung der N_e stehen verschiedene Formeln zur Verfügung, denen in der Regel ein jeweils unterschiedlicher Satz restriktiver Annahmen zu Grunde liegt:

Zensus-basierte Methode:

$$N_e = 4 \times \left(\frac{V_n \times M_n}{V_n + M_n} \right)$$

N_e = effektive Populationsgröße

V_n = vorhandene Vatertiere

M_n = vorhandene Muttertiere

Daraus ergibt sich nach SCHÜLER et al. 2001:

- Bei einem ausgeglichenen Anpaarungsverhältnis (1 : 1) ist die effektive Populationsgröße gleich der tatsächlichen Anzahl Elterntiere.
- Je weiter das Anpaarungsverhältnis ist, umso kleiner wird die effektive im Vergleich zur tatsächlichen Populationsgröße. Bei ungleichem Anpaarungsverhältnis ist stets $N_e < N$.
- Bei unterschiedlicher tatsächlicher Populationsgröße können Zuchtlinien in der effektiven Populationsgröße annähernd übereinstimmen, so dass sich für beide Linien in etwa die gleiche Inzuchtsteigerung ergibt.
- Bei einer großen Anzahl weiblicher Tiere und einem weiten Anpaarungsverhältnis hängt die Inzuchtsteigerung fast ausschließlich von der Anzahl eingesetzter Vatertiere ab. Dies ist typisch für Besamungszuchtprogramme beim Rind. Die effektive Populationsgröße geht in diesen Fällen gegen $4 \times M_e$.

Achtung: Bei bewusster Verwandtschaftspaarung oder Anwendung von Verpaarungssystemen mit weitgehender Inzuchtkontrolle treten andere Zusammenhänge auf.

Pedigree-basierte Methode 1:

$$N_e = \frac{1}{2 \times \Delta F}$$

N_e = effektive Populationsgröße
 ΔF = Inzuchtzunahme pro Generation

Pedigree-basierte Methode 2:

$$N_e = \frac{1}{2 \times \Delta f}$$

N_e = effektive Populationsgröße
 Δf = Zunahme der additiv-genetischen Verwandtschaft

Pedigree-basierte Methode 3:

$$N_e = \frac{1}{\ln(1 - \Delta F)}$$

N_e = effektive Populationsgröße
 ΔF = Inzuchtzunahme pro Generation

Für eine bessere Übersicht dieser Berechnungsmöglichkeiten wurden die Zusammenhänge in Abbildung 4 dargestellt.

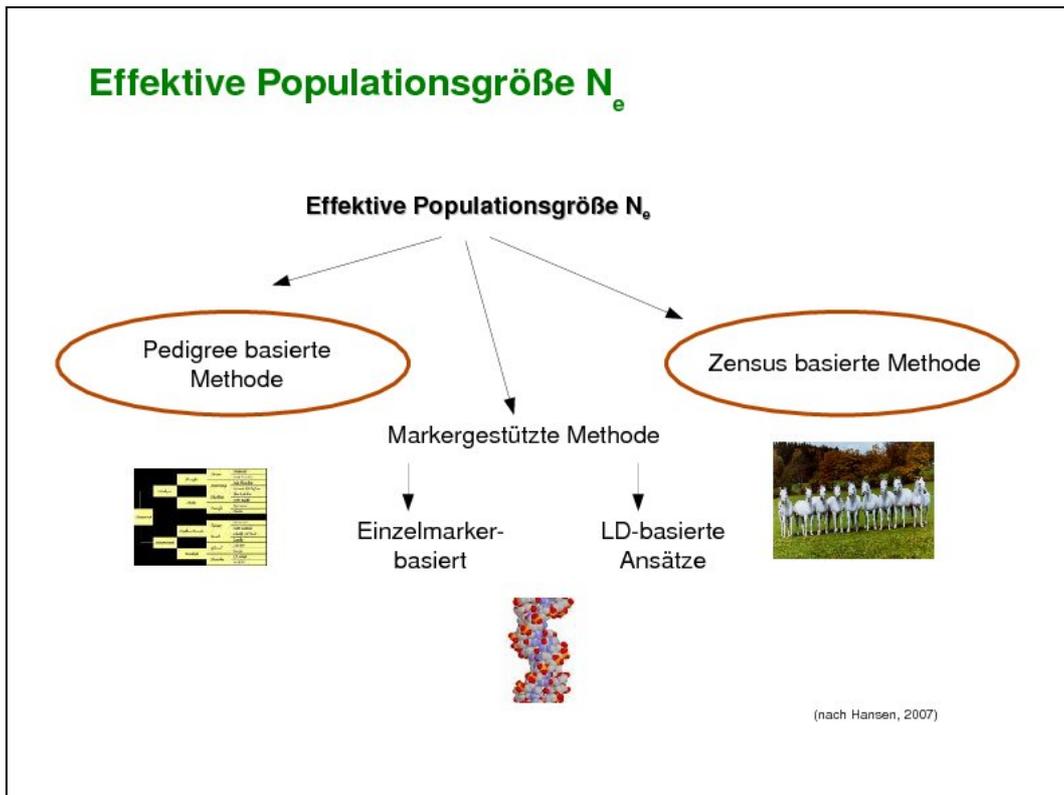


Abbildung 4: Einteilung von Methoden zur Schätzung der effektiven Populationsgröße N_e (nach HANSEN et al. 2007)

Grundsätzliche Eigenschaften bestehen bei den Methoden nach HANSEN et al. (2007) wie folgt:

- Pedigree-basierte Methoden nutzen den funktionalen Zusammenhang der N_e mit dem Inzuchtzuwachs pro Generation und benötigen ein vollständiges Pedigree.
- Zensus-basierte Methoden nutzen Kenngrößen der Populationsstruktur wie die Anzahl weiblicher und männlicher Zuchttiere und liefern mehr oder weniger gute Schätzwerte, wobei häufig idealisierende Annahmen gemacht werden müssen.
- Neuere markergestützte Verfahren zur Schätzung der Populationsgröße beruhen auf molekulargenetischen Daten. Der Vorteil liegt in der Abdingbarkeit von historischen DNA-Proben und vollständigen und korrekten Pedigrees. Nachteilig ist, dass alle bisher bekannten Methoden noch an verschiedene Voraussetzungen wie z.B. an eine stabile Populationsgröße gebunden sind.

2.2.4.6 Der Flaschenhalseffekt

Ein Flaschenhalseffekt bedeutet die Reduzierung der effektiven Populationsgröße und den anschließenden Aufbau der Populationsgröße auf die ursprüngliche Anzahl (z.B. Seucheneinbruch, Naturkatastrophe, Minimierung durch den Menschen, Abgrenzung von Lebensräumen ...). Dieser

Effekt kann mit dem Gründereffekt verglichen werden. Auch hier geht die ganze Population auf wenige Gründer-Tiere zurück.

2.2.4.7 Generationsintervall

Definition Generationsintervall (SCHÜLER et al. 2001):

Das Generationsintervall ist das mittlere Alter der Eltern bei der Geburt ihrer Nachkommen.

Der Beitrag eines Tieres i zum Generationsintervall wird wie folgt berechnet:

$$GI_i = \frac{\sum_{j=1}^k t_{ij} \times n_{ij}}{\sum_{j=1}^k n_{ij}}$$

- GI_j = Beitrag eines Tieres i zum Generationsintervall
- n_{ij} = Anzahl der Nachkommen des i -ten Tieres bei der j -ten Geburt
- t_{ij} = Alter des i -ten Tieres bei der j -ten Geburt
- k = Anzahl der Geburten des Tieres

Die nächste Formel berechnet das Generationsintervall als den Durchschnitt aller Beiträge der Zuchttiere:

$$GI = \frac{\sum_{i=1}^N GI_i}{N}$$

- GI = Beitrag eines Tieres i zum Generationsintervall
- N = Anzahl Zuchttiere in der Population

Bei überlappenden Generationen werden die Eltern kontinuierlich durch selektierte Nachkommen ersetzt. Unter diesen Bedingungen ermittelt man das Generationsintervall durch das mittlere Alter der Eltern bei der Geburt der sie ersetzenden Nachkommen.

2.2.4.8 Fehlende Ahnen

In realistischen Herdbuchdaten kann die Vollständigkeit des Pedigrees häufig nicht erfüllt werden. Dies ist jedoch eine Voraussetzung, um den Inzuchtkoeffizienten nicht zu unterschätzen. Aufgrund dessen haben WREDE und SCHMIDT (2005) zur Quantifizierung der Inzuchtunterschätzung einen Vollständigkeitsindex in das Programm OPTI-MATE 3.86 (siehe Abschnitt 2.5.1) einbezogen.

Berücksichtigt werden:

- alle unbekannten Ahnen
- Position im Pedigree sowie
- Verteilung der bekannten männlichen und weiblichen Vorfahren über Vater- und Mutterseite der Pedigrees

Die Berechnung der Vollständigkeit I erfolgt über folgende Formel:

$$I = \frac{(I_{pat.m} \times I_{mat.m}) + (I_{pat.f} \times I_{mat.f})}{2}$$

$$I_{pat.f / pat.m} = \text{Vollständigkeit der männl./weibl. Ahnen auf der Vaterseite}$$
$$I_{mat.f / mat.m} = \text{Vollständigkeit der männl./weibl. Ahnen auf der Mutterseite}$$

Da keine weiblichen Vorfahren in der ersten paternalen und keine männlichen Vorfahren in der ersten maternalen Ahnengeneration eines Pedigrees auftreten, werden zwei verschiedene Formeln zur Ermittlung der Vollständigkeit der vier Abstammungslinien benötigt:

$$I_{pat.m / mat.f} = \frac{1}{d} \times \sum_{i=1}^d a_i$$

$$I_{pat.m / mat.f} = \frac{1}{d-1} \times \sum_{i=2}^d a_i$$

$$I_{pat.f / pat.m} = \text{Vollständigkeit der männl./weibl. Ahnen auf der Vaterseite}$$
$$I_{mat.f / mat.m} = \text{Vollständigkeit der männl./weibl. Ahnen auf der Mutterseite}$$
$$d = \text{Anzahl der Ahnengenerationen (Pedigreelänge)}$$
$$a_i = \text{Anteil bekannter Ahnen in Generation i}$$

Die Berücksichtigung der Vollständigkeit I findet im Inzuchtkoeffizienten über die Formel

$$F_{VI} = \frac{F}{VI}$$

$$F_{VI} = \text{Inzuchtkoeffizient mit Berücksichtigung von VI}$$
$$F = \text{Inzuchtkoeffizient}$$
$$VI = \text{Vollständigkeitsindex}$$

statt.

Der oben vorgestellte Vollständigkeitsindex ist eine Weiterentwicklung und Verallgemeinerung des Zufallslinienpedigrees (von WRIGHT und MCPHEE 1925) und des Vollständigkeitsindex (von MACCLUER et al. (1983) beide zit. von WREDE und SCHMIDT 2005).

Die gewichtete Pedigreevollständigkeit kann auch nach einer Formel von MACCLUER et al. (1983) berechnet werden:

$$I_d = 4 \times \frac{I_{pat} \times I_{mat}}{I_{pat} + I_{mat}}$$

mit

$$I_{dpat,mat} = \frac{1}{4} \sum_{i=1}^d a_i$$

$pat / mat =$	= väterliche bzw. mütterliche Linie des Nachkommen
a_i	= Anteil an bekannten Ahnen in der Generation i
d	= Anzahl der Generationen, die in der Berechnung berücksichtigt werden sollen

2.3 APIIS-Datenbank

Tierdaten liegen in sehr unterschiedlichen Strukturen vor. Deshalb ist ein offenes skalierbares, lizenzfreies System wie APIIS (adaptable platform independent information system) (GROENEVELD 2004) von Vorteil. Die Anforderungen an die Datenbank lassen sich wie folgt zusammenzufassen:

- in sich konsistent
- normalisierte Struktur
- keine redundanten Informationen
- flexibel erweiterbar
- Abbildung beliebiger Tieridentifikationssysteme
- Wiederverwendung von Tierkennzeichnungen

Das Verfahren eignet sich zur:

- Organisation von Tierdaten und Aufbau von Datenbanken
- Zusammenführung unterschiedlicher Datenquellen
- Migration bestehender Datenpools

Als Kernbestandteile sind zu nennen:

- Modelldatei als zentrale Strukturdefinition
- generische Datenbankstruktur

- Prüf- und Modifizierungsregeln
- umfangreiche Softwarebibliothek z.B. zur Erzeugung von Eingabemasken

Voraussetzung dafür ist die Nutzung des Betriebssystems Linux. Da sich APIIS schon in mehreren Projekten bewährt hat, wird es auch für dieses Projekt genutzt (siehe Kapitel Material und Methoden 3.2).

2.4 Informationssysteme tiergenetische Ressourcen

EFABIS (European Farm Animal Biodiversity Information System)

EFABIS (<http://efabis.tzv.fal.de>) geht historisch auf zwei unterschiedliche Datenbanken zurück. Zuerst erstellte die EAAP (European Association for Animal Production) ein Datenbanksystem, worin die große Rassenvielfalt über einen gewissen Zeitraum in Europa abgebildet werden sollte. Die FAO-Gruppe Tiergenetische Ressourcen wollte, auf diese Daten aufbauend, eine Internet basierende dynamische Datenbank entwickeln: DAD-IS (Domestic Animal Diversity Information System). Da diese zwei Datenbanken inkompatibel und veraltet sind, wurde das EFABIS-Projekt der Europäischen Union ins Leben gerufen. Es entstand ein Informationssystem für die Biodiversität von landwirtschaftlichen Nutztieren mit dem Namen FABISnet, in welchem die zwei inkompatiblen Datenbanken eingebunden sind. Neben der Nutzung von Open Source Software besitzt dieses System eine hohe Funktionalität, neue Datenquellen können eingebunden werden und eine Weiterentwicklung ist möglich. Dieses Netzwerk beinhaltet Daten von Länderebene über die Europäische (EAAP) bis zur Globalen Ebene (FAO) hinweg.

EFABIS beinhaltet unter anderem einen Populationsreport, wo die Populationsstruktur und die Inzuchtrate von verschiedenen Tierarten und -rassen für einen bestimmten Zeitraum für die jeweiligen Länder zusammengestellt sind. Dabei wurde von folgenden Berechnungsgrundlagen ausgegangen:

Methode 1: Die effektive Populationsgröße N_e (no selection) wurde nach WRIGHT (1931, GENETICS, VOL. 16:97-159) mit der Formel:

$$N_{e(\text{noselection})} = 4 \times \left(\frac{V_e \times M_e}{V_e + M_e} \right)$$

N_e	= effektive Populationsgröße
V_e	= effektive Anzahl eingesetzter Vätertiere
M_e	= effektive Anzahl eingesetzter Muttertiere

berechnet (Voraussetzung: keine Selektion, keine Generationsüberlappung). Wenn Selektion in der Population stattfindet, überschätzt die Wright-Formel die effektive Populationsgröße, was zu einer Unterschätzung der Inzuchtrate führt.

Methode 2: (mass selection) nutzt die Formel von SANTIAGO und CABALLERO (1995, GENETICS, VOL. 139:1013-1030) etwas vereinfacht:

$$N_{e(\text{massselection})} = N_{e(\text{noselection})} \times 0,7$$

N_e = effektive Populationsgröße

Die jährliche Inzuchtrate wurde über die Formel:

$$\Delta F_{\text{Jahr}} = \left(\frac{1}{2 \times N_{e(\text{massselection})}} \right) \times \left(\frac{1}{GI} \right)$$

ΔF_{Jahr} = Inzuchtrate pro Jahr

N_e = effektive Populationsgröße

GI = Generationsintervall

geschätzt. Dabei wurden folgende Generationsintervalle (GI) für die Tierarten genutzt:

Pferd	4,5 Jahre
Rind	3,5 Jahre
Schaf/Ziege	2,5 Jahre
Schwein	1,5 Jahre

Beispiel für das Sächsisch-Thüringische Kaltblut (jetzt Rheinisch-Deutsches Kaltblut) in Deutschland für das Jahr 2002:

Name	Sächsisch-Thüringisches Kaltblut
Transboundary/brand name	-
Country	Germany
Population size	358
No. of breeding female	327
No. of breeding male	31
No. of herds	-
No. of female registered	327
N_e (no selection)	113
N_e (mass selection)	79
Estimated \uparrow in F per year	0.0014

Risk status (EAAP - National level)	Potentially Endangered
Risk status (FAO - National level)	endangered

Weiterhin sind in der Datenbank Informationen zum Vorkommen von Tierarten nach Ländern, zur Rassebeschreibung mit Bildergalerie und zum Reportstatus der Länder enthalten.

2.5 Software-Programme zur Überwachung von Inzucht und Verwandtschaft

In der Literatur werden verschiedene Software-Programme zur Charakterisierung der Inzucht und Verwandtschaft in Tierpopulationen genutzt. Diese Programme sind meist zur genetischen Analyse kleiner Populationen geeignet. In Deutschland wird das Programm OPTI-MATE, welches von WREDE und SCHMIDT (VERSION 3.86: 2005) entwickelt wurde, zur Analyse von Populationsentwicklungen genutzt. Weiterhin werden die Programme GenCont und EVA vorgestellt. Diese wurden entwickelt, um bei Anpaarungen eine Balance zwischen der Kontrolle des Inzuchtzuwachses und der Maximierung des Zuchtfortschrittes zu finden.

2.5.1 Das Programm OPTI-MATE

Das Programm OPTI-MATE 3.86 von WREDE und SCHMIDT (2005) beinhaltet die Registrierung und Bearbeitung von Abstammungsdaten sowie die Berechnung von Informationen zur gezielten Paarungsplanung unter Beachtung der Inzucht bei kleinen Populationen. In Tabelle 16 sind die Programmeigenschaften bzw. -voraussetzungen, die zur Nutzung nötig sind, dargestellt.

Tabelle 16: Programmeigenschaften und -voraussetzungen

Programmeigenschaften und -funktionen	
Programmiersprache	Clipper mit integriertem Fortran-Programm
Sprache	Deutsch
Daten	dBase-Dateien
Betriebssystem	Microsoft Windows oder DOS 3.0
Arbeitsspeicher	536.000 Bytes RAM
Festplatte	mind. 50MB
Importfunktion	nicht vorhanden

Eine Besonderheit von OPTI-MATE ist die Berücksichtigung fehlender Ahnen. Dies wurde im Kapitel Fehlende Ahnen unter Punkt 2.2.4.8 näher erläutert. Wesentliche Funktionen von OPTI-MATE 3.86 sind:

- Verarbeitung von bis zu 99 999 Tieren und Ahnen
- Berechnung von Inzuchtkoeffizienten bei 2 bis 11 Generationen Abstammung für Einzeltiere und Tiergruppen (Darstellung Inzuchtverursacher mit dem jeweiligen Inzuchtbeitrag)
- Berechnung des Verwandtschaftskoeffizient einzelner Tiere und Tiergruppen zu ausgewählten Tieren bzw. Tiergruppen oder innerhalb der Gruppe (1 bis 10 Generationen Abstammung)

- Aufzeigen der bedeutendsten Ahnen
- Berechnung des Inzuchtkoeffizienten der potenziellen Nachkommen je nach Auswahl des Paarungspartners
- Auswertung von Leistungsdaten je Nachkommengruppe
- Berechnung von N_e auf drei verschiedene Arten
- Plausibilitätsprüfungen
- Vollständigkeitsindex für die Ahnen.

Nachteile bei der Nutzung des Programms zur Erstellung eines Populationsreports für dieses Projekt zeigen sich beim Datenimport, dem begrenzten Datenumfang und der Nutzung einer Microsoft Windows-Umgebung.

2.5.2 Das Programm GenCont (Genetic Contribution)

Das Software-Programm GenCont beruht auf der Optimum Genetic Contribution (OGC) Theorie, die MEUWISSEN (1997) entwickelte. Diese Theorie ist eine Möglichkeit, Inzuchtzuwachs und Zuchtfortschritt in ein Gleichgewicht zu bringen.

Der erste Schritt der Theorie ist die Einschränkung der durchschnittlichen Verwandtschaft der selektierten Tiere, denn die Steigerung der Verwandtschaft ist gleichzusetzen mit der erwarteten Steigerung der Inzucht in der nächsten Generation (bei Zufallspaarung). Der vorgegebene Inzuchtkoeffizient bzw. die durchschnittliche Verwandtschaft pro Generation bleibt über die Jahre unverändert.

Der zweite Schritt beinhaltet die Berechnung des optimalen genetischen Beitrages der selektierten Tiere. Das Programm GenCont bestimmt dazu die optimale Einsatzfrequenz der Zuchttiere, um die Inzuchtrate einzuschränken und die unterschiedlichen Leistungen auszugleichen. Die durchschnittliche Inzucht oder der durchschnittliche Verwandtschaftskoeffizient müssen auf einen Maximalwert limitiert werden.

Dazu werden folgende Parameter benötigt: Tier-ID (umkodieren mit dem Programm VCECODE), Geschlecht, Alter, Verfügbarkeit für den Reproduktionseinsatz, Zuchtwert der Selektionskandidaten und das dazugehörige Pedigree. Weitere mögliche Restriktionen wären:

- Anzahl der selektierten Elterntiere
- minimaler bzw. maximaler Beitrag eines Tieres zur Folgegeneration
- festgestellte oder zukünftig erwünschte Inzuchtkoeffizienten (TSEHAY 2005).

Daraus berechnet GenCont:

- den optimalen genetischen Beitrag der selektierten Tiere,
- die optimale Anpaarungsfrequenz,

- den zu erwartenden Zuchtfortschritt,
- die mittlere Inzucht und Verwandtschaft.

Optional kann GenCont überlappende Generationen (siehe: MEUWISSEN und SONESSON 1998) berücksichtigen, die typisch für die Tierzucht sind, sowie optimale Paarungspläne erstellen.

2.5.3 Das Programm EVA (Evolutionary Algorithm for Mate Selection)

Das Programm EVA basiert auf der Methode von GRUNDY et al. (2000). EVA verfolgt das gleiche Ziel wie GenCont (siehe Abschnitt 2.5.2). Ein Unterschied zu GenCont ist, dass EVA die Möglichkeit hat, Inzuchtsteigerungen pro Jahr und pro Generation zu begrenzen. GenCont kann die Inzuchtsteigerungen nur pro Jahr begrenzen. Ein weiterer Unterschied sind die eingesetzten Kalkulationsmethoden. GenCont nutzt ein iteratives Verfahren, dagegen EVA eine kalkulatorische Methode. Beide Verfahren brauchen viel Speicherplatz. SØRENSEN et al. empfiehlt EVA für größere Datenmengen, da es nicht auf der Invertierung von Matrizen basiert, wie es bei GenCont der Fall ist.

2.5.4 Das Programm Pedig

Das Programm Pedig von BOICHARD (2007) ist ein auf Fortran basierendes Softwarepaket. Diese Software, speziell für die Analyse großer Populationen entwickelt, ist ein Paket aus unabhängigen Programmen, welches die Möglichkeiten bietet, Verwandtschafts- und Inzuchtkoeffizienten zu berechnen sowie die Qualität des Pedigrees zu beurteilen.

3 Material und Methoden

3.1 Datenlogistik

Für den Aufbau einer Datenbank und die Durchführung von Parameterschätzungen zur genetischen Diversität wurden die Herdbuchdaten für die Tierarten Rind, Pferd, Schwein, Schaf und Ziege von unterschiedlichen Bezugsquellen genutzt. Tabelle 17 zeigt eine Übersicht zur Datenlogistik.

Tabelle 17: Datenbanklogistik aller Tierarten

Name der DB	Datenquelle	Tierart	Dateiformat
rotvieh	M. Marx (www.ropes-hoehenvieh.de)	Rind	txt
mrind	Milchrind Sachsen	Rind	txt
pferd	LfL (horse → pferd)	Pferd	txt
mszv	LfL	Schwein	apiis
ovicap	LfL	Schaf/Ziege	apiis

Innerhalb der Tierarten wurden folgende Tierrassen in dieser Untersuchung schwerpunktmäßig ausgewertet:

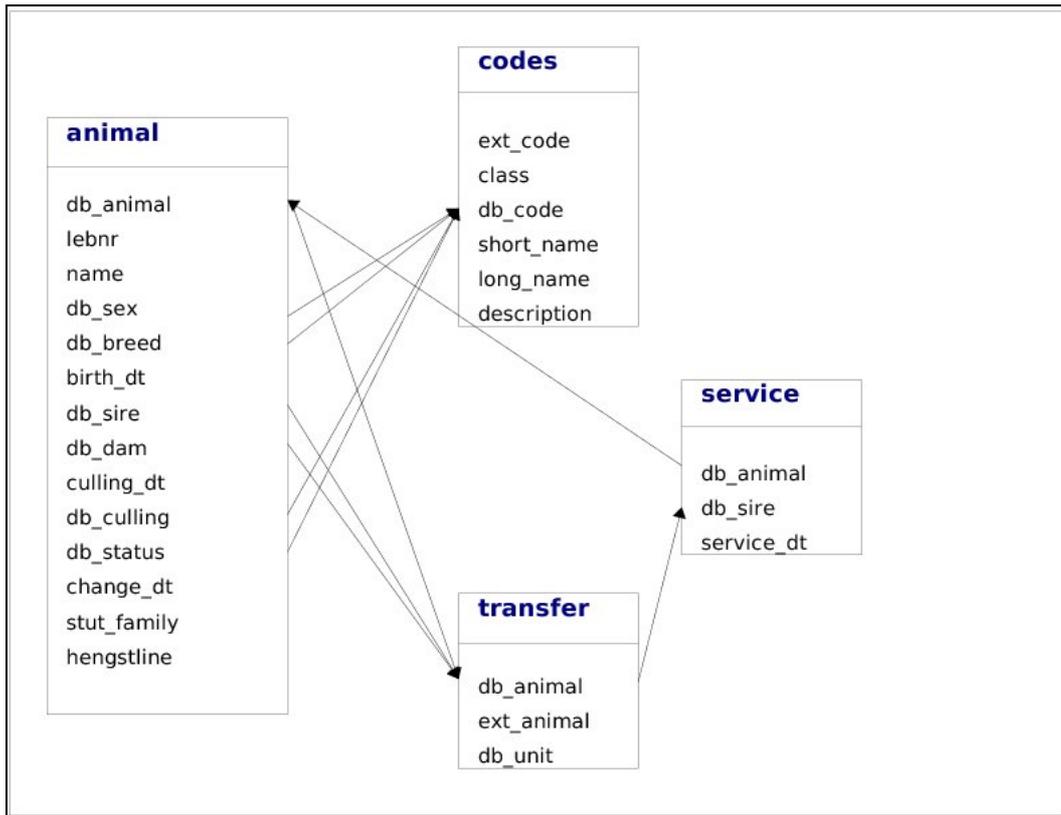
- Rind: Rotes Höhenvieh, Sächsische Holstein Frisian
- Pferd: Deutsches Sportpferd, Schweres Warmblut, Rheinisch-Deutsches Kaltblut, Haflinger

Schwein:	Deutsche Landrasse, Deutsches Edelschwein, Pietrain, Deutsches Sattelschwein
Schaf:	Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf, Ostfriesisches Milchschaf, Skudde, Leineschaf
Ziege:	Weißer Deutsche Edelziege, Thüringer Wald Ziege

3.2 Datenbank

Für das vorliegende Projekt wurden die historischen Daten (bei Rind und Pferd) aus dem Herdbuch mittels APIIS (adaptable platform independent information system) (GROENEVELD 2004) in eine PostgreSQL-Datenbank geladen. Bei den Tierarten Schaf, Ziege und Schwein wird eine fertige Datenstruktur mit den jeweiligen Dateninhalten (Daten-Dump) in die APIIS-Datenbank importiert. APIIS unterstützt den Aufbau konsistenter Datenbanken vor allem im Bereich der Tierproduktion, da unterschiedlichste Tieridentifikationssysteme vereint werden können sowie Möglichkeiten zur Prüfung der Daten mittels Plausibilitätskriterien vorhanden sind. Die normalisierte Datenbankstruktur mit einem feststehenden Grundgerüst von APIIS ist wertvoll bei generischen Abbildungen, wie z.B. Populations- sowie Inzuchtreports. Aufgrund der normalisierten Datenbankstruktur (= jede Information erscheint nur einmal in der Datenbank) werden Dateninhalte nach Themen geordnet und über die Tabelle „codes“ (= db_) miteinander verbunden. Die Codes können wiederum so definiert werden, dass jeglicher Datenverkehr angepasst werden kann. Jedes Tier erhält seine eigene db_Nummer, mit welcher es in der Datenbank aufzufinden ist. Die Stammdaten des Tieres befinden sich in der Tabelle „animal“.

In der Abbildung 5 ist die Datenstruktur am Beispiel der Daten vom Pferd dargestellt. Leistungsdaten wurden in diesem Fall nicht integriert.



Legende: DB = Datenbank, db_animal = Datenbanknummer für jedes Tier, lebnr = Lebensnummer des Tieres, name = Name des Tieres, db_sex = Code für Geschlecht, db_breed = Code für Rasse, birth_dt = Geburtsdatum, db_sire/_dam = DB-Nummer des Vaters/ der Mutter, culling_dt = Abgangsdatum, db_culling = Code für Abgangsgrund, db_status = Code für Zuchtstatus, change_dt = Eintragungsdatum, db_breeder = Code für Züchter, db_owner = Code des Besitzers, ...

Abbildung 5: Auszug aus der Struktur der Pferdedatenbank

Für alle Herdbuchdaten einer Tierart kann diese Datenstruktur sehr umfangreich ausfallen. In diesem Projekt wurden nur die wichtigsten Informationen importiert (Abstammung, Stammdaten, zum Teil: Besamungsdaten, Genanteile).

Aufgrund fehlender Informationen zu Erbdefekten konnten diese in dem Projekt nicht integriert werden. Sollte sich die Situation der schlechten bzw. generellen Erfassung dieser Erkrankungen ändern, so kann ohne großen Aufwand dieses Merkmal in der Datenbank ergänzt werden.

3.3 Datenmaterial

3.3.1 Datenmaterial Rotes Höhenvieh

Die Herdbuchdaten für die Populationsanalyse des Roten Höhenviehs stammen von der Bundesarbeitsgemeinschaft Rotes Höhenvieh e.V. (WWW.ROTES-HOEHENVIEH.DE). Abbildung 6 zeigt die Struktur der Daten. Leistungs- und Besamungsdaten sind nicht vorhanden.

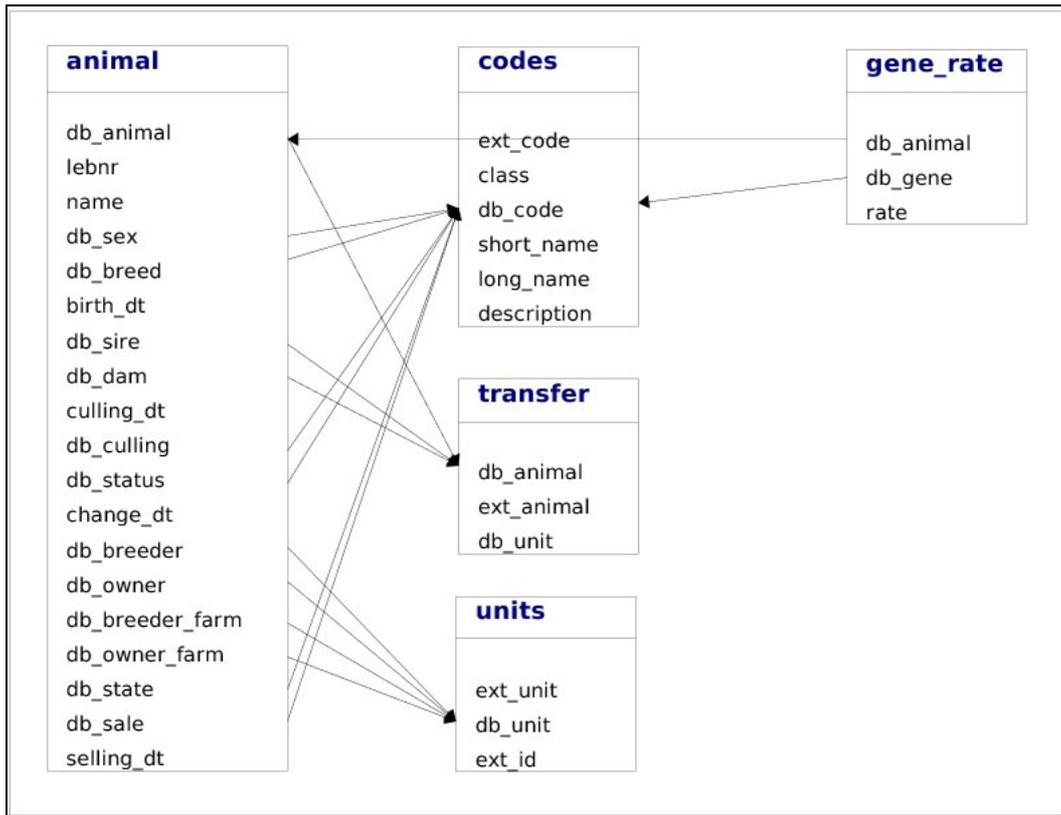


Abbildung 6: Struktur der Daten des Roten Höhenviehs

Die Züchter können auf der Internetseite zum einen passende Bullen für die Kühe aussuchen und zum anderen Einzeltierinformationen hinsichtlich Inzucht und Pedigree abfragen.

In die Datenbank gingen alle Herdbuchdaten ein, die bis April 2008 erfasst wurden. Insgesamt enthält die Datenbank 9 074 Datensätze (= Tiere und Ahnen aller Rassen). Die Datensätze in Tabelle 18 umfassen alle Tiere mit der entsprechenden Rassebezeichnung. Im Jahr 2006 wurden 581 Nachkommen geboren. Diese stammen von 85 Bullen und 566 Kühen ab. Bei den Datensätzen von 2007 fehlen die Daten von Nordrhein-Westfalen. Die Entwicklung des Bestandes ist in Tabelle 18 zu sehen.

Tabelle 18: Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr beim Roten Höhenvieh

Jahr	Nachkommen	Väter	Mütter	Datensätze
2002	535	93	510	
2003	592	95	566	
2004	652	102	622	
2005	680	108	659	
2006	581	85	566	
2007	454	73	445	7.869

3.3.2 Datenmaterial Milchrind (HF)

Die Herdbuchdaten für die Milchrinder (Sächsische Population) stammen aus der Datenbank „Milchrind Sachsen“. Diese erhielt die Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) vom VIT. Ähnlich wie beim Pferd wurden Stamm-, Pedigree- sowie Besamungsdaten in die Datenbank importiert (siehe Struktur Datenbank beim Pferd, Abbildung 5). Die Milchrind-Datenbank ist auf Grund der Tierzahl die größte der fünf Datenbanken. Allerdings enthält die DB nur Herdbuchkühe, die schon eine Laktation begonnen haben, also keine Kälberinformationen (aktuellstes Geburtsjahr 2004). Dadurch liegen die aktuellsten Geburtsdaten vier Jahre zurück. Insgesamt sind in der Datenbank 1 615 337 Datensätze (= Tiere und Ahnen aller Rassen) enthalten. Die Datensätze in Tabelle 19 umfassen alle Tiere mit der entsprechenden Rassebezeichnung.

Die Entwicklung des Herdbuchbestandes in Sachsen für die Deutschen Holsteins sächsische Population ist in Tabelle 19 zu sehen.

Tabelle 19: Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr beim Deutschen Holstein sächsische Population

Jahr	Nachkommen	Väter	Mütter	Datensätze
1998	66.087	855	65.258	
1999	61.579	856	60.771	
2000	61.857	843	61.047	
2001	58.159	853	57.337	
2002	57.526	913	56.798	
2003	53.276	845	52.587	
2004	8.748	408	8.694	1.021.494

3.3.3 Datenmaterial Pferderassen

Die Herdbuchdaten der Pferderassen in Sachsen stammen aus der APIIS-Datenbank („horse“) der LfL. Diese enthält die Pferdedaten vom Sächsisch-Thüringischen Pferdezüchtverband e.V. und damit stammen die Daten aus Sachsen und Thüringen. Die Abbildung 5 zeigt die Datenstruktur bei den Pferden. Leistungsdaten sind in der DB „horse“ zwar vorhanden, aber in die DB „pferd“ nicht übernommen wurden. Die Datenbank „pferd“ musste neu erstellt werden, da mehrere Rassencodes in der DB „horse“ für eine Rasse zutreffend waren (historisch begründet bzw. Zusammenschluss von Rasseschlägen). In Tabelle 20 ist die Anzahl Zuchttiere für das Deutsche Sportpferd und das Schwere Warmblut zusammengestellt.

Tabelle 20: Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr beim Deutschen Sportpferd und Schweren Warmblut

Jahr	Deutsches Sportpferd				Schweres Warmblut			
	Väter	Mütter	DS	NK	Väter	Mütter	DS	
2002	475	159	474		334	39	333	
2003	409	140	407		391	42	391	
2004	418	129	418		361	45	361	
2005	382	124	382		352	40	352	
2006	398	143	397	24.211	337	44	335	11.191

Legende: NK = Nachkommen, DS = Datensätze mit der entsprechenden Rassebezeichnung

Insgesamt sind in der Datenbank 88 860 Datensätze (= Tiere und Ahnen aller Rassen) enthalten. Die aktuellsten Daten sind vom März 2008. Die Datensätze in Tabelle 20 umfassen alle Tiere mit der entsprechenden Rassebezeichnung.

Beispiel: Wurde bei einem Deutschen Sportpferd ein Vollblut eingekreuzt, so zählt dieses nicht mit zu der Anzahl Datensätze. In Tabelle 21 ist die Anzahl Zuchttiere für das Rheinisch-Deutsche Kaltblut und den Haflinger zusammengestellt.

Tabelle 21: Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr beim Rheinisch-Deutschen Kaltblut und Haflinger

Jahr	Rheinisch-Deutschen Kaltblut				Haflinger			
	Väter	Mütter	DS	NK	Väter	Mütter	DS	
2002	20	7	20		166	40	166	
2003	23	8	23		146	35	146	
2004	25	10	25		149	32	149	
2005	46	13	46		147	31	147	
2006	60	12	60	1.282	147	32	147	8.072

Legende: NK = Nachkommen, DS = Datensätze mit der entsprechenden Rassebezeichnung

3.3.4 Datenmaterial Schaf- und Ziegenrassen

Die Herdbuchdaten der Schaf- und Ziegenrassen in Sachsen stammen aus der APIIS-Datenbank „OVICAP“ der LfL. Diese enthält die Schaf- und Ziegendaten vom Sächsischen Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V. Da die Datenbankstruktur von „OVICAP“ übernommen wurde, sind jegliche Daten zu den Tieren enthalten. In diesem Projekt liegt der Schwerpunkt auf den Stamm-, Pedigree-, Besamungs- und Ablammdaten, ähnlich wie bei der Pferdedatenbank. In Tabelle 22 ist die Anzahl Zuchttiere für das Merinofleischschaf, das Schwarzköpfige Fleischschaf und das Ostfriesische Milchschaaf zusammengestellt.

Tabelle 22: Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr beim Merinofleischschaf, Schwarzköpfigen Fleischschaf und Ostfriesischen Milchschaaf

Jahr	Merinofleischschaf			Schwarzk. Fleischschaf			Ostfr. Milchschaaf		
	Väter	Mütter	NK	Väter	Mütter	NK	Väter	Mütter	
2001	1.066	16	586	580	15	292	1.213	46	598
2002	810	15	455	455	16	256	1.298	45	633
2003	1.023	13	602	512	12	298	1.088	46	575
2004	1.138	12	651	617	16	340	989	35	470
2005	870	12	474	429	16	265	904	29	466
2006	324	7	177	365	13	235	886	31	460
DS	32.580			8.598			13.795		

Legende: NK = Nachkommen, DS = Datensätze mit der entsprechenden Rassebezeichnung

Insgesamt enthält die Datenbank 121 635 Datensätze (= Tiere und Ahnen aller Rassen). Die aktuellsten Daten sind aus dem Jahr 2006. Die Datensätze in Tabelle 22 umfassen alle Tiere mit der entsprechenden Rassebezeichnung. In Tabelle 23 ist die Anzahl Zuchttiere für die Skudde und das Leineschaf zusammengestellt.

Tabelle 23: Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr bei der Skudde und dem Leineschaf

Jahr	Skudde				Leineschaf			
	Väter	Mütter	DS	NK	Väter	Mütter	DS	
2001	186	19	123		145	7	84	
2002	154	17	105		159	7	109	
2003	168	21	124		208	7	110	
2004	203	22	136		245	10	151	
2005	234	21	161		318	12	197	
2006	199	20	154	2.973	199	11	132	2.319

Legende: NK = Nachkommen, DS = Datensätze mit der entsprechenden Rassebezeichnung

In Tabelle 24 ist die Anzahl Zuchttiere für die Weiße Deutsche Edelziege und die Thüringer Wald Ziege zusammengestellt.

Tabelle 24: Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr bei der Weißen Deutschen Edelziege und der Thüringer Wald Ziege

Jahr	Weiße Deutsche Edelziege				Thüringer Wald Ziege			
	Väter	Mütter	DS	NK	Väter	Mütter	DS	
2001	862	31	444		93	16	49	
2002	1.349	29	736		89	17	46	
2003	1.486	34	879		125	19	69	
2004	1.662	32	878		132	16	71	
2005	1.836	31	935		148	18	77	
2006	1.542	18	770	14.644	131	12	69	1.301

Legende: NK = Nachkommen, DS = Datensätze mit der entsprechenden Rassebezeichnung

3.3.5 Datenmaterial Schweinerassen

Die Herdbuchdaten der Schweinerassen in Sachsen stammen vom Mitteldeutschen Schweine-zuchtverband e.V. Diese werden in der APIIS-Datenbank „ZWISSS“ der LfL integriert. Diese Da-tenbank umfasst nicht nur sächsische Schweinedaten, sondern von ganz Mitteldeutschland. Da die Datenbankstruktur von „ZWISSS“ für dieses Projekt übernommen wurde, sind jegliche Daten zu den Tieren enthalten. In diesem Projekt liegt der Schwerpunkt auf den Stamm-, Pedigree-, Besa-mungs- und Abferkeldaten, ähnlich wie bei der Pferdedatenbank. In Tabelle 25 ist die Anzahl Zuchttiere für die Deutsche Landrasse und das Deutsche Edelschwein zusammengestellt.

Tabelle 25: Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr der Deutschen Landrasse und dem Deutschen Edelschwein

Jahr	Deutsche Landrasse				Deutsches Edelschwein			
	Väter	Mütter	DS	NK	Väter	Mütter	DS	
2002	11.260	154	2.972		3.912	118	937	
2003	10.198	155	2.783		4.028	114	940	
2004	9.850	111	2.614		4.183	117	891	
2005	9.904	92	2.545		3.916	110	835	
2006	6.265	78	1.824	195.453	2.231	65	604	52.712

Legende: NK = Nachkommen, DS = Datensätze mit der entsprechenden Rassebezeichnung

Insgesamt enthält die Datenbank 886 014 Datensätze (= Tiere und Ahnen aller Rassen), die aktu-ellsten Daten stammen aus dem Jahr 2006. Die Datensätze in Tabelle 25 umfassen alle Tiere mit der entsprechenden Rassebezeichnung. In Tabelle 26 ist die Anzahl Zuchttiere für das Pietrain und das Deutsche Sattelschwein zusammengestellt.

Tabelle 26: Anzahl Tiere (Nachkommen und Eltern) nach Geburtsjahr beim Pietrain und dem Deutschen Sattelschwein

Jahr	Pietrain				Deutsches Sattelschwein			
	NK	Väter	Mütter	DS	NK	Väter	Mütter	DS
2002		1.340	156	315		62	23	31
2003		1.351	162	318		83	15	35
2004		1.438	170	332		70	18	29
2005		1.017	145	249		78	15	28
2006		598	70	150	22.773	25	7	9
								1.903

Legende: NK = Nachkommen, DS = Datensätze mit der entsprechenden Rassebezeichnung

Zu beachten ist, dass die Daten für das Geburtsjahr 2006 noch nicht vollständig sind.

3.4 Parameter für die Populationsanalyse

Die folgenden Parameter wurden ausgewählt, um eine populationsgenetische Untersuchung bei den sächsischen Nutztierassen durchzuführen.

3.4.1 Pedigreevollständigkeit

Der Inzuchtkoeffizient ist, sofern Inzucht vorkommt, abhängig von der Pedigreevollständigkeit. Je tiefer der Pedigree ist, desto höher ist der Inzuchtkoeffizient. Dieses Verhalten ist zwar degressiv, zeigt aber dennoch genügend Auswirkung. Ganz gravierend ist das bei Populationen, in welche Tiere mit ganz unbekanntem Elterntieren aufgenommen werden. Da die Eltern unbekannt sind, zeigt das Tier einen Inzuchtkoeffizienten von 0,0. Wäre die Abstammung bekannt, könnte auch ein Inzuchtverhältnis größer 0,0 bestehen. Somit ist zu beachten, dass der Inzuchtkoeffizient durch diese Abhängigkeit meist unterschätzt wird. Die gewichtete Pedigreevollständigkeit wurde nach einer Formel von MACCLUER (1983) berechnet:

$$I_d = 4 \times \frac{I_{pat} \times I_{mat}}{I_{pat} + I_{mat}}$$

mit

$$I_{dpat,mat} = \frac{1}{4} \sum_{i=1}^d a_i$$

$pat / mat =$ = väterliche bzw. mütterliche Linie des Nachkommen

a_i = Anteil an bekannten Ahnen in der Generation i

d = Anzahl der Generationen, die in der Berechnung berücksichtigt werden sollen

3.4.2 Generationsintervall

Das Generationsintervall ist der Schlüsselfaktor auf den Einfluss der Veränderung des genetischen Prozesses und zeigt daher großen Einfluss auf die genetische Struktur der Population. Definiert ist das Generationsintervall als das mittlere Alter der Eltern bei der Geburt der zur Zucht verwendeten Nachkommen (FALCONER und MACKAY 1996). Je kürzer das Generationsintervall, desto größer ist in der Reinzucht der mögliche Zuchtfortschritt je Zeiteinheit in einem Merkmal, wenn pro Generation ein konstanter Leistungsfortschritt erzielt wird. Bei der Betrachtung der Erhaltungszucht gilt: Je länger das Generationsintervall ist, umso geringer ist der durchschnittliche Inzuchtzuwachs pro Jahr, d.h. es sollte aus Sicht der Minimierung des jährlichen Inzuchtzuwachses ein möglichst langes Generationsintervall angestrebt werden.

Die Berechnung des Generationsintervalls erfolgt mit der Gleichung:

$$GI_i = \frac{\sum_{j=1}^k t_{ij} \times n_{ij}}{\sum_{j=1}^k n_{ij}}$$

- GI_j = Beitrag eines Tieres i zum Generationsintervall
 n_{ij} = Anzahl der Nachkommen des i-ten Tieres bei der j-ten Geburt
 t_{ij} = Alter des i-ten Tieres bei der j-ten Geburt
 k = Anzahl der Geburten des Tieres

Selektierte Nachkommen sind Nachkommen, welche selber schon für die Zucht eingesetzt wurden.

3.4.3 Familiengröße

Die Familiengröße gibt an, wie viel Nachkommen ein Tier bekommen hat, die selber wieder in der Zucht eingesetzt werden. Das heißt, die Familiengröße ist ein Parameter zum Einschätzen des Übertrages von Allelen eines Tieres auf die nächste Generation. Unter idealen Bedingungen (siehe FALCONER und MACKAY 1996) haben alle Eltern eine gleiche Chance, Nachwuchs hervorzubringen. Ungleiche Verteilung führt zu Unterschieden in der Familiengröße. Dabei kann die Inzuchtrate steigen, demzufolge sinkt die effektive Populationsgröße. Die Varianz der Familiengröße kann nur reduziert werden, wenn alle Eltern gleiche Nachkommenzahlen bringen können.

3.4.4 Inzuchtkoeffizient

Der Inzuchtkoeffizient F ist definiert als der erwartete Anteil der Individuen einer Population, die an einem beliebigen Genort abstammungsidentische Allele besitzen. Je tiefer und korrekter der Pedigree aufgebaut ist, desto genauer ist die Aussage des Inzuchtkoeffizienten.

Mit Hilfe der Formel (WRIGHT 1923):

$$F_x = \sum (0,5^{n+n'+1} \times (1 + F_A))$$

- F_x = des Individuums X
 n = Anzahl der Generationen von einem Elter bis zu einem gemeinsamen Vorfahren beider Eltern
 n' = Anzahl der Generationen vom anderen Elter bis zum gemeinsamen Vorfahren
 F_A = Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Vorfahren

wird der Inzuchtkoeffizient für jedes Tier errechnet. Dabei ist zu beachten, dass dieser F-Wert die gesamte aus den vorliegenden Informationen ableitbare Inzucht ausdrückt und immer ein Schätzwert bleibt. Eigentlich würden für züchterische Zwecke drei bis vier Ahnengenerationen genügen, weil weiter zurückliegende gemeinsame Ahnen wegen der sogenannten Generationsverdünnungsrate sowieso wenig zum Inzuchtkoeffizienten beitragen.

3.4.5 Inzuchtrate ΔF

ΔF (= Inzuchtrate) ergibt sich aus der Differenz zwischen dem Inzuchtkoeffizienten der Nachkommen und dem Inzuchtkoeffizienten ihrer Eltern geteilt durch die Restheterozygotie der Eltern. Hier gilt das gleiche zur Pedigreevollständigkeit wie bei dem Inzuchtkoeffizient, da die Inzuchtrate aus dem Inzuchtkoeffizienten berechnet wird. Zur Ermittlung der Inzuchtzunahme beim jüngsten Generationswechsel von den Eltern auf die aktuell geborenen Nachkommen wurde die Formel von FALCONER und MACKAY (1989) verwendet:

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

- F_t = Durchschnittlicher Inzuchtkoeffizient der Nachkommen pro Geburtsjahr
 F_{t-1} = Durchschnittlicher Inzuchtkoeffizient der Eltern der Nachkommen pro Geburtsjahr
 $1 - F_{t-1}$ = effektive Populationsgröße Restheterozygotie der Eltern

3.4.6 Effektive Populationsgröße N_e

Für die Berechnung der effektiven Populationsgröße werden vier verschiedene Formeln mit unterschiedlichen Annahmen angewendet. Diese vier Formeln wurden in diesem Projekt für die Populationsanalyse genutzt und miteinander verglichen. Die Berechnung der ersten Formel erfolgte über die tatsächliche Elternzahl, also Zensus-basiert.

N_e Zensus-basiert: Diese Formel ist als einzige nicht auf Pedigreeinformationen angewiesen, weshalb diese zurzeit oft in Anwendung ist (siehe WWW.GENRE.DE). Es kommen allerdings idealisier-

rende Annahmen zum Tragen, da keine Informationen zu den Inzuchtverhältnissen berücksichtigt werden und damit die effektive Populationsgröße oft überschätzt wird.

$$N_e = 4 \times \left(\frac{V_n \times M_n}{V_n + M_n} \right)$$

N_e = effektive Populationsgröße

V_n = vorhandene Vatertiere

M_n = vorhandene Muttertiere

Bei der Nutzung dieser Formel für die hier vorliegenden Daten muss beachtet werden, dass nicht die tatsächliche Elternzahl, sondern nur die Eltern, welche Nachkommen gebracht haben, eingesetzt wurden. Grund dafür waren die schlechten Angaben zum Zuchtstatus des Tieres (Abgangsdatum fehlt), weshalb dann sehr hohe Zuchttierzahlen auftraten.

N_e Pedigree-basiert - I: In Folge werden drei Pedigree-basierte Formeln vorgestellt. Hier wird der funktionale Zusammenhang von Inzucht und effektiver Populationsgröße genutzt. Die Voraussetzung für eine erfolgreiche Anwendung dieser Formeln ist ein korrekter und vollständiger Pedigree. Die am häufigsten in der Literatur verwendete Formel (FALCONER und MACKAY 1996) aus dieser Gruppe nutzt die Inzuchtrate (siehe Abschnitt 3.4.5) einer Population zur Berechnung:

$$N_e = \frac{1}{2 \times \Delta F}$$

N_e = effektive Populationsgröße

ΔF = Inzuchtzunahme pro Generation

Durch Einsetzen von ΔF aus Abschnitt 3.4.5 wird die erzielte effektive Populationsgröße während des letzten Generationswechsels ermittelt.

N_e Pedigree-basiert - II: Die zweite Pedigree-basierte Formel (FALCONER und MACKAY 1996) nutzt statt der Inzuchtrate die Zunahme der additiv-genetischen Verwandtschaft Δf . Diese ist bei zufälliger Paarung gleich der Inzuchtrate. Eine veränderte additiv-genetische Verwandtschaft ist also gleichzeitig ein Indiz für eine nicht zufällige Paarung.

Folgende Formel wurde dafür verwendet:

$$N_e = \frac{1}{2 \times \Delta f}$$

N_e = effektive Populationsgröße
 Δf = Zunahme der additiv-genetischen Verwandtschaft

N_e Pedigree-basiert - III: Bei der dritten Pedigree-basierten Formel wird der natürliche Logarithmus zur Berechnung der N_e auf die Inzuchtrate übertragen. Dazu wurde folgende Formel verwendet:

$$N_e = \frac{1}{\ln(1 - \Delta F)}$$

N_e = effektive Populationsgröße
 ΔF = Inzuchtzunahme pro Generation

Im Rahmen des „Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und Nachhaltigen Nutzung Tiergenetischer Ressourcen“ (TGR-NFTG 2003) erfolgt wegen unvollständiger Abstammungsinformationen die Berechnung der effektiven Populationsgröße im Moment auf der Basis der aktuellen Bestandszahlen. Durch diese gibt es die Einstufung in verschiedene Gefährdungskategorien, was zugleich auch eine Handlungskaskade auslöst:

PERH	- Phänotypische Erhaltungspopulation	$N_e < 50$,
ERH	- Erhaltungspopulation	$N_e \geq 50$ und < 200 ,
BEO	- Beobachtungspopulation	$N_e \geq 200$ und < 1.000 ,
NG	- Nicht gefährdete Population	$N_e \geq 1.000$.

Grundlegend soll die N_e auf Basis von Pedigreedaten berechnet werden.

3.5 Populationsanalyse

3.5.1 Erstellung der Populationsanalyse

Nach dem Importieren der Herdedaten für jede Tierart wird jeweils info_ped.pl gestartet, um Pedigree-Loops (Beispiel: Tochter ist auch Großmutter der Mutter) auszuschließen bzw. vorhandene Loops auszuschneiden. Anschließend kann mit dem Erstellen der Inzucht- und der Populationstabellen (GROENEVELD et al.) mit Hilfe eines Perl-Skriptes unter APIIS (adaptable platform independent information system) (GROENEVELD 2004) begonnen werden. Diese Skripte berechnen die unter Abschnitt 3.4 vorgestellten Parameter für jedes Tier bzw. Rasse automatisch und werden dann in Tabellen zusammengeführt. Auf Basis dieser Tabellen entstanden in diesem Projekt die vorliegenden Populationsanalysen für jede Tierart. Diese wurden mit Hilfe der Programmiersprache "Perl" (www.perl.org) und LaTeX geschrieben. Ausgabesprache ist Deutsch. Für die Abbildungen wurde das Statistik-Programmpaket „R“ (WWW.R-PROJEKT.ORG) verwendet. Die fertige Populationsanalyse wird im PDF-Format ausgegeben. Im Anhang 8.1 ist der exakte Verfahrensablauf dokumentiert.

Die Populationsanalyse teilt sich in Abschnitte ein, die in Abbildung 7 dargestellt sind.

- 1 Zusammenfassung
 - 1.1 Datenmaterial
 - 1.1.1 Anzahl Tiere
 - 1.2 Datenqualität
 - 1.2.1 Pedigreevollständigkeit
 - 1.3 Generationsintervall
 - 1.4 Inzuchtkoeffizienten
 - 1.4.1 Durchschnittliche Inzucht der Nachkommen und der Eltern pro Jahr
 - 1.5 Effektive Populationsgröße und Inzuchtrate
 - 1.5.1 Berechnung der effektiven Populationsgröße und der Inzuchtrate nach Jahren
 - 1.5.2 Einstufung der Effektiven Populationsgröße N_e zensusbasiert (nach DGfZ)
- 2 Übersichtst Statistik
 - 2.1 Anzahl zuchtaktiver Tiere in Deutschland
 - 2.2 Familiengröße
 - 2.3 Altersstruktur der männlichen und weiblichen Zuchttiere zur Geburt ihrer Nachkommen
- 3 Generationsintervall
- 4 Vollständigkeit des Pedigrees
- 5 Inzuchtreport
 - 5.1 Inzucht nach Jahren
 - 5.1.1 Verteilung der Inzucht bei den Nachkommen nach Jahren
 - 5.1.2 Anzahl der Inzuchttiere und Eltern pro Jahr
 - 5.1.3 Inzucht der Nachkommen pro Jahr - alle Tiere
 - 5.1.4 Inzucht der Nachkommen pro Jahr - Inzuchttiere
 - 5.1.5 Durchschnittliche Inzucht der Nachkommen und der Eltern pro Jahr
 - 5.1.6 Aktive Väter nach Inzuchtkoeffizient
 - 5.1.7 Aktive Mütter nach Inzuchtkoeffizient
- 6 Effektive Populationsgröße
 - 6.1 Effektive Populationsgröße nach Jahren
 - 6.1.1 Berechnung der effektiven Populationsgröße
 - 6.2 Einstufung der Effektiven Populationsgröße N_e zensusbasiert (nach DGfZ)
 - 6.2.1 Die Berechnung der effektiven Populationsgröße N_e über eine Logarithmusfunktion
 - 6.2.2 Berechnung der effektiven Anzahl Väter über die Wahrscheinlichkeit der Identität
 - 6.2.3 Berechnung der effektiven Anzahl von Eltern, Vätern und Müttern über die Inzuchtrate
 - 6.3 Basistiere
 - 6.3.1 Berechnung der Anzahl von Tieren bei denen Vater und Mutter bekannt oder unbekannt sind, als Anzahl von Basistieren nach dem Geburtsjahr

1

Abbildung 7: Inhaltsverzeichnis der Populationsanalyse

3.5.2 Weitere Programme

Während der Projektlaufzeit sind noch weitere Darstellungen bzw. Auswertungen erstellt worden (mit Unterstützung von Dr. Ralf Fischer und Dr. Ulf Müller, LfL). Das Programm `animal_ped.pl` erstellt den Pedigree eines Tieres mit einer selbst zu definierenden Anzahl von Generationen und Merkmalen. Unter dem Pedigree können die Genanteile, d. h., welche Rassen sind bei diesem Tier eingekreuzt worden, mit angezeigt werden. Dieses Programm wurde in Perl geschrieben. Ein Beispiel ist in Anhang 8.2 zu finden.

Ein weiteres Programm, bestehend aus den Teilen makepics.pl und maketex.pl, kann Übereinstimmungen von Pedigreeinformationen bei Tiergruppen abbilden. Ein Beispiel zum Roten Höhenvieh ist der Vergleich von zwei Tiergruppen, die in unterschiedlichen Bundesländern stehen. Hier stellte sich die Frage, ob es gemeinsame Vorfahren von diesen Tieren gibt, damit eingeschätzt werden kann, ob sich die Population auch über Bundeslandgrenzen hinaus vermischt.

4 Ergebnisse

4.1 Pferd

Bei den in Sachsen gezüchteten Pferderassen wird in diesem Bericht schwerpunktmäßig auf die Rassen Deutsches Sportpferd, Schweres Warmblut, Rheinisch-Deutsches Kaltblut sowie die Haflinger eingegangen. Bei den Herdbuchdaten der Pferderassen wurden die Tiere des Sächsisch-Thüringischen Pferdezuchtverbandes genutzt. Aus den in Kapitel Material und Methoden unter Punkt 3.3.3 vorgestellten Populationszahlen geht deutlich hervor, dass vor allem bei der Rasse Deutsches Sportpferd die Bedeckung mit Bundesland übergreifenden Hengsten genutzt worden ist. Das zeigt sich an dem engen Verhältnis eingesetzter Hengste zu den Stuten.

4.1.1 Pedigreevollständigkeit

Die Pedigreevollständigkeit wird in Tabelle 27 bis Tabelle 31 ausführlich dargestellt, da sie ein Parameter für die Einschätzung der Inzucht in einer Population ist. Der Inzuchtkoeffizient ist, sofern Inzucht vorkommt, abhängig von der Pedigreevollständigkeit. Je tiefer der Pedigree, desto höher der Inzuchtkoeffizient. Dieses Verhalten ist zwar degressiv, zeigt aber dennoch genügend Auswirkung. Ganz gravierend ist das bei Populationen, in die Tiere mit unbekanntem Elterntieren aufgenommen werden. Da die Eltern unbekannt sind, zeigt das Tier einen Inzuchtkoeffizienten von 0,0. Wäre die Abstammung bekannt, könnte auch ein Inzuchtverhältnis größer 0,0 bestehen. Somit ist zu beachten, dass der Inzuchtkoeffizient durch diese Abhängigkeit meist unterschätzt wird.

Bei der Betrachtung der Rasse Deutsches Sportpferd in Tabelle 27 zeigt sich, dass zumindest in den Jahren 2004 und 2005 Nachkommen eingetragen worden sind, die mindestens bekannte Eltern hatten. Die Vollständigkeit geht dann auf ca. 50 % zurück, wenn von der Population fünf Generationen untersucht werden.

Tabelle 27: Pedigreevollständigkeit Deutsches Sportpferd in Prozent

Jahr	n-Nachkommen	bis 1.	bis 2.	bis 3.	bis 4.	bis 5.
		Generation (in %)				
2002	654	99,5	90,9	70,2	55,1	45,1
2003	571	99,6	92,9	72,3	56,8	46,4
2004	551	100,0	95,0	75,8	60,0	49,1
2005	518	100,0	96,3	77,7	61,5	50,5
2006	528	99,8	95,5	75,6	59,5	48,6

Legende: n = Anzahl

Viel günstiger ist der Fakt, wenn das Zuchtbuch einer Population geschlossen ist. Das gibt es nur bei sehr wenigen Nutztierarten wie z.B. beim Vollblut, Trakehner oder wie in diesem Fall, beim Sächsisch-Thüringischen Schweren Warmblut. Das bedeutet, dass keine Tiere mit unbekannter Abstammung in das Herdbuch mehr aufgenommen werden. Das Zuchtbuch des Sächsisch-Thüringischen Schweren Warmblutes ist seit 2004 geschlossen. Die Tabelle 28 zeigt die Ergebnisse nach der Pedigreeanalyse. Die Pedigreevollständigkeit bei der Betrachtung von fünf Generationen liegt bei mehr als 90 %. Das ist bei einem Generationsintervall von ca. neun Jahren ein guter Stand.

Tabelle 28: Pedigreevollständigkeit Schweres Warmblut

Jahr	n-Nachkommen	bis 1.	bis 2.	bis 3.	bis 4.	bis 5.
		Generation (in %)				
2002	344	99,7	99,0	95,9	92,0	88,7
2003	400	100,0	99,9	98,0	95,3	92,8
2004	374	100,0	99,7	97,3	94,3	91,7
2005	361	100,0	99,7	97,6	95,0	92,7
2006	348	100,0	99,4	97,8	95,7	93,6

Legende: n = Anzahl

Die sächsisch-thüringische Population des Rheinisch-Deutschen Kaltblutes zeigt hinsichtlich der Pedigreevollständigkeit in der Elterngeneration 100 % an (Tabelle 29). In der 5. Generation liegt sie mit mehr als 60 % um 10 % höher als beim Deutschen Sportpferd.

Tabelle 29: Pedigreevollständigkeit Rheinisch-Deutsches Kaltblut

Jahr	n-Nachkommen	bis 1.	bis 2.	bis 3.	bis 4.	bis 5.
		Generation (in %)				
2002	46	100,0	91,7	78,0	64,4	53,7
2003	54	100,0	96,3	84,2	71,7	61,0
2004	73	100,0	94,7	81,9	70,9	61,0
2005	82	100,0	97,2	86,4	75,3	64,8
2006	71	100,0	96,9	88,2	77,2	66,7

Legende: n = Anzahl

Die Pedigreevollständigkeit der sächsisch-thüringischen Population des Haflingers liegt mit ca. 58 % in der 5. Generation im Niveau zwischen dem Deutschen Sportpferd und dem Rheinisch-Deutschen Kaltblut. Auch hier zeigt sich die Elterngeneration der aktuellen Nachkommen als vollständig.

Tabelle 30: Pedigreevollständigkeit Haflinger

Jahr	n-Nachkommen	bis 1.	bis 2.	bis 3.	bis 4.	bis 5.
Generation (in %)						
2002	166	100,0	89,6	77,8	66,8	56,7
2003	147	100,0	92,4	80,0	68,8	58,5
2004	149	100,0	93,8	80,6	68,1	57,6
2005	148	100,0	93,9	78,8	66,5	56,3
2006	147	100,0	94,1	79,9	68,1	58,1

Legende: n = Anzahl

Zur Zusammenfassung der Ergebnisse bei der Pedigreeanalyse zeigt die Tabelle 31 eine entsprechende Übersicht. Es wurden die Pedigreevollständigkeiten der Nachkommen aus dem Jahr 2006 abgebildet.

Tabelle 31: Pedigreevollständigkeit bei den Pferderassen für die im Jahr 2006 geborenen Nachkommen

Pferderasse	bis 1.	bis 2.	bis 3.	bis 4.	bis 5.
Generation (in %)					
Deutsches Sportpferd	99,8	95,5	75,6	59,5	48,6
Schweres Warmblut	100,0	99,4	97,8	95,7	93,6
Rhein.-Dt. Kaltblut	100,0	96,9	88,2	77,2	66,7
Haflinger	100,0	94,1	79,9	68,1	58,1

Legende: n = Anzahl

4.1.2 Generationsintervall

Das Generationsintervall ist ein Schlüsselfaktor und zeigt daher großen Einfluss auf die genetische Struktur der Population. Definiert ist das Generationsintervall als das mittlere Alter der Eltern bei der Geburt der zur Zucht verwendeten Nachkommen (FALCONER und MACKAY 1996). Je kürzer das Generationsintervall, desto größer ist in der Reinzucht der mögliche Zuchtfortschritt je Zeiteinheit in einem Merkmal, wenn pro Generation ein konstanter Leistungsfortschritt erzielt wird. Bei der Betrachtung der Erhaltungszucht gilt: Je länger das Generationsintervall ist, umso geringer ist der durchschnittliche Inzuchtzuwachs pro Jahr, d.h. es sollte aus Sicht der Minimierung des jährlichen Inzuchtzuwachses ein möglichst langes Generationsintervall angestrebt werden.

In Tabelle 32 sind die Generationsintervalle aus den Selektionspfaden Eltern zu männlichen Nachkommen, Eltern zu weiblichen Nachkommen sowie Eltern zu Nachkommen dargestellt:

Tabelle 32: Generationsintervalle für die selektierten Nachkommen im Durchschnitt der Jahre 1998 bis 2003 bei den Pferderassen

Rasse	G m-NK	n m-NK	G w-NK	n w-NK	G-Pop.	n s-NK
DR*	8,8 1,48	91	9,1 0,63	80	8,9 1,03	98
SW	9,8 0,40	80	8,7 0,39	79	9,2 0,21	80
RDK**	9,4 1,93	10	8,3 0,90	9	8,5 0,99	10
Haflinger	8,4 0,73	29	8,3 0,46	27	8,4 0,55	31

Legende: Jahr = Geburtsjahr der Nachkommen, m = männlich, w = weiblich, s = selektiert, G = Generationsintervall, GI-Pop. = Generationsintervall für die gesamte Population, NK = Nachkommen, n = Anzahl, DR = Deutsches Sportpferd, SW = Schweres Warmblut, RDK = Rheinisch-Deutsches Kaltblut, * Jahre: 98-01, 03; ** Jahre: 98, 01-03

Die Ergebnisse bei den Pferderassen liegen zwischen 8,4 und 9,8 Jahren auf dem Selektionspfad Eltern - männliche Nachkommen, zwischen 8,3 und 9,1 Jahren auf dem Selektionspfad Eltern - weibliche Nachkommen und zwischen 8,4 und 9,2 Jahren auf dem Selektionspfad Eltern - Nachkommen. Dabei zeigt der Haflinger das kürzeste und das Schwere Warmblut das längste Generationsintervall.

4.1.3 Familiengröße

Die Familiengröße gibt an, wie viel Nachkommen ein Tier bekommen hat, welche selber wieder in der Zucht eingesetzt werden. Das heißt, die Familiengröße ist ein Parameter zum Einschätzen des Übertrages von Allelen eines Tieres auf die nächste Generation. Unter idealen Bedingungen (siehe FALCONER und MACKAY 1996) haben alle Eltern eine gleiche Chance, Nachwuchs hervorzubringen. Ungleiche Verteilung führt zu Unterschieden in der Familiengröße. Dabei kann die Inzuchtrate steigen und demzufolge sinkt die effektive Populationsgröße. Die Varianz der Familiengröße kann nur dadurch reduziert werden, wenn alle Eltern gleiche Nachkommenzahlen bringen können.

Die Tabelle 33 zeigt die durchschnittliche Familiengröße nach Hengsten und Stuten getrennt bei den Pferderassen. Die Nachkommen wurden in vier Gruppen eingeteilt:

1. alle Nachkommen: alle geborenen Nachkommen
2. selektierte Nachkommen: Nachkommen, welche mindestens einen Nachkommen haben
3. selektierte Söhne: männliche Nachkommen, welche mindestens einen Nachkommen haben
4. selektierte Töchter: weibliche Nachkommen, welche mindestens einen Nachkommen haben.

Tabelle 33: Durchschnittliche Familiengröße bei den Pferderassen für den Zeitraum 2000 bis 2005

NK-Gruppe	Dt. Sportpferd		Schw. Warmblut		RD-Kaltblut		Haflinger	
	V	M	V	M	V	M	V	M
alle NK	6,0	1,9	10,2	2,0	7,8	2,2	10,1	2,2
sel. NK	2,5	1,1	5,5	1,4	3,0	1,3	5,0	1,5
sel. Söhne	1,8	1,0	1,7	1,1	1,4	1,1	1,5	1,1
sel. Töchter	2,4	1,2	5,5	1,4	3,2	1,3	5,6	1,5

Legende: V = Vater, M = Mutter, NK = Nachkommen, sel. = selektiert, V = Vater, M = Mutter, NK = Nachkommen, sel. = selektiert

Im Durchschnitt brachte jeder Hengst: 6 Nachkommen beim Deutschen Sportpferd, 10 Nachkommen beim Schweren Warmblut, 8 Nachkommen beim Rheinisch-Deutschen Kaltblut, 10 Nachkommen beim Haflinger hervor.

Bei den Stuten sind es ungefähr zwei Nachkommen je Zuchttier bei allen Rassen.

4.1.4 Inzuchtkoeffizienten F

Der Inzuchtkoeffizient wird mit Hilfe aller vorhandenen Ahnen für die Nachkommen eines Geburtsjahrganges berechnet. Aus diesem Grund muss immer die jeweilige Pedigreevollständigkeit der Population mit angegeben werden. Je höher die Pedigreevollständigkeit in der 5. Generation ist, desto tiefer ist das Pedigree, desto genauer ist auch der Inzuchtkoeffizient. Ein Vergleich zwischen den Populationen ist nur bei ähnlichen Pedigreeinformationen möglich. Für den Durchschnitt der Inzuchtkoeffizienten der Nachkommen aus den Geburtsjahren 2002 bis 2006 wurde ein Inzuchtkoeffizient von 0,4 % beim Deutschen Sportpferd, von 4,7 % beim Schweren Warmblut, von 3,9 % beim Rheinisch-Deutschen Kaltblut und von 4,5 % beim Haflinger geschätzt. Die Entwicklung über die entsprechenden Jahre ist in Tabelle 34 abgebildet.

Tabelle 34: Inzuchtkoeffizienten der Nachkommen nach Pferderassen

Jahr	Dt. Sportpferd	Schw. Warmblut	RD-Kaltblut	Haflinger
2002	0,34	4,13	3,39	4,81
2003	0,26	4,60	0,72	4,51
2004	0,40	4,53	3,73	4,28
2005	0,36	4,71	4,87	4,46
2006	0,43	5,35	4,01	4,53
AVG	0,36	4,66	3,94	4,52
± STDEV	± 0,06	± 0,44	± 0,56	± 0,19

Legende: Dt. = Deutsches, Schw. = Schweres, RD = Rheinisch-Deutsches

Der Anteil nicht ingezogener Tiere liegt bei den Rassen im Mittel der Geburtsjahrgänge 2002 bis 2006 bei 58,8 % (Deutsches Sportpferd), bei 3,3 % (Schweres Warmblut), bei 51,5 % (Rheinisch-Deutsches Kaltblut) und bei 0,2 % (Haflinger). Bei der Rasse Rheinisch-Deutsches Kaltblut ist auffällig, dass der Anteil ingezüchteter Tiere seit dem Jahr 2005 stark zunimmt. Die maximale Inzucht bei den zuchtaktiven Tieren zeigte der Hengst Cassineto mit 8,5 % (6 NK) und die Stute Laura mit 7,0 % (4 NK) bei der Rasse Deutsches Sportpferd, der Hengst Excellent P mit 11,1 % (45 NK) und die Stute Hanna mit 11,9 % (1 NK) bei der Rasse Schweres Warmblut, der Hengst Fulminant mit 5,6 % (23 NK) und die Stute Sandra mit 10,0 % (2 NK) bei der Rasse Rheinisch-Deutsches Kaltblut und der Hengst Steffel mit 8,3 % (35 NK) und die Stute Mücke mit 10,3 % (3 NK) bei der Rasse Haflinger.

4.1.5 Inzuchtrate ΔF

Im Durchschnitt der letzten fünf Geburtsjahrgänge (2002 bis 2006) nahm die Inzucht von der Eltern- zur Nachkommengeneration um 0,05 % beim Deutschen Sportpferd, um 1,26 % beim Schweren Warmblut und um 1,28 % beim Rheinisch-Deutschen Kaltblut zu. Bei der Rasse Haflinger liegt die Inzuchtrate in einem nicht auswertbaren Bereich (Tabelle 35).

Tabelle 35: Inzuchtzunahme bei den Pferderassen in Prozent

Jahr	Dt. Sportpferd	Schw. Warmblut	RD-Kaltblut	Haflinger
2002	-	1,03	0,92	-
2003	-	1,20	1,55	-
2004	-	0,86	0,88	-
2005	0,05	0,98	1,75	-
2006	0,04	1,26	1,29	-
AVG	0,05	1,07	1,28	-
\pm STDEV	\pm 0,01	\pm 0,16	\pm 0,38	

Legende: Dt. = Deutsches, Schw. = Schweres, RD = Rheinisch-Deutsches

Die Entwicklung der Inzuchtzunahme über die letzten 22 Jahre (Werte: Inzuchtrate der Nachkommen eines Jahres) ist in Abbildung 8 dargestellt. Hier zeigt sich deutlich, dass die Inzuchtrate bei der Population des Deutschen Sportpferdes über mehrere Jahre ausgeglichen niedrig ist. Bei der Rasse Haflinger ist die Inzuchtzunahme ab dem Jahr 1994 im gleichen Bereich, wobei diese dann ab 2001 in den negativen Bereich sinkt. Bei der Rasse Schweres Warmblut variieren die Werte von Jahr zu Jahr. Noch gravierender hinsichtlich der Varianz sieht die Entwicklung der Inzuchtrate bei dem Rheinisch-Deutschen Kaltblut aus. Daraus lässt sich erkennen, dass die Berechnung der effektiven Populationsgröße N_e über die Inzucht (= Pedigree-basiert) ebenfalls große Schwankungen zwischen den Geburtsjahrgängen ergeben wird.

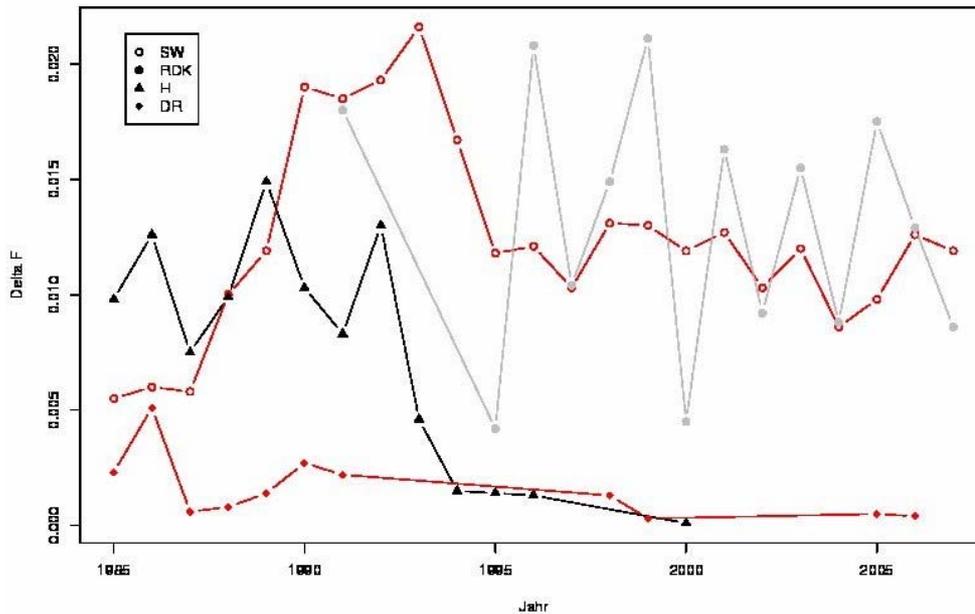


Abbildung 8: Inzucht率 ΔF nach Geburtsjahrgängen von der Eltern- zur Nachkommen-generation bei den Pferderassen

4.1.6 Effektive Populationsgröße N_e

Die effektive Populationsgröße N_e ist für die vier Pferderassen im Vergleich mit den unterschiedlichen Berechnungsmethoden (Zensus- und Pedigree-basiert) in Tabelle 36 dargestellt. Bei der Betrachtung der Ergebnisse zwischen den verschiedenen Berechnungsmethoden fällt die hohe Varianz auf. Im Kapitel Literatur 2.2.4.5 und im Kapitel Material und Methoden unter Punkt 3.4.6 wird auf die Problematik bereits hingewiesen. Die Einordnung der Ergebnisse der effektiven Populationsgröße nach dem „Nationalen Fachprogramm“ erfolgt im Kapitel Diskussion (5.2).

Tabelle 36: Durchschnittliche effektive Populationsgröße N_e und deren Standardabweichung bei den Pferderassen (2002 bis 2006)

Rasse	$N_e = 4 \times \left(\frac{V_n \times M_n}{V_n + M_n} \right)$	$N_e = \frac{1}{2 \times \Delta F}$	$N_e = \frac{1}{2 \times \Delta f}$	$N_e = \frac{1}{\ln(1 - \Delta F)}$
Dt. Sportpferd	416 ± 38,3	1.125 ± 176,6	236 ± 40,1	848
Schw. Warmblut	150 ± 8,6	48 ± 7,2	113 ± 49,1	1282
Rhein.-Dt. Kaltblut	30 ± 9,4	42 ± 12,7	102 ± 94,9	93
Haflinger	110 ± 10,5	-	96* ± 83,3	424

Legende: Formelerläuterung siehe Kapitel Material und Methoden unter Punkt 3.4.6, * Jahre: 2003 - 2006

Die Ergebnisse zur effektiven Populationsgröße auf Zensus-basierter Berechnungsmethode liegen bei den Pferderassen zwischen $N_e = 416$ beim Deutschen Sportpferd und $N_e = 30$ beim Rheinisch-Deutschen Kaltblut. Hier muss allerdings beachtet werden, dass die Zensus-basierte Berechnungsmethode nur bei vollständigem Populationsumfang sinnvoll ist. Davon kann bei den Pferderassen nur beim Schweren Warmblut ($N_e = 150$) ausgegangen werden (Ausnahme: Einzeltiere vor allem in Baden-Württemberg, Oldenburg, Ostfriesland). In der Abbildung 9 ist die Entwicklung der effektiven Populationsgröße (Zensus-basierte Berechnungsmethode) für die Jahre 1985 bis 2006 grafisch dargestellt.

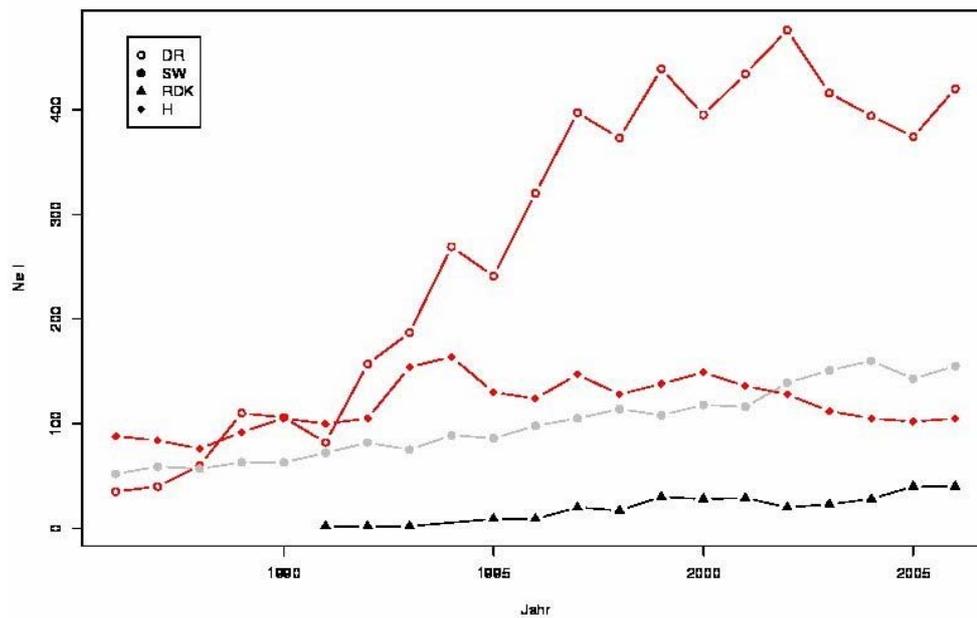


Abbildung 9: Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Zensus-basierte Berechnung bei den Pferderassen

Bei der Pedigree-basierten Berechnungsmethode über die Inzuchtrate sieht die Rangierung genauso aus wie bei der Zensus-basierten Methode, allerdings weichen die Werte mit $N_e = 1125$ beim Deutschen Sportpferd, $N_e = 48$ beim Schweren Warmblut und $N_e = 42$ beim Rheinisch-Deutschen Kaltblut stark ab. Aufgrund der negativen Inzuchtraten beim Haflinger, ergeben sich keine Werte für die Rasse Haflinger. In der Abbildung 10 ist die Entwicklung der effektiven Populationsgröße (Pedigree-basierte Berechnungsmethode über die Inzuchtrate) für die Jahre 1985 bis 2006 grafisch dargestellt.

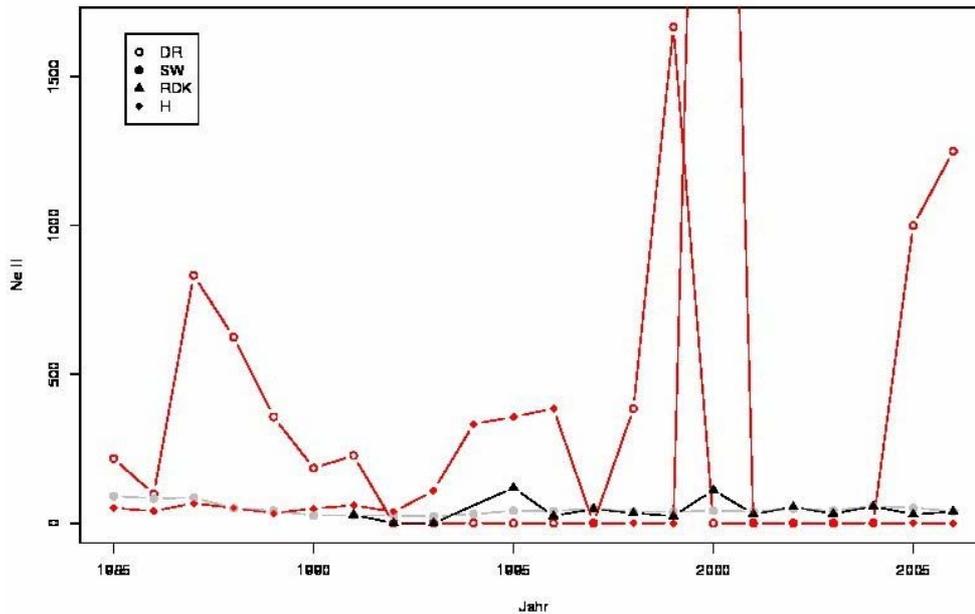


Abbildung 10: Effektive Populationsgröße nach Geburtsjahrgängen über die Pedigree-basierte Berechnung mit ΔF bei den Pferderassen

Unterschiede bei der Rangierung der vorgestellten Pferderassen in Bezug auf die effektive Populationsgröße in Tabelle 36 gibt es bei den weiteren zwei Pedigree-basierten Berechnungsmethoden: Die -Werte liegen zwischen $N_e = 236$ beim Deutschen Sportpferd und $N_e = 93$ beim Haflinger, wenn bei der Berechnung statt der Inzuchtrate die additiv-genetische Verwandtschaft genutzt wird. Bei der Berechnung mit einer Logarithmusfunktion und der Inzuchtrate liegen die Werte zwischen $N_e = 1\,282$ beim Schweren Warmblut und $N_e = 93$ beim Rheinisch-Deutschen Kaltblut.

4.2 Schaf und Ziege

Bei den in Sachsen gezüchteten Schafrassen wird in diesem Bericht schwerpunktmäßig auf die Rassen Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf, Ostfriesisches Milchschaaf, Skudde sowie das Leineschaf eingegangen. Bei den Ziegenrassen sind die Rassen Weiße Deutsche Edelziege und Thüringer Wald Ziege abgebildet. Dabei gingen die Herdbuchdaten vom Sächsischen Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V. in die Auswertung ein.

4.2.1 Pedigreevollständigkeit²

Aufgrund der Anzahl der hier ausgewerteten Schaf- und Ziegenrassen wird nur die Pedigreevollständigkeit der Nachkommen im Jahr 2006 vorgestellt (Tabelle 37). Es zeigt sich, dass außer beim Ostfriesischen Milchschaaf, dem Leineschaaf und der Weißen Deutschen Edelziege, welche in der 1. Generation annähernd 100 % erreichen, die anderen Rassen noch unbekannte Eltern aufweisen. Die geringste Pedigreevollständigkeit in der 1. Generation mit 83 % weist das Merinofleischschaf auf. In der 5. Generation hat das Ostfriesische Milchschaaf immerhin noch eine Vollständigkeit von 87 %, gefolgt vom Leineschaaf und der Weißen Deutschen Edelziege mit um die 70 % Vollständigkeit. Nur noch um die 50 % Vollständigkeit zeigen das Schwarzköpfige Fleischschaf und das Merinofleischschaf.

Tabelle 37: Pedigreevollständigkeit bei den Schaf- und Ziegenrassen für die im Jahr 2005 geborenen Nachkommen

Rasse	bis 1.	bis 2.	bis 3.	bis 4.	bis 5.
	Generation (in %)				
Merinofleischschaf	83,3	80,2	69,8	57,7	47,5
Schwarzköpfiges Fleischschaf	92,6	89,8	73,9	60,9	50,6
Ostfriesisches Milchschaaf	99,8	99,0	97,1	93,0	87,1
Skudde	95,9	90,9	84,0	76,8	69,4
Leineschaaf	99,1	98,3	93,9	82,9	71,5
Weißer Deutsche Edelziege	98,8	97,3	91,5	82,4	70,0
Thüringer Wald Ziege	93,9	92,3	77,7	63,6	60,4

4.2.2 Generationsintervall

In Tabelle 38 sind die Generationsintervalle aus den Selektionspfaden Eltern zu männlichen Nachkommen, Eltern zu weiblichen Nachkommen sowie Eltern zu Nachkommen dargestellt:

² Eine niedrige Pedigreevollständigkeit (z. B. beim Merinofleischschaf) kann auch technisch bedingt sein, d.h. in den Datensystemen fehlten noch historische Daten.

Tabelle 38: Generationsintervalle für die selektierten Nachkommen im Durchschnitt der Jahre 2000 bis 2004 bei den Schaf- und Ziegenrassen

Rasse	G m-NK	n m-NK	G w-NK	n w-NK	G-Pop.	n s-NK
MFS.	3,3 ± 0,72	112	4,5 ± 0,39	128	4,0 ± 0,48	130
SKF.	3,3 ± 0,38	66	4,3 ± 0,26	68	3,7 ± 0,18	68
WOM	2,6 ± 0,4	181	3,2 ± 0,18	181	2,9 ± 0,29	181
SKU	3,9 ± 0,78	26	4,3 ± 0,93	26	4,1 ± 0,78	26
LES *	4,1 ± 0,57	43	3,4 ± 0,37	42	3,8 ± 0,15	43
WDZ	2,8 ± 0,72	358	2,7 ± 0,31	362	2,7 ± 0,52	363
TWZ	3,3 ± 0,46	18	3,5 ± 0,46	15	2,9 ± 0,06	19

Legende: Jahr = Geburtsjahr der Nachkommen, m = männlich, w = weiblich, s = selektiert, G = Generationsintervall, GI-Pop. = Generationsintervall für die gesamte Population, NK = Nachkommen, n = Anzahl, * Jahre 2000 bis 2003

Die Generationsintervalle bei den Schafassen liegen zwischen 2,6 und 4,1 Jahren auf dem Selektionspfad Eltern - männliche Nachkommen, zwischen 3,2 und 4,5 Jahren auf dem Selektionspfad Eltern - weibliche Nachkommen und zwischen 2,9 und 4,1 Jahren auf dem Selektionspfad Eltern - Nachkommen. Dabei zeigt das Ostfriesische Milchschaaf das kürzeste und die Skudde das längste Generationsintervall.

Die Ergebnisse bei den Ziegenrassen liegen bei 2,8 und 3,3 Jahren auf dem Selektionspfad Eltern - männliche Nachkommen, bei 2,7 und 3,5 Jahren auf dem Selektionspfad Eltern - weibliche Nachkommen und bei 2,7 und 2,9 Jahren auf dem Selektionspfad Eltern - Nachkommen bei den Ziegenrassen Weiße Deutsche Edelziege und Thüringer Wald Ziege.

4.2.3 Familiengröße

Die Tabelle 39 zeigt die durchschnittliche Familiengröße nach Böcken und Müttern getrennt bei den Schaf- und Ziegenrassen. Die Nachkommen wurden in vier Gruppen eingeteilt:

1. alle Nachkommen: alle geborenen Nachkommen
2. selektierte Nachkommen: Nachkommen, welche mindestens einen Nachkommen haben
3. selektierte Söhne: männliche Nachkommen, welche mindestens einen Nachkommen haben
4. selektierte Töchter: weibliche Nachkommen, welche mindestens einen Nachkommen haben.

**Tabelle 39: Durchschnittliche Familiengröße der Zuchttiere bei den Schaf- und Ziegenras-
sen**

NK-Gruppe	alle NK		sel. NK		sel. Söhne		sel. Töchter	
	V	M	V	M	V	M	V	M
Merinofleischschaf	41,8	5,0	11,6	1,8	1,2	1,0	12,4	1,8
Schwarzköpfiges Fleischschaf	28,6	4,1	6,7	1,5	1,2	1,0	8,4	1,6
Ostfriesisches Milchschaaf	17,6	6,0	5,0	1,9	1,5	1,2	5,8	1,8
Skudde	16,9	4,8	4,5	1,8	1,5	1,1	4,3	1,6
Leineschaf	16,8	3,9	4,6	1,5	1,2	1,0	5,1	1,6
Weißer Deutsche Edelziege	54,6	4,4	14,2	1,7	1,7	1,2	17,1	1,7
Thüringer Wald Ziege	10,1	4,8	2,8	1,5	1,4	1,2	2,8	1,4

Legende: V = Vater, M = Mutter, NK = Nachkommen, sel. = selektiert

Im Durchschnitt brachte jeder Bock

- 42 Nachkommen beim Merinofleischschaf
- 29 Nachkommen beim Schwarzköpfigen Fleischschaf,
- 18 Nachkommen beim Ostfriesischen Milchschaaf,
- 17 Nachkommen beim Skudde,
- 17 Nachkommen beim Leineschaf,
- 55 Nachkommen bei der Weißen Deutschen Edelziege
- 10 Nachkommen bei der Thüringer Wald Ziege

hervor.

Bei den Müttern sind es zwischen 3,9 und 6,0 Nachkommen bei allen Rassen. Hier werden zwischen 1,4 und 1,7 Nachkommen zur Zucht wieder eingesetzt.

4.2.4 Inzuchtkoeffizienten F

Der höchste mittlere Inzuchtkoeffizient der Nachkommen aus den Geburtsjahren 2001 bis 2005 lag bei F = 6,5 % bei der Skudde, gefolgt von der Thüringer Wald Ziege: F = 5,4 %, mit etwas mehr als 2,0 % folgen das Leineschaf und das Ostfriesische Milchschaaf und etwas mehr als 1,0 % haben die restlichen hier vorgestellten Rassen. Die Entwicklung über die entsprechenden Jahre ist in Tabelle 40 dargestellt.

Tabelle 40: Inzuchtkoeffizienten bei den Schaf- und Ziegenrassen in Prozent

Rasse	2001	2002	2003	2004	2005	AVG ± STDEV
Merinofleischschaf	1,27	1,45	0,83	1,24	1,40	1,24 ± 0,24
Schwarzk. Fleischschaf	1,63	1,69	0,25	0,17	2,25	1,20 ± 0,93
Ostfr. Milchscharf	1,39	2,58	3,23	2,26	2,57	2,41 ± 0,67
Skudde	5,41	6,35	7,08	6,09	7,77	6,54 ± 0,91
Leineschaf	2,07	5,74	0,08	0,38	4,85	2,62 ± 2,57
Weißer Dt. Edelziege	0,79	1,09	1,22	1,83	1,76	1,34 ± 0,45
Thüringer Wald Ziege	5,52	3,50	5,62	7,97	4,28	5,38 ± 1,70

Der Anteil nicht ingezogener Nachkommen liegt bei den Schaf- und Ziegenrassen im Mittel der Geburtsjahrgänge 2001 bis 2005 bei 86,6 % (Merinofleischschaf), bei 86,1 % (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei 20,0 % (Ostfriesisches Milchscharf), bei 40,5 % (Skudde), bei 75,8 % (Leineschaf), bei 65,0 % (Weißer Deutsche Edelziege) und bei 48,6 % (Thüringer Wald Ziege). Bei der Rasse Leineschaf ist auffällig, dass der Anteil ingezüchteter Tiere in dem Betrachtungszeitraum stark variiert (Tiere mit Inzucht zwischen 4 und 65 %).

4.2.5 Inzuchtrate ΔF

Im Durchschnitt der letzten fünf Geburtsjahrgänge (2001 bis 2005) nahm die Inzucht von der Eltern- zur Nachkommengeneration um 0,49 % beim Merinofleischschaf, um 1,40 % beim Schwarzköpfigen Fleischschaf, um 1,38 % beim Ostfriesischen Milchscharf, um 1,68 % bei der Skudde und um 3,80 % bei dem Leineschaf zu. Bei den zwei Ziegenrassen liegt die Inzuchtrate bei 0,71 % bzw. 2,95 % (Tabelle 41).

Tabelle 41: Inzuchtzunahme bei den Schaf- und Ziegenrassen in Prozent

Rasse	2001	2002	2003	2004	2005	AVG ± STDEV
Merinofleischschaf	0,13	0,72	0,04	0,68	0,87	0,49 ± 0,38
Schwarzk. Fleischschaf	1,04	1,27	-	-	1,90	1,40 ± 0,45
Ostfr. Milchschaaf	0,58	1,84	2,09	1,11	1,27	1,38 ± 0,60
Skudde	0,64	1,27	2,17	1,57	2,75	1,68 ± 0,81
Leineschaf	1,83	5,47	-	-	4,11	3,80 ± 1,84
Weißer Dt. Edelziege	0,05	-	0,34	1,06	1,38	0,71 ± 0,62
Thüringer Wald Ziege	2,81	1,11	3,12	5,64	2,08	2,95 ± 1,69

Obwohl der Inzuchtkoeffizient beim Leineschaf mit 2,6 % deutlich niedriger ist als bei der Skudde (Tabelle 40), so ist die Inzuchtzunahme in dieser Population doch deutlich höher als bei der Skudde.

Die Entwicklung der Inzuchtzunahme über die letzten 20 Jahre (Werte: Inzuchtrate der Nachkommen eines Jahres) für die Rassen Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf und Ostfriesisches Milchschaaf ist in Abbildung 11 dargestellt.

Hier zeigt sich deutlich, dass die Inzuchtrate bei der Population des Merinofleischschafes 1999 relativ gleichbleibend bei 0,005 liegt. Bei der Rasse Schwarzköpfiges Fleischschaf steigt der Trend bei der Inzuchtrate ab 2001 an. Beim Ostfriesischen Milchschaaf variieren die Werte von Jahr zu Jahr.

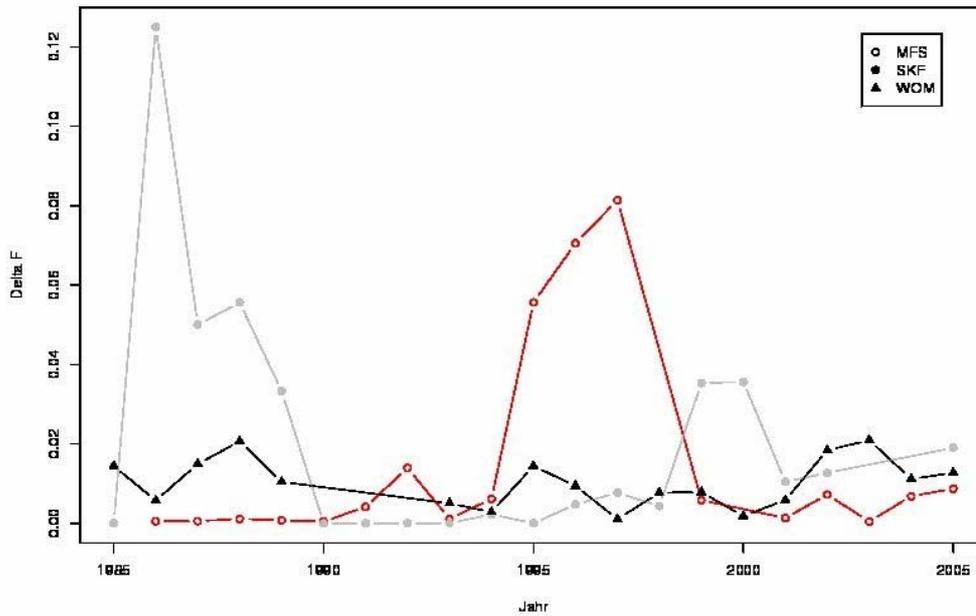


Abbildung 11: Inzuchtrate nach Geburtsjahrgängen von der Eltern- zur Nachkommengeneration bei den Schaf- und Ziegenrassen (Teil 1)

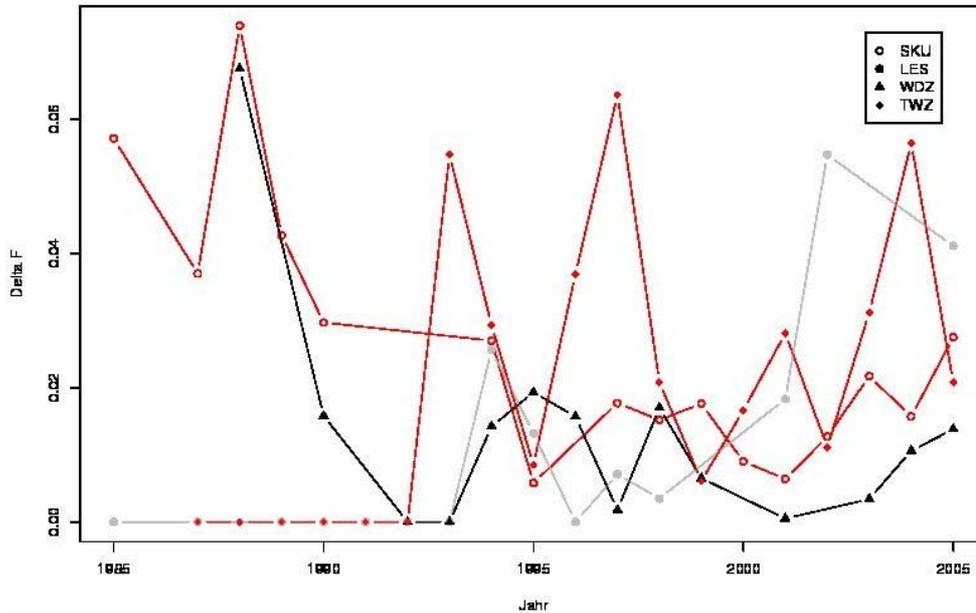


Abbildung 12: Inzuchtrate nach Geburtsjahrgängen von der Eltern- zur Nachkommengeneration bei den Schaf- und Ziegenrassen (Teil 2)

In Abbildung 12 sind die Rassen Skudde, Leineschaf, Weiße Deutsche Edelziege sowie die Thüringer Wald Ziege bezüglich der Inzuchtzunahme dargestellt. Obwohl die Werte bei diesen Rassen von Geburtsjahrgang zu Geburtsjahrgang stark variieren, zeigt sich bei allen ab dem Geburtsjahr 2000 ein steigender Trend der Inzucht.

4.2.6 Effektive Populationsgröße N_e

Die effektive Populationsgröße N_e ist für die sieben Schaf- und Ziegenrassen im Vergleich mit den unterschiedlichen Berechnungsmethoden (Zensus- und Pedigree-basiert) in Tabelle 42 dargestellt. Bei der Betrachtung der Ergebnisse zwischen den verschiedenen Berechnungsmethoden fällt auch bei diesen Tierarten eine hohe Varianz auf. Im Kapitel Literatur unter Punkt 2.2.4.5 und im Kapitel Material und Methoden unter Punkt 3.4.6 wird auf die Problematik bereits hingewiesen. Die Einordnung der Ergebnisse der effektiven Populationsgröße nach dem „Nationalen Fachprogramm“ erfolgt im Kapitel Diskussion(5.3).

Tabelle 42: Durchschnittliche effektive Populationsgröße N_e bei den Schaf- und Ziegenrassen (2001 bis 2005)

Rasse	$N_e = 4 \times \left(\frac{V_n \times M_n}{V_n + M_n} \right)$	$N_e = \frac{1}{2 \times \Delta F}$	$N_e = \frac{1}{2 \times \Delta f}$	$N_e = \frac{1}{\ln(1 - \Delta F)}$
Merinofleischschaf	53 ± 7,1	367 ± 512,5	62 ± 0,00	161
Schwarzk. Fleischschaf	57 ± 6,2	38 ± 11,1	518 ± 545,9	534
Ostfr. Milchschaaf	149 ± 28,3	44 ± 24,9	109 ± 59,6	749
Skudde	69 ± 7,1	38 v 23,8	122 ± 74,2	-61
Leineschaf	32 ± 8,9	16 ± 9,6	23 ± 2,1	274
Weiße Dt. Edelziege	120 ± 7,3	308 ± 464,4	84 ± 24,7	-626
Thüringer Wald Ziege	53 ± 5,1	24 ± 14,2	111 ± 0,00	123

Legende: Formelerläuterung siehe Kapitel Material und **Methoden unter Punkt 3.4.6**

Die Ergebnisse zur effektiven Populationsgröße auf Zensus-basierter Berechnungsmethode liegen bei den Schaf- und Ziegenrassen zwischen $N_e = 149$ beim Ostfriesischen Milchschaaf und $N_e = 32$ beim Leineschaf. Hier muss allerdings beachtet werden, dass die Zensus-basierte Berechnungsmethode nur bei vollständigem Populationsumfang sinnvoll ist. Leider ist bei diesem Datenmaterial keine Rasse mit allen Tieren vertreten. Einen Entwicklungstrend für Sachsen darzustellen, ist dennoch möglich. In der Abbildung 13 ist die Entwicklung der effektiven Populationsgröße (Zensus-basierte Berechnungsmethode) für die Jahre 1985 bis 2005 grafisch dargestellt. Aufgrund der Übersichtlichkeit in der Abbildung werden auch hier die ersten drei Rassen gezeigt. Dabei kann für die Populationen in Sachsen gesagt werden, dass die N_e beim Ostfriesischen Milchschaaf stetig abnimmt. Die Rassen Merinofleischschaf und Schwarzköpfiges Fleischschaf weisen zwar eine niedrigere N_e auf, allerdings ist der Trend für Sachsen stabil.

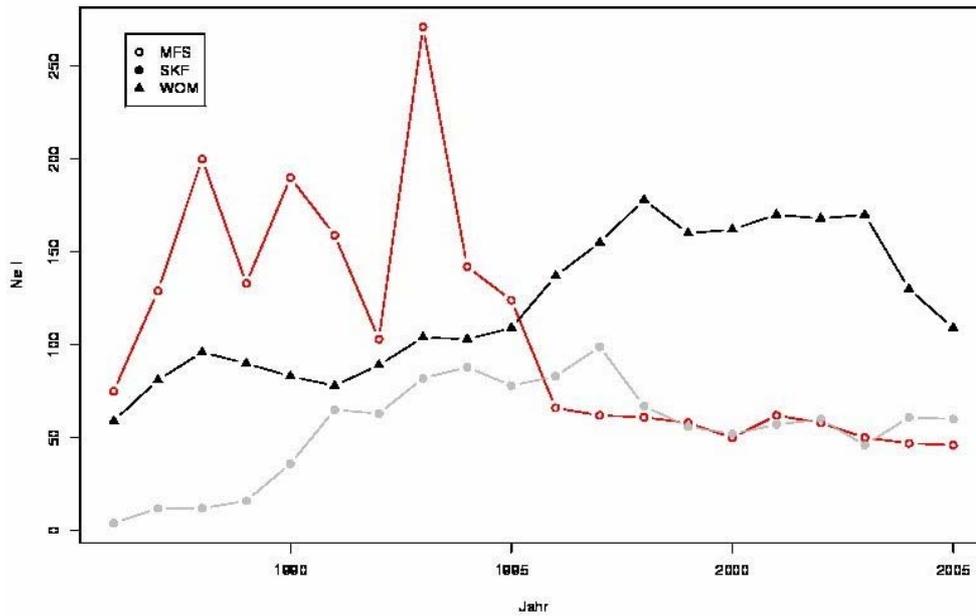


Abbildung 13: Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Zensusbasierte Berechnung bei den Schaf- und Ziegenrassen (Teil 1)

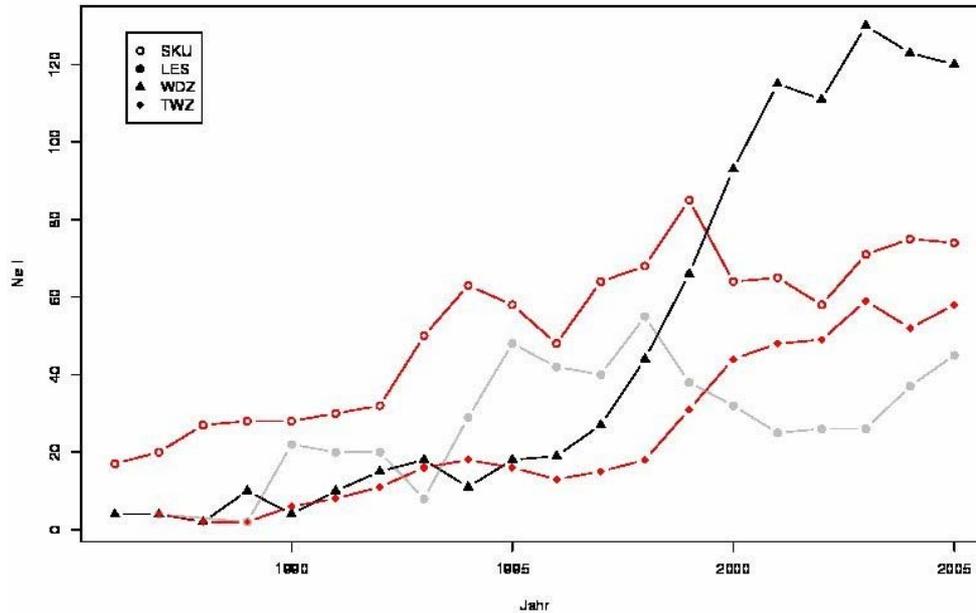


Abbildung 14: Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Zensusbasierte Berechnung bei den Schaf- und Ziegenrassen (Teil 2)

Die gleiche Darstellung für die restlichen Rassen ist in Abbildung 14 zu sehen. Bei der Betrachtung fällt auf, dass es bei allen vier Rassen ab dem Jahr 1993 einen mehr oder weniger steigenden Trend der effektiven Populationsgröße gab. Ab 2003 steigt der Trend weiter (LES) bzw. bleibt der Trend der N_e gleich (SKU, WDW, TWZ).

Bei der Pedigree-basierten Berechnungsmethode über die Inzuchtrate (Tabelle 42) sieht die Rangierung etwas anders aus als wie bei der Zensus-basierten Methode. Zeigte das Ostfriesische Milchschaaf bei der Zensus-basierten Methode noch eine N_e von 149, so liegt diese bei der Hinzunahme der Inzuchtrate nur noch bei 44. Die größte N_e hat mit 367 das Merinofleischschaaf, wobei hier die hohe Standardabweichung zu beachten ist, die niedrigste N_e mit nur 16 das Leineschaaf. Bei dieser Berechnungsmethode ist der Fakt, dass es sich nur um sächsische Tiere (nicht gesamte Population) nicht ganz so entscheidend, da die Berechnung allein über die Inzuchtverhältnisse läuft. Natürlich kann das Ergebnis der N_e ganz anders aussehen, wenn die komplette Population betrachtet wird, was allerdings nicht anzunehmen ist bzw. durch die Berechnung mit allen Tieren verglichen werden müsste.

In der Abbildung 15 ist die Entwicklung der effektiven Populationsgröße (Pedigree-basierte Berechnungsmethode über Inzuchtrate) für die Jahre 1985 bis 2005 grafisch dargestellt.

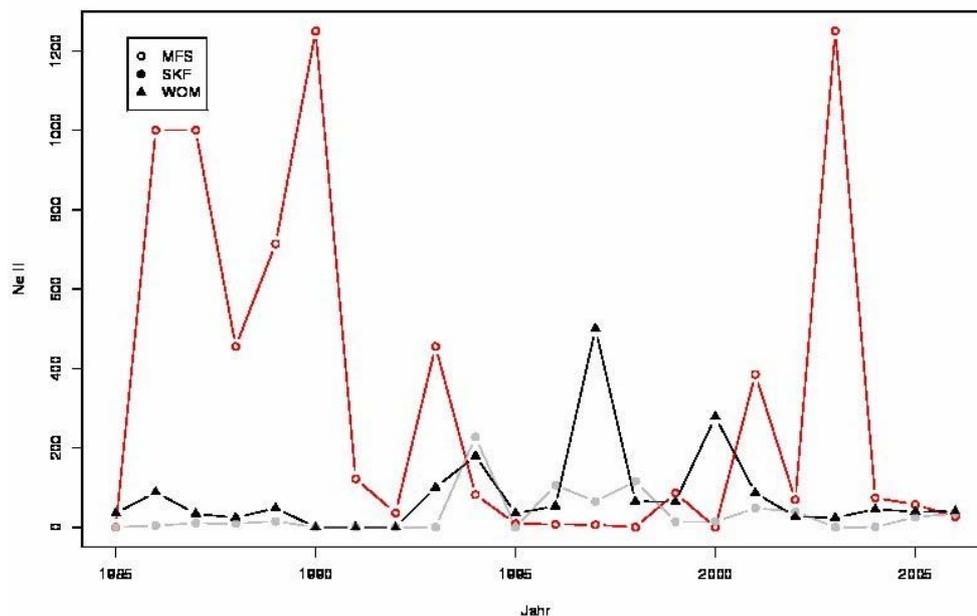


Abbildung 15: Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Pedigree-basierte Berechnung bei den Schaf- und Ziegenrassen (Teil 1)

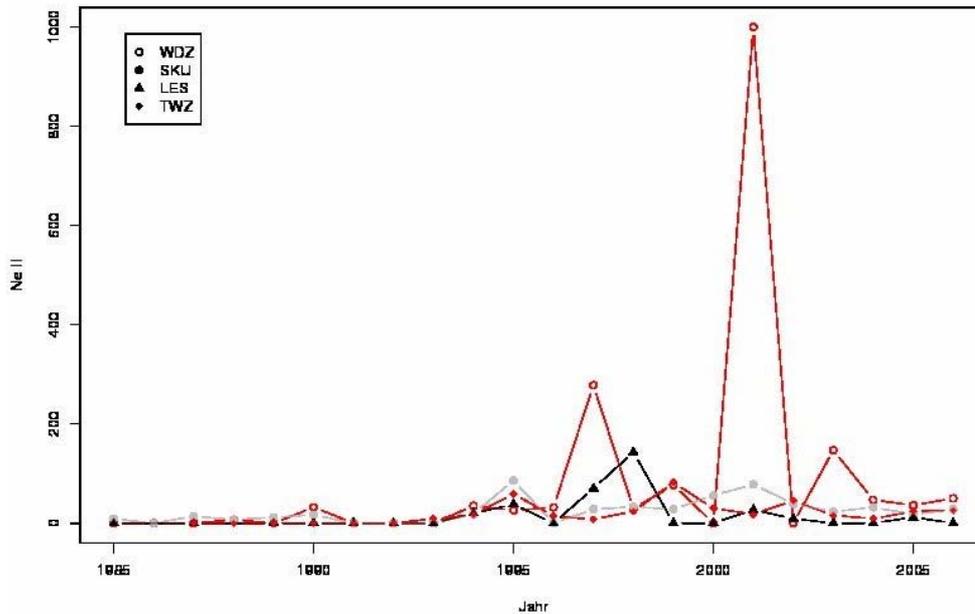


Abbildung 16: Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Pedigree-basierte Berechnung bei den Schaf- und Ziegenrassen (Teil 2)

Anders als in Abbildung 13 sehen die Trends bei dieser Berechnungsmethode relativ gleich bei den drei Rassen aus. Allein die Betrachtung der Jahre 2004 bis 2006 zeigt eine übereinstimmende Entwicklung bzw. Höhe der N_e von etwa 40. Dieser Wert ist sehr bedenklich.

Das gleiche Bild ergibt sich bei der Darstellung der Entwicklung der N_e für die anderen vier Rassen in Abbildung 16. Ab 2004 ist der Trend der N_e gleichbleibend auf einem niedrigen Niveau. Unterschiede bei der Rangierung der vorgestellten Schaf- und Ziegenrassen in Bezug auf die effektive Populationsgröße in Tabelle 42 gibt es bei den weiteren zwei Pedigree-basierten Berechnungsmethoden: Die Werte liegen zwischen $N_e = 518$ beim Schwarzköpfigen Fleischschaf und $N_e = 23$ beim Leineschaf, wenn bei der Berechnung statt der Inzuchtrate die additiv-genetische Verwandtschaft genutzt wird. Bei der Berechnung mit einer Logarithmusfunktion und der Inzuchtrate zeigen leider nur zwei Rassen ein sinnvolles Ergebnis.

Insgesamt zeigen die unterschiedlichen Berechnungsmethoden der effektiven Populationsgröße sehr große Unterschiede innerhalb der untersuchten Population.

4.3 Schwein

Bei den in Sachsen gezüchteten Schweinerassen wird in diesem Bericht schwerpunktmäßig auf die Rassen Deutsche Landrasse, Deutsches Edelschwein, Pietrain sowie das Deutsche Sattelschwein eingegangen. Dabei gehen die Herdbuchdaten vom Mitteldeutschen Schweinezuchtverband (MSZV e.V.) in die Auswertung ein. Für das Deutsche Sattelschwein ist damit das größte Verbreitungsgebiet abgedeckt.

4.3.1 Pedigreevollständigkeit

In Tabelle 43 bis Tabelle 47 werden die Ergebnisse der Pedigreevollständigkeit für jede Schweinerasse vorgestellt.

Bei der Betrachtung der Deutschen Landrasse in Tabelle 43 zeigt sich, dass bis zur 4. Generation der 2002 bis 2006 geborenen Nachkommen über 90 % bekannte Vorfahren vorhanden sind. Die Vollständigkeit geht dann auf ca. 86 % zurück, wenn von der Population fünf Generationen untersucht werden.

Tabelle 43: Pedigreevollständigkeit Deutsche Landrasse in Prozent

Jahr	n-Nachkommen	bis 1.	bis 2.	bis 3.	bis 4.	bis 5.
		Generation (in %)				
2002	11.647	97,9	96,6	94,0	90,1	85,0
2003	10.587	99,9	95,9	92,5	92,5	88,3
2004	10.047	99,3	97,8	94,0	90,3	86,3
2005	9.925	99,9	98,9	93,8	89,3	84,9
2006	6.272	100,0	99,7	96,9	92,2	87,9

Legende: n = Anzahl

Die Pedigreevollständigkeit beim Deutschen Edelschwein liegt niedriger als bei der Deutschen Landrasse (Tabelle 44). Über 90 % Vollständigkeit wird nur bis zur 2. Generation erreicht. In der 5. Generation liegen diese dann bei etwas über 70 %.

Tabelle 44: Pedigreevollständigkeit Deutsches Edelschwein

Jahr	n-Nachkommen	bis 1.	bis 2.	bis 3.	bis 4.	bis 5.
		Generation (in %)				
2002	3.966	99,9	87,4	78,6	71,3	64,3
2003	4.094	100,0	94,1	86,2	79,1	71,9
2004	4.233	99,5	94,0	84,6	77,0	70,1
2005	3.980	100,0	96,0	87,0	79,3	72,4
2006	2.250	100,0	94,9	86,7	79,2	72,5

Legende: n = Anzahl

Der Pietrain reiht sich bei der Betrachtung der Pedigreevollständigkeit hinter das Deutsche Edelschwein ein. Zwar liegen auch hier die Vollständigkeitsraten in der 2. Generation bei über 90 %, allerdings liegen diese dann in der 5. Generation nur noch bei 60 %.

Tabelle 45: Pedigreevollständigkeit Pietrain

Jahr	n-Nachkommen	bis 1.	bis 2.	bis 3.	bis 4.	bis 5.
Generation (in %)						
2002	1.520	99,9	83,3	68,7	57,5	48,6
2003	1.374	99,9	92,3	83,2	71,1	61,5
2004	1.450	99,2	91,5	83,5	72,8	62,6
2005	1.018	100,0	91,6	82,2	71,0	60,5
2006	604	99,0	96,9	87,9	75,4	64,2

Legende: n = Anzahl

Das Deutsche Sattelschwein hat zumindest für die Jahre 2005 und 2006 bis zur 3. Generation eine Pedigreevollständigkeit von über 90 %. In der 5. Generation liegen diese bei circa 70 %.

Tabelle 46: Pedigreevollständigkeit Deutsches Sattelschwein

Jahr	n-Nachkommen	bis 1.	bis 2.	bis 3.	bis 4.	bis 5.
Generation (in %)						
2002	70	92,2	82,6	71,4	61,4	53,2
2003	94	100,0	92,3	82,5	70,4	59,9
2004	70	100,0	95,7	81,8	70,7	61,5
2005	78	100,0	99,4	96,1	88,1	79,2
2006	25	100,0	100,0	93,5	80,4	69,8

Legende: n = Anzahl

Tabelle 47 zeigt alle Pedigreevollständigkeitsraten noch einmal nur für die im Jahr 2006 geborenen Nachkommen. Es wird deutlich, dass bei allen vier Schweinerassen ähnliche Vollständigkeitsraten vorliegen. Aufgrund des sehr geringen Generationsintervalls wurden eigentlich bessere Vollständigkeitsraten erwartet, da es sich hier außerdem nur um Herdbuchtiere handelt.

Tabelle 47: Pedigreevollständigkeit bei den Schweinerassen für die im Jahr 2006 geborenen Nachkommen

Schweinerasse	bis 1.	bis 2.	bis 3.	bis 4.	bis 5.
Generation (in %)					
Deutsche Landrasse	100,0	99,7	96,9	92,2	87,9
Deutsches Edelschwein	100,0	94,9	86,7	79,2	72,5
Pietrain	99,0	96,9	87,9	75,4	64,2
Deutsches Sattelschwein	100,0	100,0	93,5	80,4	69,8

4.3.2 Generationsintervall

In Tabelle 48 sind die Generationsintervalle aus den Selektionspfaden Eltern zu männlichen Nachkommen, Eltern zu weiblichen Nachkommen sowie Eltern zu Nachkommen dargestellt:

Tabelle 48: Generationsintervalle für die selektierten Nachkommen im Durchschnitt der Jahre 1998 bis 2003 bei den Schweinerassen

Rasse	G m-NK	n m-NK	G w-NK	n w-NK	G-Pop.	n s-NK
DL	2,0 ± 0,10	3.260	2,2 ± 0,06	3.270	2,1 ± 0,06	3.334
DE	2,2 ± 0,05	640	2,0 ± 0,05	658	2,1 ± 0,00	661
Pietrain	2,1 ± 0,05	191	2,0 ± 0,15	213	2,1 ± 0,10	216
AS	3,0 ± 1,30	10	2,6 ± 0,39	14	2,7 ± 0,75	15

Legende: Jahr = Geburtsjahr der Nachkommen, m = männlich, w = weiblich, s = selektiert, G = Generationsintervall, GI-Pop. = Generationsintervall für die gesamte Population, n = Anzahl, NK = Nachkommen, DL = Dt. Landrasse, DE = Dt. Edelschwein, AS = Dt. Sattelschwein

Die Ergebnisse bei den Schweinerassen liegen zwischen 2,0 und 3,0 Jahren auf dem Selektionspfad Eltern - männliche Nachkommen, zwischen 2,0 und 2,6 Jahren auf dem Selektionspfad Eltern - weibliche Nachkommen. Bei der Betrachtung des Selektionspfades Eltern - Nachkommen zeigen die Rassen Deutsche Landrasse, Deutsches Edelschwein sowie Pietrain das gleiche Generationsintervall von 2,1. Das Deutsche Sattelschwein weist erwartungsgemäß ein höheres Generationsintervall von 2,7 auf.

4.3.3 Familiengröße

Die Tabelle 49 zeigt die durchschnittliche Familiengröße nach Ebern und Sauen getrennt bei den Schweinerassen. Die Nachkommen wurden in vier Gruppen eingeteilt:

1. alle Nachkommen: alle geborenen Nachkommen
2. selektierte Nachkommen: Nachkommen, welche mindestens einen Nachkommen haben
3. selektierte Söhne: männliche Nachkommen, welche mindestens einen Nachkommen haben
4. selektierte Töchter: weibliche Nachkommen, welche mindestens einen Nachkommen haben.

Tabelle 49: Durchschnittliche Familiengröße bei den Schweinerassen für den Zeitraum 2000 bis 2005

NK-Gruppe	Dt. Landrasse		Dt. Edelschwein		Pietrain		Dt. Sattelschwein	
	V	M	V	M	V	M	V	M
alle NK	57,2	4,3	25,7	4,3	7,7	4,1	6,0	2,7
sel. NK	25,7	2,5	8,7	2,0	3,1	2,0	3,0	1,8
sel. Söhne	1,8	1,2	2,2	1,5	2,4	1,6	1,4	1,3
sel. Töchter	28,7	2,5	9,7	1,9	2,9	1,8	2,9	1,6

Legende: V = Vater, M = Mutter, NK = Nachkommen, sel. = selektiert

Im Durchschnitt brachte jeder Eber 57 Nachkommen bei der Deutschen Landrasse, 25 Nachkommen beim Deutschen Edelschwein, 7 Nachkommen beim Pietrain und 6 Nachkommen beim Deutschen Sattelschwein hervor.

Bei den Leistungszuchten brachte jede Sau durchschnittlich 4,1 bis 4,3 Ferkel zur Welt, beim Deutschen Sattelschwein lag die Anzahl Ferkel mit 2,7 niedriger.

4.3.4 Inzuchtkoeffizienten F

Für den Durchschnitt der Inzuchtkoeffizienten der Nachkommen aus den Geburtsjahren 2002 bis 2006 wurde ein Wert von $F = 1,2 \%$ bei der Deutschen Landrasse, von $1,9 \%$ beim Deutschen Edelschwein, von $1,0 \%$ beim Pietrain und von $3,5 \%$ beim Deutschen Sattelschwein geschätzt. Die Entwicklung über die entsprechenden Jahre ist in Tabelle 50 abgebildet.

Tabelle 50: Inzuchtkoeffizienten der Nachkommen nach Schweinerassen

Jahr	Dt. Landrasse	Dt. Edelschwein	Pietrain	Dt. Sattelschwein
2002	1,24	1,35	0,64	2,72
2003	1,20	1,84	1,05	4,49
2004	1,29	2,05	1,04	2,56
2005	1,16	1,99	0,86	4,83
2006	1,32	2,06	1,15	2,63
AVG ± STDEV	1,24 ± 0,06	1,86 ± 0,30	0,95 ± 0,20	3,45 ± 1,12

Der Anteil nicht ingezogener Tiere liegt bei den Rassen im Mittel der Geburtsjahrgänge 2002 bis 2006 bei $20,7 \%$ (Deutsche Landrasse), bei $42,7 \%$ (Deutsches Edelschwein), bei $51,5 \%$ (Pietrain) und bei $21,7 \%$ (Deutsches Sattelschwein). Bei der Rasse Deutsches Sattelschwein ist auffällig, dass der Anteil ingezüchteter Tiere seit dem Jahr 2005 mit einem Sprung von circa 70% auf 100% stark zunimmt. Die maximale Inzucht bei den zuchtaktiven Tieren zeigte der Eber Norfino mit $6,8 \%$ (296 NK) bzw. der Eber Tiri mit $6,3 \%$ (647 NK) und eine Sau mit $25,3 \%$ (2 NK) bei der Deutschen Landrasse, der Eber Livor mit $14,3 \%$ (320 NK) bzw. der Eber Kinarus mit $11,1 \%$ (2.412 NK) und eine Sau mit $26,7 \%$ (2 NK) bei dem Deutschen Edelschwein, der Eber Muskater mit $12,7 \%$ (78 NK) bzw. der Eber Muskatil mit $12,7 \%$ (138 NK) und die Sau Rickoni mit $7,8 \%$ (7 NK) bei der Rasse Pietrain und der Eber Oswald-ND mit $2,5 \%$ (21 NK) und eine Sau mit $20,4 \%$ (1 NK) bei dem Deutschen Sattelschwein. Dabei ist auffällig, dass vor allem bei den Ebern des Deutschen Sattelschweins geringe bzw. keine Inzucht vorhanden ist.

4.3.5 Inzuchtrate ΔF

Im Durchschnitt der letzten fünf Geburtsjahrgänge (2002 bis 2006) nahm die Inzucht von der Eltern- zur Nachkommengeneration um $0,1 \%$ bei der Deutschen Landrasse, um $0,3 \%$ beim Deutschen

Edelschwein, um 0,5 % beim Pietrain und um 1,8 % beim Deutschen Sattelschwein zu (Tabelle 51).

Tabelle 51: Inzuchtzunahme bei den Schweinerassen in Prozent

Jahr	Dt. Landrasse	Dt. Edelschwein	Pietrain	Dt. Sattelschwein
2002	0,26	0,34	0,36	1,2
2003	0,07	0,57	0,60	3,53
2004	0,12	0,43	0,66	0,63
2005	0,02	0,00	0,28	2,68
2006	0,20	-	0,53	0,79
AVG ± STDEV	0,13 ± 0,10	0,34 ± 0,24	0,49 ± 0,16	1,77 ± 1,28

Die Entwicklung der Inzuchtzunahme über die letzten 22 Jahre (Werte: Inzuchtrate der Nachkommen eines Jahres) ist in Abbildung 17 dargestellt. Die Schweineleistungszuchten zeigen ein ausgeglichenes Bild bei der Entwicklung der Inzuchtrate über die Geburtsjahre. Ein Trend ist erkennbar: Die Deutsche Landrasse und das Pietrain zeigen eine gleichbleibende Inzuchtrate, das Deutsche Edelschwein dagegen fällt in diesem Parameter. Sehr gravierend hinsichtlich der Varianz sieht die Entwicklung der Inzuchtrate bei dem Deutschen Sattelschwein aus. Daraus lässt sich erkennen, dass die Berechnung der effektiven Populationsgröße über die Inzucht (= Pedigree-basiert) ebenfalls große Schwankungen zwischen den Geburtsjahrgängen ergeben wird.

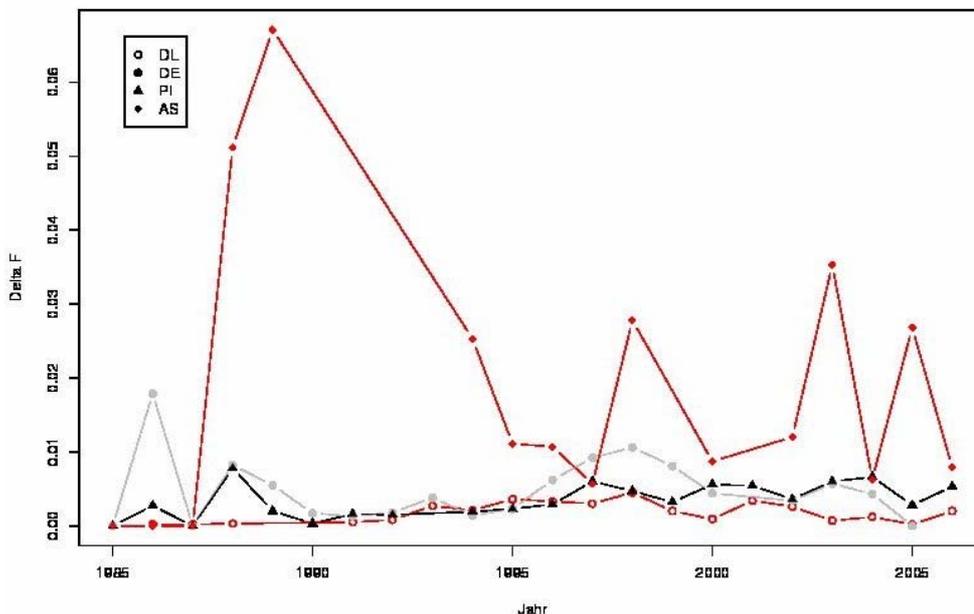


Abbildung 17: Inzuchtrate nach Geburtsjahrgängen von der Eltern- zur Nachkommengeneration bei den Schweinerassen

4.3.6 Effektive Populationsgröße N_e

Die effektive Populationsgröße N_e ist für die vier Schweinerassen im Vergleich mit den unterschiedlichen Berechnungsmethoden (Zensus- und Pedigree-basiert) in Tabelle 52 dargestellt. Bei der Betrachtung der Ergebnisse zwischen den verschiedenen Berechnungsmethoden fällt die hohe Varianz auf. Im Kapitel Literatur unter Punkt 2.2.4.5 und im Kapitel Material und Methoden unter Punkt 3.4.6 wird auf die Problematik bereits hingewiesen. Die Einordnung der Ergebnisse der effektiven Populationsgröße nach dem „Nationalen Fachprogramm“ erfolgt im Kapitel Diskussion (5.4).

Tabelle 52: Die durchschnittliche effektive Populationsgrößen N_e bei den Schweinerassen (2002 bis 2006)

Rasse	$N_e = 4 \times \left(\frac{V_n \times M_n}{V_n + M_n} \right)$	$N_e = \frac{1}{2 \times \Delta F}$	$N_e = \frac{1}{2 \times \Delta f}$	$N_e = \frac{1}{\ln(1 - \Delta F)}$
Dt. Landrasse	450 ± 131,8	815 ± 963,7	238 ± 121,1	666
Dt. Edelschwein	372 ± 78,0	117 ± 29,5	185 ± 238,9	390
Pietrain	370 ± 105,3	114 ± 43,7	-	1.178
Dt. Sattelschwein	38 ± 13,9	43 ± 27,9	32 ± 23,5	171

Legende: Formelerläuterung siehe Kapitel Material und Methoden unter Punkt 3.4.6

Die Ergebnisse zur effektiven Populationsgröße auf Zensus-basierter Berechnungsmethode liegen bei den Schweineleistungszuchten zwischen $N_e = 450$ bei der Deutschen Landrasse und $N_e = 370$ beim Pietrain. Das Deutsche Sattelschwein als stark existenzbedrohte Rasse hat eine N_e von 38. Hier muss allerdings beachtet werden, dass die Zensus-basierte Berechnungsmethode nur bei vollständigem Populationsumfang sinnvoll ist. Davon kann bei den Schweinerassen nur beim Deutschen Sattelschwein ausgegangen werden.

In der Abbildung 18 ist die Entwicklung der effektiven Populationsgröße (Zensus-basierte Berechnungsmethode) für die Jahre 1985 bis 2006 grafisch dargestellt.

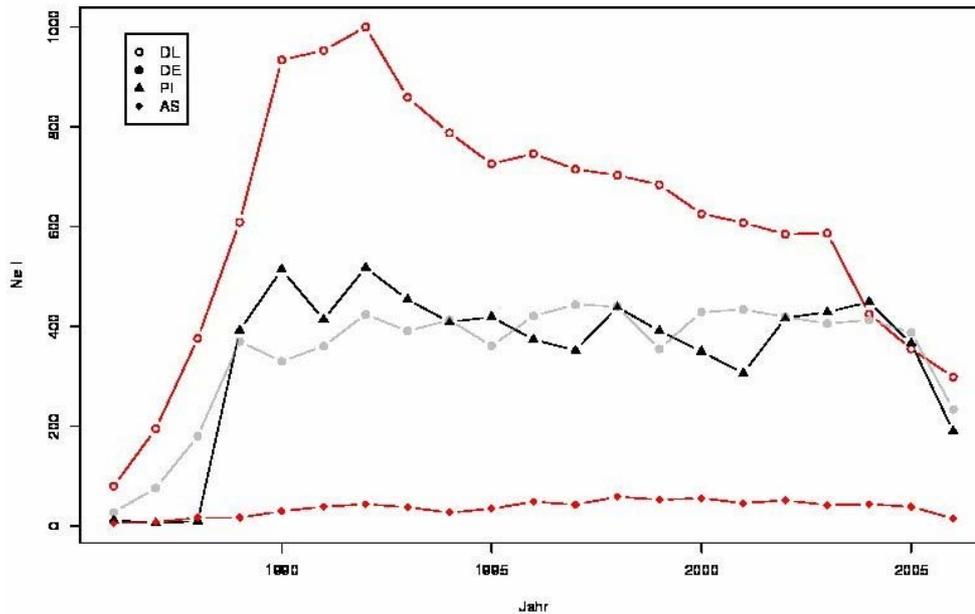


Abbildung 18: Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Zensusbasierte Berechnung bei den Schweinerassen

Das deutliche Absinken der effektiven Populationsgröße im Jahr 2006 kann damit zusammenhängen, dass noch nicht alle in dem Jahr geborenen Nachkommen in der Datenbank enthalten sind. Seit 1992 nimmt die N_e bei der Deutschen Landrasse in Mitteldeutschland stetig ab und findet sich dann auf dem Niveau des Deutschen Edelschweins und des Pietrain ein. Die N_e vom Deutschen Edelschwein und Pietrain liegen seit 1989 auf einem gleichbleibenden Niveau bei etwa $N_e = 400$. Das Deutsche Sattelschwein liegt im Vergleich dazu sehr niedrig mit einem gleichbleibenden Trend.

Bei der Pedigree-basierten Berechnungsmethode über die Inzuchtrate sieht die Rangierung genauso aus wie bei der Zensus-basierten Methode, allerdings weichen die absoluten Werte mit $N_e = 815$ bei der Deutschen Landrasse, $N_e = 117$ beim Deutschen Edelschwein und $N_e = 114$ beim Pietrain stark ab. Beim Deutschen Sattelschwein ergibt sich bei dieser Berechnungsmethode eine höhere $N_e = 43$ als bei der Zensus-basierten Methode. In der Abbildung 19 ist die Entwicklung der effektiven Populationsgröße (Pedigree-basierte Berechnungsmethode) für die Jahre 1985 bis 2006 grafisch dargestellt. Diese Abbildung zeigt ein etwas anderes Ergebnis als bei der Zensus-basierten Berechnungsmethode. Die Deutsche Landrasse weist starke Schwankungen von Geburtsjahr zu Geburtsjahr auf, im Niveau etwas höher angesiedelt als die drei anderen Schweinerassen. Ein Trend kann für diese Rasse daraus nicht abgelesen werden.

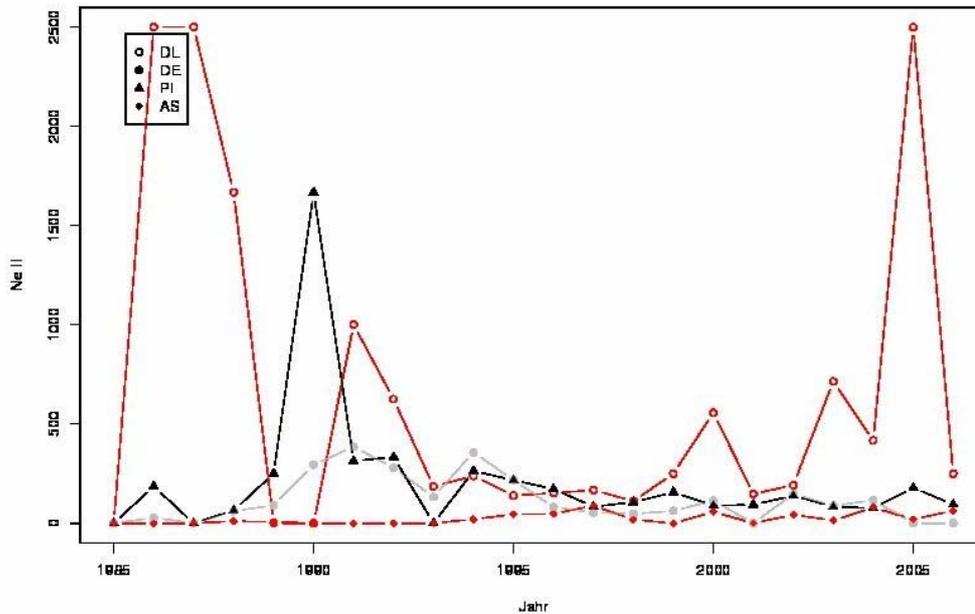


Abbildung 19: Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Pedigree-basierte Berechnung mit ΔF bei den Schweinerassen

Bei der Rangierung der vorgestellten Schweinerassen in Bezug auf die effektive Populationsgröße in Tabelle 52 gibt es zum Teil Unterschiede bei den weiteren zwei Pedigree-basierten Berechnungsmethoden: Die N_e -Werte liegen zwischen $N_e = 238$ bei der Deutschen Landrasse und $N_e = 32$ beim Deutschen Sattelschwein, wenn bei der Berechnung statt der Inzuchtrate die additiv-genetische Verwandtschaft genutzt wird. Bei der Berechnung mit einer Logarithmusfunktion und der Inzuchtrate liegen die Werte zwischen $N_e = 1.178$ beim Pietrain und $N_e = 171$ beim Deutschen Sattelschwein.

4.4 Rind

In diesem Abschnitt werden die Ergebnisse aus den Parameterschätzungen von der Leistungszuchtpopulation Deutsche Holstein sächsische Population sowie der existenzbedrohten Rinderrasse Rotes Höhenvieh vorgestellt. Die Herdbuchdaten des Deutschen Holstein sächsische Population umfassen den sächsischen Bereich. Bei den Herdbuchdaten des Roten Höhenvieh gehen alle Herdbuchtiere aus Deutschland ein.

4.4.1 Pedigreevollständigkeit

Die Pedigreevollständigkeit für die Rasse Rotes Höhenvieh ist in Tabelle 53 dargestellt. Dabei zeigt sich, dass in den letzten Jahren Nachkommen geboren und eingetragen worden sind, die unbekannte Eltern haben. Die Vollständigkeit liegt schon in der 1. Generation nur bei etwa 90 % und geht in der 5. Generation auf etwas mehr als 60 % zurück.

Tabelle 53: Pedigreevollständigkeit Rotes Höhenvieh

Jahr	n-Nachkommen	bis 1.	bis 2.	bis 3.	bis 4.	bis 5.
Generation (in %)						
2001	549	78.5	70.6	63.6	56.4	49.4
2002	672	81.4	73.0	65.1	57.8	50.8
2003	687	88.5	79.9	72.3	64.7	57.4
2004	758	90.4	82.7	75.0	67.3	59.7
2005	738	93.4	88.2	81.8	74.3	66.5
2006	638	85.6	82.2	77.1	70.8	63.9

Legende: n = Anzahl

Die Pedigreevollständigkeit beim Deutschen Holstein sächsische Population liegt in der 5. Generation ähnlich wie beim Roten Höhenvieh um 60 %.

4.4.2 Generationsintervall

In Tabelle 54 sind die Generationsintervalle aus den Selektionspfaden Eltern zu männlichen Nachkommen, Eltern zu weiblichen Nachkommen sowie Eltern zu Nachkommen dargestellt:

Tabelle 54: Generationsintervalle für die selektierten Nachkommen im Durchschnitt der Jahre 1998 bis 2001 beim Deutschen Holstein sächsische Population und 2002 bis 2005 beim Roten Höhenvieh

Rasse	G m-NK	n m-NK	G w-NK	n w-NK	G-Pop.	n s-NK
HF	6,4 ± 0,13	28.016	4,1 ± 0,13	29.058	5,2 ± 0,05	29.858
RHV	4,1 ± 0,33	160	5,4 ± 0,14	160	4,7 ± 0,17	167

Legende: Jahr = Geburtsjahr der Nachkommen, m = männlich, w = weiblich, s = selektiert, G = Generationsintervall, GI-Pop. = Generationsintervall für die gesamte Population, NK = Nachkommen, n = Anzahl, HF = Deutsches Holstein, RHV = Rotes Höhenvieh

Die Ergebnisse bei den Rinderrassen liegen zwischen 4,1 und 6,4 Jahren auf dem Selektionspfad Eltern - männliche Nachkommen, zwischen 4,1 und 5,4 Jahren auf dem Selektionspfad Eltern - weibliche Nachkommen und zwischen 4,7 und 5,2 Jahren auf dem Selektionspfad Eltern - Nachkommen.

Zum Vergleich zeigten sich hier zwei sehr unterschiedliche Populationen. Das Generationsintervall bei den männlichen Zuchttieren der Rasse Deutsches Holstein sächsische Population ist mit 6,4 Jahren sehr groß. Das liegt an der sehr langen Phase des Testeinsatzes, bevor diese Tiere dann als Zuchtbullen anerkannt sind. Diese lange Testphase wird es beim Roten Höhenvieh nicht geben. Dem gegenüber kehrt sich das bei den weiblichen Zuchttieren um: Hier zeigt sich ein geringeres Generationsintervall von 4,7 Jahren bei der Leistungszucht. Hier könnte der Grund in einem früheren Besamungsalter liegen.

4.4.3 Inzuchtkoeffizienten

Für den Durchschnitt der Inzuchtkoeffizienten der Nachkommen aus den Geburtsjahren 1999 - 2003 bzw. 2002 - 2007 wurde ein Wert von $F = 0,3 \%$ beim Deutschen Holstein sächsische Population und von $4,8 \%$ beim Roten Höhenvieh geschätzt. Die Entwicklung über die entsprechenden Jahre ist in Tabelle 55 abgebildet.

Tabelle 55: Inzuchtkoeffizienten der Nachkommen nach Rinderrassen

Jahr	Deutsches Holstein	Rotes Höhenvieh
1999	0,23	
2000	0,31	
2001	0,35	
2002	0,33	4,50
2003	0,32	5,11
2004		4,40
2005		4,58
2006		4,70
2007		5,50
AVG ± STDEV	0,31 ± 0,05	4,80 ± 0,42

Der Anteil nicht ingezogener Tiere liegt bei der Rasse Rotes Höhenvieh im Mittel der Geburtsjahrgänge 2002 - 2007 bei $34,4 \%$. Bei der Rasse Rotes Höhenvieh steigt der Anteil ingezüchteter Tiere stetig an. Die maximale Inzucht bei den zuchtaktiven Tieren zeigte der Bulle Bresil mit $12,5 \%$ (200 NK) und fünf Kühe mit $25,0 \%$ (insgesamt 6 NK) bei der Rasse Deutsches Holstein sächsische Population bzw. der Bulle Uranus mit $14,1 \%$ (20 NK) und die Kuh Moon mit $31,0 \%$ (2 NK) bei der Rasse Rotes Höhenvieh.

4.4.4 Inzuchtrate ΔF

Im Durchschnitt der Geburtsjahrgänge nahm die Inzucht von der Eltern- zur Nachkommengeneration um $0,21 \%$ beim Deutschen Holstein sächsische Population und um $0,92 \%$ beim Roten Höhenvieh zu (Tabelle 56).

Tabelle 56: Inzuchtzunahme bei den Rinderrassen in Prozent

Jahr	Deutsches Holstein	Rotes Höhenvieh
1999	0,17	
2000	0,24	
2001	0,27	
2002	0,22	0,58
2003	0,17	1,41
2004	0,21	0,69
2005		0,55
2006		0,93
2002		1,33
AVG ± STDEV	0,21 ± 0,04	0,92 ± 0,38

Die Entwicklung der Inzuchtzunahme über die letzten 22 Jahre (Werte: Inzuchtrate der Nachkommen eines Jahres) ist in Abbildung 20 und Abbildung 21 dargestellt. Hier zeigt sich deutlich, dass die Inzuchtrate bei dem Deutschen Holstein sächsische Population über mehrere Jahre leicht steigt und auch wieder sinkt. Bei der Rasse Rotes Höhenvieh sieht die Entwicklung ähnlich aus, allerdings ist die Inzuchtrate bei dieser Rasse viel größer.

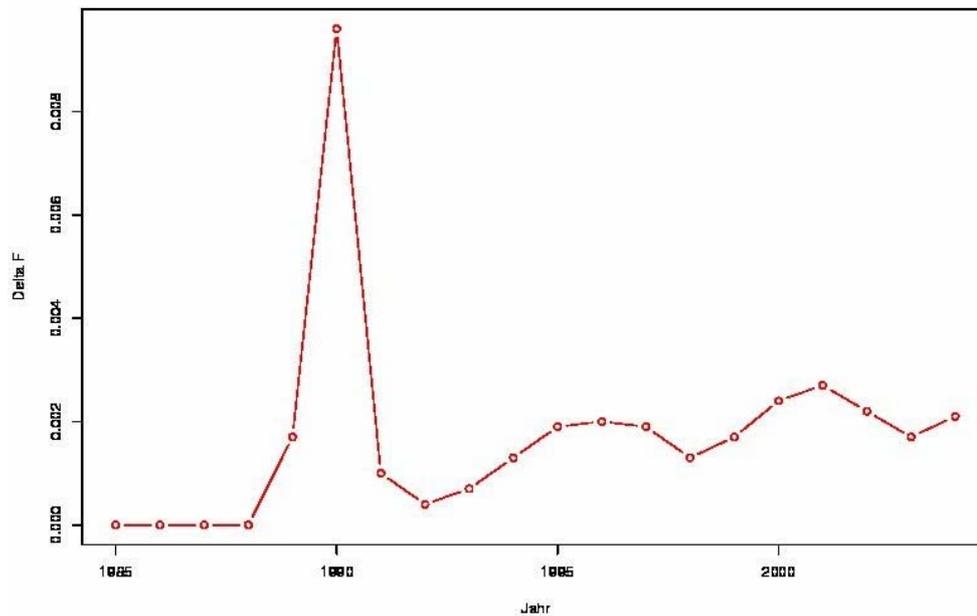


Abbildung 20: Inzuchtrate nach Geburtsjahrgängen von der Eltern- zur Nachkommengeneration beim Deutschen Holstein

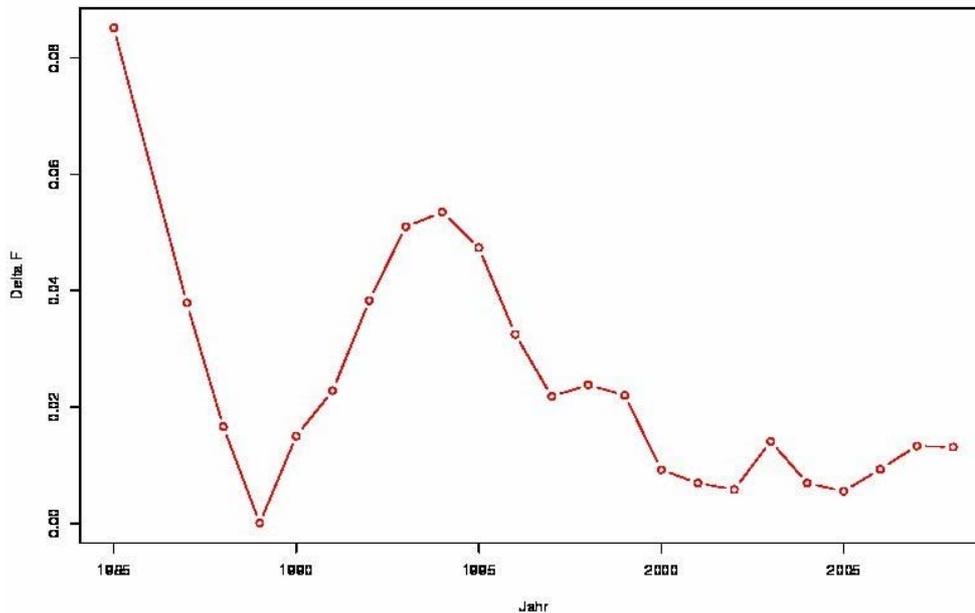


Abbildung 21: Inzuchtrate nach Geburtsjahrgängen von der Eltern- zur Nachkommengeneration beim Roten Höhenvieh

4.4.5 Effektive Populationsgröße N_e

Die effektive Populationsgröße N_e ist für die zwei Rinderrassen im Vergleich mit den unterschiedlichen Berechnungsmethoden (Zensus- und Pedigree-basiert) in Tabelle 57 dargestellt. Bei der Betrachtung der Ergebnisse zwischen den verschiedenen Berechnungsmethoden fällt die hohe Varianz auf. Im Kapitel Literatur unter Punkt 2.2.4.5 und im Kapitel Material und Methoden unter Punkt 3.4.6 wird auf die Problematik bereits hingewiesen. Die Einordnung der Ergebnisse der effektiven Populationsgröße nach dem „Nationalen Fachprogramm“ erfolgt im Kapitel Diskussion (5.1).

Tabelle 57: Durchschnittliche effektive Populationsgröße bei den Rinderrassen (2002 bis 2006)

Rasse	$N_e = 4 \times \left(\frac{V_n \times M_n}{V_n + M_n} \right)$	$N_e = \frac{1}{2 \times \Delta F}$	$N_e = \frac{1}{2 \times \Delta f}$	$N_e = \frac{1}{\ln(1 - \Delta F)}$
Deutsche Holstein	3.397 ± 112,5	242 ± 50,1	154*	918
Rotes Höhenvieh	318 ± 42,5	68 ± 23,2	65**	170

Legende: Formelerläuterung siehe Kapitel Material und Methoden unter Punkt 3.4.6, * nur Jahr 2002, ** nur Jahr 2005

Die Ergebnisse zur effektiven Populationsgröße auf Zensus-basierter Berechnungsmethode liegen bei den Rinderrassen bei $N_e = 3.397$ beim Deutschen Holstein sächsische Population und $N_e = 318$

beim Roten Höhenvieh. Hier muss allerdings beachtet werden, dass die Zensus-basierte Berechnungsmethode nur bei vollständigem Populationsumfang sinnvoll ist. Davon kann bei den Rinderassen nur beim Roten Höhenvieh ausgegangen werden. In den Abbildung 22 und Abbildung 23 ist die Entwicklung der effektiven Populationsgröße (Zensus-basierten Berechnungsmethode) für die Jahre 1985 bis 2004 bzw. 2007 grafisch dargestellt. Das jeweils letzte Jahr muss ausgeklammert werden, da hier die Herdbuchdaten noch nicht vollständig sind. Generell kann bei beiden Rassen ein stetiger Aufwärtstrend von Geburtsjahr zu Geburtsjahr beobachtet werden.

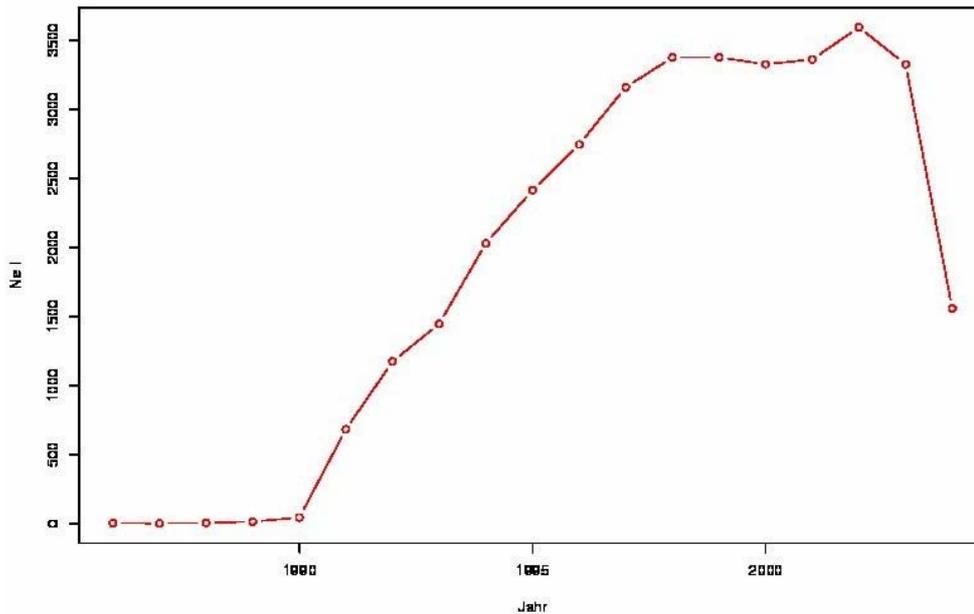


Abbildung 22: Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Zensus-basierte Berechnung beim Deutschen Holstein

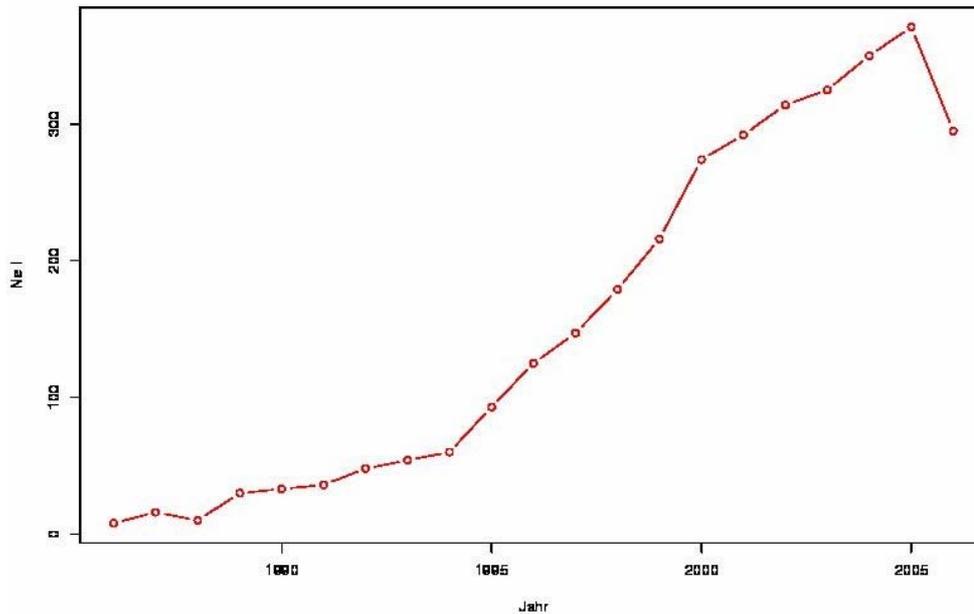


Abbildung 23: Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Zensusbasierte Berechnung beim Roten Höhenvieh

Bei der Pedigree-basierten Berechnungsmethode über die Inzuchtrate sieht die Rangierung genauso aus wie bei der Zensus-basierten Methode, allerdings sinken die Werte mit $N_e = 242$ beim Deutschen Holstein sächsische Population und $N_e = 68$ beim Roten Höhenvieh stark ab.

In Abbildung 24 und Abbildung 25 ist die Entwicklung der effektiven Populationsgröße (Pedigree-basierte Berechnungsmethode) für die Jahre 1985 bis 2004 bzw. 2007 grafisch dargestellt. Für das Deutsche Holstein sächsische Population ist die Entwicklung der Pedigree-basierten Methode seit 1994 relativ konstant auf einem allerdings sehr niedrigen Niveau.

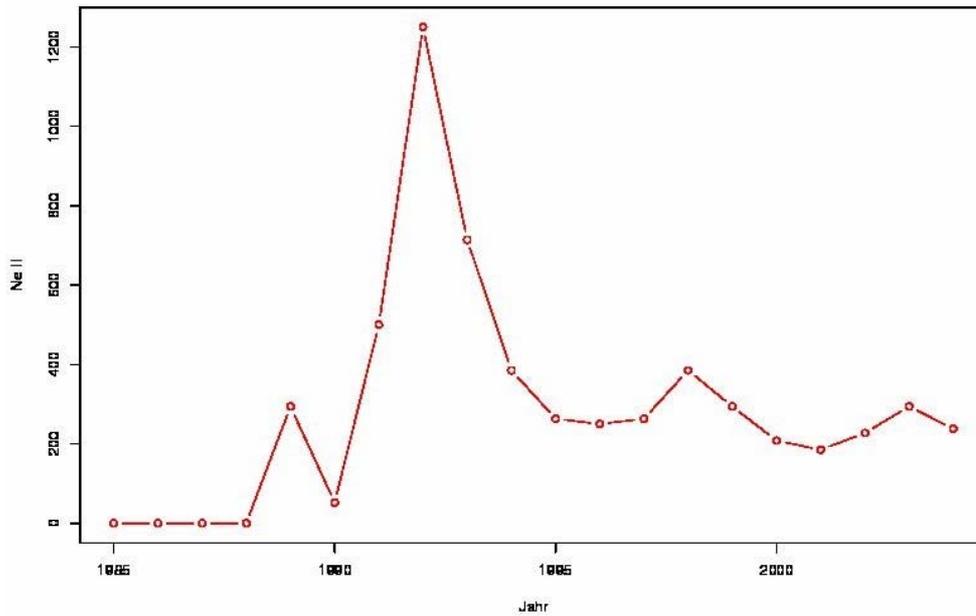


Abbildung 24: Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Pedigree-basierte Berechnung mit ΔF beim Deutschen Holstein

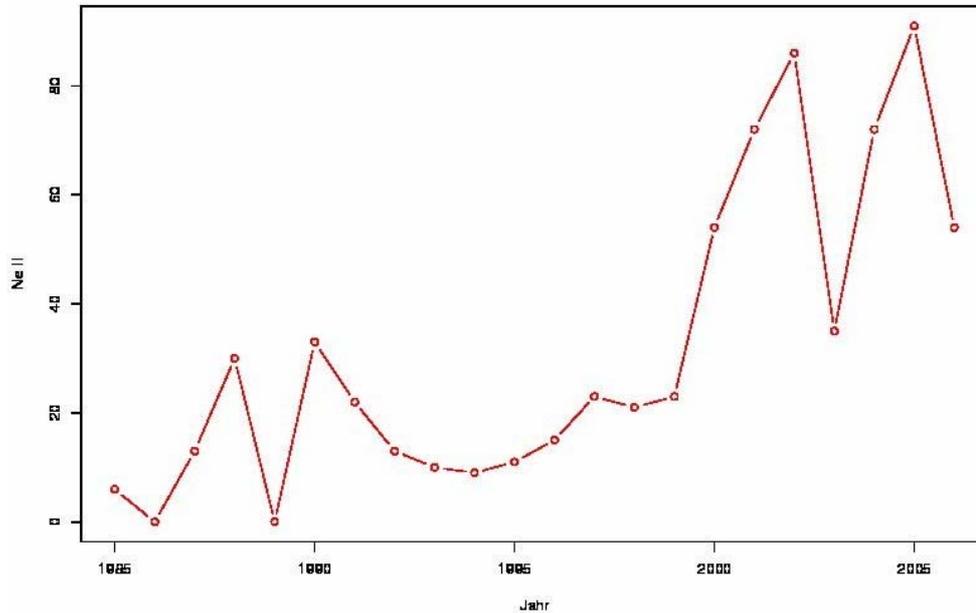


Abbildung 25: Effektive Populationsgröße N_e nach Geburtsjahrgängen über die Pedigree-basierte Berechnung mit ΔF beim Roten Höhenvieh

Unterschiede bei der Rangierung der vorgestellten Rinderrassen in Bezug auf die effektive Populationsgröße in Tabelle 57 gibt es bei den weiteren zwei Pedigree-basierten Berechnungsmethoden nicht, allerdings zeigen die Werte Abweichungen zu den ersten beiden Berechnungsmethoden.

4.5 Nutzung der Populationsanalysen

Die Populationsanalysen sind für die Nutztierassen in Sachsen erstellt worden. Da es Hauptanliegen eines Monitorings ist, die Entwicklung der Population über einen großen Zeitraum und immer wieder aktuell darzustellen, müssen die Populationsanalysen regelmäßig laufen oder angeschoben werden. Eine Verfahrensanweisung zur Durchführung dieser Populationsanalysen ist im Anhang 8.1 aufgezeigt.

Die beste Variante für ein Monitoring ist die ständige Verfügbarkeit. Bei der zentralen Schaf- und Zieghdatenbank „OVICAP“ wird die Analyse in die Datenbank mit integriert, so dass auf Wunsch jedes beteiligten Zuchtverbandes die aktuellen Populationszahlen in Form dieses Berichtes für jede Rasse abgerufen werden kann. Eine solche Implementierung in bestehende Datenbanksysteme wäre für alle Nutztierarten sinnvoll. Dies dürfte bei den Schweinen (dezentrale Datenbank) und den Pferden (Datenbank für Sachsen und Thüringen) umsetzbar sein.

4.6 Teilprojekt: Nutzungsvorschläge für existenzbedrohte Rassen anhand einer bundesweiten Recherche (Dr. K. Heidig, Dr. K. Graff; HTW Dresden)

In einem Teilprojekt wurden, unter der Maßgabe, eine bundesweite Umfrage zu alternativen Nutzungskonzepten bei existenzgefährdeten Rassen als Beitrag zur Lebenderhaltung durchzuführen, Ergebnisse zusammengetragen.

4.6.1 Einleitung

Die in dieser Untersuchung bearbeitete Thematik ist Teil des Forschungsprojektes „Monitoring der genetischen Diversität“.

Viele alte Nutztierassen sind aufgrund ihrer unter heutigen Vermarktungsbedingungen bestehenden Unwirtschaftlichkeit vom Aussterben bedroht. Sie stellen jedoch einen Genpool dar, der in Anbetracht der zunehmenden genetischen Verarmung, wie sie mit der globalen Ausbreitung einiger weniger, vorherrschender Nutztierassen einhergeht, immer wichtiger wird. Es ist somit ein inzwischen weltweites Ziel, diese alten Nutztierassen als genetische Ressource zu erhalten (Lebenderhaltung). Dazu verpflichtete sich unter anderem auch Deutschland, für die Stabilisierung und/oder die Vergrößerung der Bestände betroffener Rassen zu sorgen. Bereits seit einigen Jahren wird deshalb von den Bundesländern das Halten von regional typischen, vom Aussterben bedrohten Rassen finanziell gefördert. Dabei unterscheiden sich die Förderkonzepte der Bundesländer voneinander.

Im Rahmen dieser Arbeit soll mittels einer Umfrage ein Überblick über die derzeitige Situation hinsichtlich regionalem Vorkommen, Bestandsgrößen, Haltungs- und Nutzungsformen sowie deren

Erfolg gegeben werden. Die Ergebnisse dienen als Grundlage für die Einschätzung der Perspektiven einzelner Rassen und es sollen Rückschlüsse für sinnvolle bestandserhaltende bzw. stabilisierende Nutzungsformen und Förderungen gezogen werden.

4.6.2 Ausgangssituation

Eine genaue Aussage über den derzeitigen Tierbestand bedrohter Nutztierassen in Deutschland ist nicht möglich. In der Datenbank EFABIS, die für die weltweite Erfassung bedrohter Nutztierarten angelegt wurde, sind nur Herdbuchtiere aufgeführt. Auch Zuchtverbände haben lediglich Überblick über die im Herdbuch eingetragenen Tiere und die aktiven Züchter. Die Angaben von EFABIS und den Zuchtverbänden stimmen jedoch in keiner Weise überein. Die von den Zuchtverbänden auf schriftliche Anfrage hin angegebenen Tierzahlen betragen häufig ein Vielfaches der in EFABIS gemeldeten Tiere, obwohl nur ein Teil der Verbände überhaupt Angaben machte.

Zudem ist es eine Tatsache, dass ein großer Teil der Nachzuchten an Halter abgegeben werden, die in keinem Zuchtverband organisiert sind. Das ist vor allem bei Schafen relevant. Nach eigener Schätzung, die sich mit der Schätzung aktiver Züchter deckt, ist bei Schafen maximal 50 % des vorhandenen Tierbestandes registriert. Dabei kann man davon ausgehen, dass zumindest ein Teil der nicht in Zuchtverbänden organisierten Halter ihre Tiere selbst weitervermehrt, wobei allerdings keine Kontrolle der Paarungspartner hinsichtlich Rassereinheit erfolgt. Allerdings erfolgt zumindest bei Schafen z. T. über Generationen innerhalb eines relativ festen Halterkreises (z. B. Dorfgemeinschaft) eine Reinzucht/Inzucht regionaler Linien zur Erzeugung von Nutztieren („Rasenmäher“), die durchaus die Genetik der ursprünglichen regionalen Rasse repräsentieren.

4.6.3 Zusammenfassung

Rassen entstehen, weil Tiere für einen bestimmten Gebrauchszweck benötigt und dahingehend selektiert werden. Erfüllt eine Rasse keinen Gebrauchszweck mehr, der vom Markt nachgefragt wird, wird sie nicht mehr gehalten und nachgezüchtet - sie stirbt aus. Die besten Möglichkeiten der Rassenerhaltung sind sinnvolle und für den Halter kostendeckende Nutzungsmöglichkeiten.

Unter welchen Rahmenbedingungen eine solche Nutzung möglich ist, zeichnet sich anhand der aus der durchgeführten Umfrage vorliegenden Ergebnisse deutlich ab:

Die besten wirtschaftlichen Ergebnisse erzielen Halter von den Tierarten Rind, Schaf und Ziege, die die Tierhaltung hauptberuflich betreiben, große Bestände bewirtschaften und/oder mehrere Absatzstrategien verfolgen.

Beim Pferd sind die Zusammenhänge ähnlich, nur dass hier die Bestandesgröße nicht relevant zu sein scheint. Allerdings lagen in der ausgewerteten Stichprobe fast nur kleinere Bestände bis 10 Tiere vor. Lediglich vier Halter hatten Bestände über 10 und bis maximal 32 Tiere. Die Aussage hinsichtlich der Bestandesgröße lässt sich somit für Pferde nicht hinreichend untermauern.

Für Schweine lagen generell zu wenige Daten vor, um sichere Aussagen zu machen.

Um den Rasseerhalt zu sichern, bieten sich zwei grundsätzliche Möglichkeiten an, die gleichzeitig verfolgt werden müssen:

- *finanzielle Unterstützung des Aufbaus großer, professionell bewirtschafteter Bestände =
Haupterwerbsbetriebe*

Hier ist der Hauptansatzpunkt staatlicher Förderung zu sehen. Dabei sollte die Förderung stufig gegliedert werden.

Stufe 1: Förderung des Haltens einer existenzbedrohten Rasse an sich

Momentan wird dieser Fakt gefördert, allerdings scheint die Umsetzung häufig nicht sinnvoll. Die meisten Tierhalter haben Kleinstbestände (Hobby). Kleinsthalter nehmen Fördermöglichkeiten wegen bürokratischer Hürden oder Unkenntnis häufig nicht in Anspruch. Deshalb greift derzeit die bestehende Förderung bei der Masse der Tierhalter nicht. Kleinsthalter liefern jedoch den größten und auch langfristig unverzichtbaren Beitrag zum Rasseerhalt.

Stufe 2: Förderung des Entstehens großer, wirtschaftlicher Bestände sowie Existenzgründungen

Aus Hobbyhaltung entstehen bei gegebener Wirtschaftlichkeit häufig Nebenerwerbsbetriebe und daraus wiederum weitere Haupterwerbsbetriebe. Voraussetzung dafür ist meist eine Bestandsaufstockung. Eine Staffelung der Förderung nach Bestandesgröße „mehr Tiere = mehr Förderung“ könnte einen Anreiz zur Bestandvergrößerung schaffen.

Zusätzlich müssen flankierende Maßnahmen greifen (Existenzgründerförderung, investive Förderung), die auf die speziellen Bedürfnisse dieser Existenzgründergruppe zugeschnitten sind (häufig wenig betriebswirtschaftliche Vorbildung). Schwerpunkt muss dabei die Übergangsphase vom kleinen zum ausreichend großen Bestand sein, da hier sowohl nötige Investitionen als auch der Aufbau von Vermarktungswegen eine überproportional große Belastung für die Betriebe verursacht.

- *Forcierung des Absatzes der Produkte*

Wenn eine Rasse wirtschaftlich gehalten werden soll, muss mit deren Produkten ein zumindest kostendeckender Erlös erzielt werden können. Wie viel man für eine Ware erzielt, hängt entscheidend von der Nachfrage und den Vermarktungsstrategien ab. Hier besteht offensichtlich noch großer Nachholbedarf bei den Tierhaltern. Nur drei Tierhalter von insgesamt 159 waren Mitglieder von Vermarktungsgemeinschaften, obwohl die Defizite bei der Vermarktung durchaus als Problem gesehen werden (28 Tierhalter).

Eine Bündelung des bestehenden Angebotes ist bei der derzeitigen Bestandsstruktur jedoch unerlässlich, um feste Absatzmöglichkeiten überhaupt gleichmäßig bedienen zu können. Große Tierbestände vermarkten zu können, setzt feste Absatzwege voraus.

Als ein gutes Vermarktungsbeispiel soll hier die Bäuerliche Erzeugergemeinschaft Schwäbisch Hall genannt werden, die 1988 gegründet wurde. Hier werden ausschließlich reinrassige Tiere (Schwäbisch-Hällisches Landschwein) sowie Kreuzungstiere (Sh x Pi) von Höfen der Erzeugergemeinschaft im selbst ausgebautem Schlachthof Schwäbisch Hall geschlachtet und nur in den angeschlossenen Fachgeschäften verkauft. Das Fleisch wird unter der geschützten Marke „Schwäbisch-Hällisches Qualitätsschweinefleisch g.g.A.“ verkauft, welche die wirtschaftliche Basis für den Erhalt der Rasse bildet. Die Vermarktung läuft über Bauernmärkte und deutschlandweite Märkte. Der Tierbestand konnte sich auf ca. 280 weibliche und 26 männliche Nukleustiere steigern, so dass die Rasse zwar immer noch als mäßig gefährdet eingestuft werden muss, aber ein weiterer Bestandsaufbau und die Sicherung der Belieferung des Vermarktungsprogramms nicht gefährdet ist.

Als ein weiterer Schritt für die Verbesserung der ökonomischen Situation der Mitglieder wird der betriebswirtschaftliche Vergleich, Erzeugerringauswertung und/oder die gezielte Verbesserung der produktionstechnischen Parameter angesehen. Damit werden auch Aussagen über den wirtschaftlichen Erfolg des Vermarktungskonzeptes ermöglicht. Derzeitig werden den Erzeugern 25 % über dem aktuellen Marktpreis garantiert. Weitere Informationen sind auf der Homepage der Erzeugergenossenschaft unter www.besh.de zu finden.

Bei der Erstellung von Vermarktungsstrategien ist die genaue Kenntnis der Vorteile einer alten Rasse notwendig. Diese müssen durch detaillierte Vergleiche mit anderen Rassen auf wissenschaftlicher Ebene ermittelt und entsprechend der Käuferwünsche vermarktet werden. So können die Vorteile von alten Rassen z. B. in der Fleischqualität, in der Eignung für die ökologische Tierhaltung oder in der Mütterlichkeit liegen. Diese müssen über eigenständige Zuchtziele und Zuchtprogramme erhalten und verbessert werden. Bei einer angepassten Vermarktungsstrategie lassen sich mit diesen herausragenden Eigenschaften am Markt Mehrerlöse erzielen.

Auch Veredelung der Produkte und damit Verbesserung der Wertschöpfung sind bei kleinen Beständen problematisch, da sich Investitionen (z.B. Schlachthaus, Käserei) erst ab einem gewissen Umsatz rechnen. Auch hierfür wäre ein Zusammenschluss von Haltern kleiner Bestände sinnvoll. Die Initiative hierfür muss von Seiten der Tierhalter ausgehen. Allerdings können durch den Staat günstige Rahmenbedingungen geschaffen werden. Sinnvoll sind hier z.B. eine spezielle Berücksichtigung von Erzeugergemeinschaften bei investiven Förderungen und eine Senkung der gesetzlichen Hürden für Kleinerzeuger (z. B. Erlaubnis des Schlachtens von „Öko-Tieren“ auch durch „Nicht-Öko-Fleischer“).

Ein wichtiger Punkt speziell bei Schaf und Mutterkühen ist deren Einsatz bei bezahlter oder geförderter Landschaftspflege. Auch hier sind gestaffelte Fördersätze in Abhängigkeit der eingesetzten

Rasse denkbar, die den Fleischminderertrag existenzbedrohter Rassen zumindest teilweise kompensieren.

Zusammenfassend kann gesagt werden, dass das Halten existenzbedrohter Rassen durchaus wirtschaftlich sein kann wie die hier vorliegenden Ergebnisse belegen. Durch die Nutzung der Eigenstellungsmerkmale der alten Rassen bei der Erfüllung der Käuferwünsche sowie gezielte staatliche Förderung für die Entstehung sinnvoller Bestands- und Vermarktungsstrukturen können die Tierbestände der alten Rassen gesichert und vergrößert werden. Die Initiativen für den Aufbau von gezielten Vermarktungskonzepten und die Schaffung der dafür nötigen Strukturen (z. B. Vermarktungsgemeinschaften, Erzeugerringe) müssen die Erzeuger jedoch selbst leisten.

4.6.4 Diskussion der Methode der Datengewinnung

Die Datenerhebung mittels Fragebogen hat sich bereits in einer Vielzahl von Arbeiten für die Gewinnung von einzelbetrieblichen Daten bewährt. In dieser Untersuchung lag die Rücklaufquote bei durchschnittlich 19 % und schwankte rassenspezifisch und verteilungswegspezifisch zwischen 0 % (Schwein) – 38 % (Pferd). Dies wird bei einer korrekten und umfangreichen Beantwortung für die Auswertung von Einzeldaten als gut empfunden. Die absoluten Zahlen sind jedoch als gering einzustufen.

Die Gewinnung von großen Datenmengen wird durch folgende Aspekte erschwert:

- Die Adressbeschaffung ist schwierig und zeitaufwändig, da kaum öffentlich nutzbare Adressdatensammlungen vorhanden und nutzbar sind.
- Mögliche Bündler, von denen Adressen erfragt werden oder über die die Fragebögen verteilt werden können, sind nur unzureichend vorhanden oder genau so schwer zu erreichen wie die Halter selbst.
- Die Personengruppe der Halter weist sehr differenzierte Fachkenntnisse auf. Es ist kaum möglich, einen Fragebogen zu erstellen, der sowohl vom völligen Laien verstanden, als auch vom Fachmann nicht als beleidigend und sträflich vereinfachend und unexakt empfunden wird. Dementsprechend werden die Fragen von den Haltern sehr unterschiedlich verstanden und beantwortet, was die Auswertung erschwert und die Aussagekraft der Ergebnisse schmälert.
- Der Antwortrücklauf ist für die Auswertung von Massendaten nicht zufriedenstellend. Das liegt, nach Aussage von Mitarbeitern bei Zuchtvereinen, z. T. daran, dass die Forschung auf dem Gebiet der existenzbedrohten Nuttierrassen derzeit weit verbreitet ist und die Halter mit Fragebögen „überschwemmt“ werden. Zum anderen werden Fragebögen, sofern sie nicht von amtlichen Stellen kommen, wohl gern einfach beiseite gelegt, weil sie für den Tierhalter selbst nicht direkt wichtig erscheinen.

Vergleichbare Arbeiten erreichen bei der Verteilung der Fragebögen über Zuchtverbände ca. 45 – 50 %. Dabei ist zu beachten, dass es direkt um Fragestellungen des Zuchtverbandes ging.

Arbeiten über Befragungen bei Alpakas über eine Homepage brachten Rücklaufquoten von ca. 30 %. Dabei wurden die Halter über E-Mails und Telefon über die Befragung informiert und mussten den Fragebogen auf der Internetseite ausfüllen. Bei gut organisierten Zuchtverbänden sowie staatlicher Unterstützung wurden vergleichbare Rücklaufquoten erreicht.

Um in Zukunft zur Thematik „existenzbedrohte Rassen“ belastbare Daten mit begrenztem Aufwand sammeln zu können, sollte über den Aufbau einer Forschungsdatenbank nachgedacht werden. Hier sollten Tierhalter erfasst werden, die die Forschung aktiv unterstützen wollen und daher die Verwendung ihrer Adressdaten ausdrücklich für solche Zwecke freigeben. Die Datenbank sollte weiterhin beinhalten:

- gehaltene Tierart/Rasse
- Bestandesgrößen
- Betriebstyp/Erwerbsform
- Zugehörigkeit zu Zuchtvereinen, Öko- und Vermarktungsorganisationen.

Anhand einer solchen Datenbank könnten gezielt Haltergruppen passend zu den jeweiligen Fragestellungen ausgesucht und kontaktiert werden. Die Erstellung und Betreuung einer solchen Adressdatenbank könnte z.B. durch die Förderstellen der Landwirtschaftskammern organisiert werden.

Weitere Möglichkeiten für detailliert auswertbare Daten sind persönliche Befragungen von Haltern und Züchtern. Dabei ist ein besseres Eingehen auf die spezifische Situation möglich und die Wertung der Antworten kann durch gezielte (Nach-)Fragen erhöht werden. Als Ort und Zeitpunkt für vergleichbare Befragungen bieten sich u. a. Verbandsversammlungen der jeweiligen Zuchtverbände oder Erzeugerringe an, da dort mit vergleichbar geringem zeitlichen Aufwand eine größere Anzahl von Haltern und Züchtern erreicht werden kann. Die Bereitschaft zur Teilnahme an Umfragen wird bei der persönlichen Ansprache im Vergleich zur schriftlichen Anfrage als höher erachtet. Voraussetzung dafür ist die enge Zusammenarbeit mit den Bündlern.

5 Diskussion und Schlussfolgerung

5.1 Rinderrassen

5.1.1 Rotes Höhenvieh

Bei der Durchführung eines Monitorings genetischer Diversität auf der Basis von Herdbuchdaten muss beachtet werden, dass es das Ziel ist, die Veränderung einer Population von einem Zeitpunkt zum nächsten festzustellen, um bei einem Über- oder Unterschreiten eines vorher festgelegten Schwellenwertes rechtzeitig Maßnahmen zum Erhalt der Population und damit der genetischen Diversität ergreifen zu können.

Die Pedigreevollständigkeit ist je nach Rasse und Tierart sehr unterschiedlich. Die Korrektheit ist oft abhängig von der Betreuung der Rasse durch einen Zuchtverband. Hier zählt das Engagement der

Mitarbeiter, Pedigreefehler festzustellen und zu berichtigen. Weiterhin ist entscheidend, ob das Zuchtbuch offen oder geschlossen ist. Bei einem offenen Zuchtbuch werden alle Tiere, die das Zuchtziel abdecken, eingetragen und das oftmals ohne Pedigreeinformationen. Die Pedigreevollständigkeit von 85,6 % der 2006 geborenen Tiere zur Elterngeneration verdeutlicht das Problem. Je weniger bekannte Eltern vorhanden sind, umso stärker wird der Inzuchtgrad und damit auch die Inzuchtrate in dieser sehr kleinen Population unterschätzt.

Die Familiengröße ist ein wichtiger Parameter für eine populationsgenetische Analyse. Sie zeigt zum einen die Anzahl Zuchttiere, die für die nächste Generation zur Verfügung steht und zum anderen, welchen Beitrag an Allelen eines Tieres an die nächste Generation weitergegeben wird. Je größer die Varianz der Familiengröße, desto größer ist die Gefahr einer Inzuchtsteigerung. In den Untersuchungen zeigte sich, dass 20 % der männlichen Nachkommen eines Bullen zum Wiedereinsatz kamen. Das ist für eine Erhaltungszucht sehr hoch und damit günstig. Die Rassebetreuer müssen nun darauf achten, dass alle Bullenlinien gleichmäßig zum Einsatz kommen und damit auch erhalten werden. Das entspricht auch den Empfehlungen der DGfZ für das Erhaltungszuchtprogramm in Sachsen.

Die Höhe des errechneten Inzuchtgrades ist von der Genauigkeit der Abstammungsinformationen und somit von der Anzahl an bekannten Ahnen bzw. der einbezogenen Generationen in die Berechnung des Inzuchtgrades abhängig. Aus diesem Grund ist ein Vergleich der Inzuchtkoeffizienten zu anderen Autoren schwierig, da diese die Generationslänge festgesetzt haben und die dort unbekannt Ahnen mit einem Vollständigkeitsindex dazu rechnen. Die vergleichenden Literaturwerte werden ohne Zugabe des Vollständigkeitsindex vorgestellt.

Andere Autoren haben Inzuchtkoeffizienten bei kleineren bis mittelgroßen Rinderpopulationen von 1,42 % unter Berücksichtigung von fünf Generationen (BIEDERMANN et al. 2004): Vorderwälder Rind), 2,48 % bei fünf Generationen (BIEDERMANN et al. 2005) Schwarzbuntes Niederungsgründ), 0,77% bei Kühen (fünf Generationen) (EHLING et al. 1999) Genreserve Deutscher Schwarzbunter Rinder), 0,71 % bei Mutterkühen (fünf Generationen) und 0,47 % bei Milchkühen der Rasse Hinterwälder Rind (BIEDERMANN et al. 2003) sowie beim Gelbvieh: drei Generationen = 0,37 % bzw. 11 Generationen = 1,70 % und Braunvieh: drei Generationen = 0,16 % bzw. 11 Generationen = 1,30 % (KROGMEIER et al. 1997) ermittelt.

Die Inzuchtkoeffizienten beim Roten Höhenvieh liegen im Mittel der letzten fünf Geburtsjahrgänge bei 4,7 % und sind damit höher angesiedelt als bei den anderen Rassen. Dies kann auch mit den sehr unterschiedlichen und unbegrenzten Pedigreeinformationen begründet werden. 28,6 % der Tiere waren frei von Inzucht bzw. hatten unbekannte Eltern. Weiteren Aufschluss zum Inzuchtgeschehen in der Population geben die Inzuchtraten. Die Problematik der Pedigreevollständigkeit sowie der Berechnung des Inzuchtkoeffizienten für ein Monitoring genetischer Diversität zeichnet sich deutlich ab. Sofern nur noch Tiere mit bekannten Ahnen in das Zuchtbuch eingetragen werden würden, ist der Parameter Inzuchtrate besser für ein Monitoring geeignet.

Die Inzuchtrate lag im Mittel der letzten fünf Geburtsjahrgänge zur jeweiligen Elterngeneration bei 0,80 %. Bei anderen Autoren lagen die berechneten Inzuchtraten bei kleineren bis mittelgroßen Rinderrassen zwischen 0,19 % und 1,26 % (BIEDERMANN et al. 2003: Hinterwälder Rind $\Delta F = 0,35$ % (Eltern zu Nachkommen, Milchviehpopulation), $\Delta F = 0,19$ % (Eltern zu Nachkommen, Mutterkuhpopulation); BIEDERMANN et al. 2004 : Vorderwälder Rind $\Delta F = 0,56$ % (Eltern zu Nachkommen); BIEDERMANN et al. (2005) Schwarzbuntes Niederungsind: $\Delta F = 1,26$ % (Eltern zu Nachkommen); EHLING et al. (1999): Genreserve Deutscher Schwarzbunter Rinder: $\Delta F = 0,20$ %; KROGMEIER et al. (1997) Gelbvieh: $\Delta F = 0,85$ %, Braunvieh: $\Delta F = 0,87$ % (im Mittel der Eltern zu den Geburtsjahrgängen der Nachkommen 1980 bis 1991). Das zeigt, dass die Inzuchtrate im Mittelfeld einzuordnen ist. Gemäß dem „Nationalen Fachprogramm zur Erhaltung und Nutzung tiergenetischer Ressourcen“ (TGR-NFTG 2003) beruht eine effektive Populationsgröße N_e 200 auf einer Inzuchtrate von $\Delta F = 0,25$ % und ergibt einen Gefährdungsstatus: „stark existenzgefährdet“. Die Inzuchtrate bei der Population Rotes Höhenvieh von 0,80 % würde eine effektive Populationsgröße von $N_e = 100$ bedeuten.

Die Berechnung der effektiven Populationsgröße N_e erweist sich als schwierig. Bei dem Vergleich der zwei Formeln, die jeweils verschiedene Annahmen verfolgen, fällt auf, dass die Ergebnisse sehr voneinander abweichen. Liegt die N_e nach der Zensus-basierten Formel 2006 bei 277, so ist das Ergebnis nach der Pedigree-basierten Formel nur ein Fünftel davon ($N_e = 49$). Im Durchschnitt der letzten fünf Geburtsjahrgänge lag die effektive Populationsgröße nach der Pedigree-basierten Formel II bei 70. Nach den Festlegungen im Nationalen Fachprogramm würde das Rote Höhenvieh als eine Erhaltungspopulation (= stark gefährdete Population, für die baldmöglichst ein Lebenderhaltungsprogramm begonnen werden sollte) eingestuft werden.

Ein wichtiges Einflusskriterium auf die effektive Populationsgröße ist die Anzahl eingesetzter Bullen. Von den im Jahr 2005 eingesetzten Zuchttieren (685) waren 12 % männliche Tiere. Von den männlichen Tieren befanden sich 18 % im Besamungseinsatz. Der relativ hohe Anteil männlicher Zuchttiere begründet sich mit der Doppelnutzung des Roten Höhenviehs als Fleisch- und Milchrind. Es werden nicht nur Besamungsbullen, sondern oft auch Bullen in den Herden aufgrund von Mutterkuhhaltung im Natursprung eingesetzt.

5.1.2 Deutsche Holsteins sächsische Population

CARAVIELLO (2004) zeigt in seinem Artikel die effektiven Populationsgrößen für die fünf wichtigsten amerikanischen Milchrinderrassen auf. Dabei lagen Ayrshire mit einer N_e von 161 noch am Besten, danach Guernsey mit $N_e = 65$, gefolgt von Brown Swiss mit $N_e = 61$, Holstein mit $N_e = 39$ und Jersey mit $N_e = 36$. Das bedeutet, dass die amerikanische Holstein-Population mit ca. 8 Millionen Tieren bezüglich der erwarteten Inzuchtrate gleichzustellen ist mit 39 Tieren bei gleichem Geschlechtsverhältnis und Zufallspaarung. Der Fakt, dass Jersey und Holstein niedrigere N_e haben als die anderen Rassen, zeigt die starke Selektionsintensität vor allem bei den Besamungsbullen und die Steigerung des genetischen Fortschrittes als wichtige Faktoren hinsichtlich der Inzucht und der N_e . Ebenfalls als kritisch stellt MIGLIOR (2000) sowie MIGLIOR und BURNSIDE (1995) die Situation

des nordamerikanischen Holstein Frisian dar. Die europäischen Holstein Frisian stehen bei der Betrachtung der Inzuchtrate um einiges besser da. In diesem Zusammenhang schlägt er den Ankauf von europäischen Zuchttieren nach Nordamerika vor.

Bezüglich der Pedigree-basierten Berechnungsmethode erscheint die N_e mit 242 Tieren in Sachsen trotz des Unterschiedes zu CARAVIELLO (2004) relativ bedenklich. Das Zensus-basierte Ergebnis vermittelt mit $N_e = 3.397$ dagegen ein völlig entspanntes Bild von der Situation des Deutschen Holsteins für die sächsische Population.

Es wäre dringend notwendig, aktuellere Herdbuchdaten mit vollständigen Kalbeinformationen (auch männliche Kälber) auszuwerten, so dass ein zeitnahes Bild von der sächsischen Population zur genetischen Vielfalt entstehen kann.

SIMIANER und KÖNIG (2003) zeigen Ergebnisse zum Inzuchtgeschehen bei der Bullenmütter-Population (Holstein Frisian) für deutsche Testbullen von 1988 bis 1998. Bei der Unterstellung eines Generationsintervalls von fünf Jahren ermittelten sie eine Inzuchtrate von 0,95 % pro Generation. Dieser Inzuchtzuwachs korrespondiert mit einer effektiven Populationsgröße von $N_e = 52$ Tiere. Da es sich bei Bullenmüttern um eine hochselektierte Teilpopulation handelt und dort die absoluten Inzuchtwerte höher liegen als bei der gesamten Kuhpopulation, zeigt sich doch, dass die in diesen Untersuchungen berechnete Inzuchtrate von 0,2 % in der jüngsten Generation sinnvoll erscheint.

SIMIANER und KÖNIG (2003) stellen ebenfalls klar, dass es sich hier weniger um ein nationales als vielmehr um ein internationales Problem handelt. So zeigte eine Analyse einer Interbulldatei mit im Jahr 1990 geborenen Bullen, dass 50 % der getesteten Holsteinbullen von nur fünf verschiedenen Vätern abstammen. Als Empfehlung zur Minimierung der Inzuchtsteigerung leiten die Autoren unter anderem ab, wie *„wichtig die Verwandtschaft einer Kuh mit dem ausgewählten Besamungsbullen ist, wodurch direkt der Inzuchtgrad des Nachkommen bestimmt wird. Bei der Verwendung von computergestützten Anpaarungsprogrammen, wie sie bereits von vielen Zuchtorganisationen angeboten werden, ist es möglich, hier einen Maximalwert vorzugeben, so dass für die individuelle Anpaarung ein zu starker Inzuchtzuwachs vermieden werden kann. Solange allerdings in verschiedenen Zuchtprogrammen bei den Bullenvätern und Bullenmüttern die derzeitige Praxis der (zu) engen Linienführung beibehalten wird, kann die Inzuchtvermeidung in den Paarungsentscheidungen allenfalls kurzfristige Probleme auf Betriebsebene vermeiden helfen“*. Programme, welche Anpaarungsplanung unter Berücksichtigung der Inzuchtrate durchführen können, wurden im Literaturabschnitt unter Punkt „Software-Programme zur Überwachung von Inzucht und Verwandtschaft 2.5 vorgestellt.

5.2 Pferderassen

5.2.1 Deutsches Sportpferd und Haflinger

Bei der Betrachtung der Zensus-basierten Berechnungsmethode der effektiven Populationsgröße ist klar, dass die Population des Deutschen Sportpferdes auf sächsisch-thüringischem Gebiet mit einer N_e von nur 416 zwar nach dem „Nationalen Fachprogramm Tiergenetischer Ressourcen“ in den Bereich der Beobachtungspopulation fallen würde, dies aber aufgrund der räumlichen Beschränkung der Herdbuchdaten geschieht. Genauso verhält es sich bei dem Sächsisch-Thüringischen Haflinger. Hier müssten auf jeden Fall komplette Zuchttierzahlen zur besseren Berechnung der Zensus-basierten N_e vorliegen. Das Deutsche Sportpferd fällt nach der TGRDEU (2007) in die 4. Kategorie und ist nicht gefährdet. Auch das Inzuchtgeschehen ist über die Geburtsjahrgänge ausgeglichen niedrig. Ebenfalls keine Bedenken für die Gefährdung hinsichtlich genetischer Diversität dieser Rasse lassen die sehr niedrige Inzuchtrate (= 0,05 %) und die damit hohe N_e von 1.125 Tiere (Pedigree-basiert) erkennen.

Bei der Rasse Haflinger ist zwar der Inzuchtgrad mit mehr als 4 % relativ hoch, jedoch entwickelte sich die Inzuchtrate seit dem Jahrgang 1994 positiv, also stetig sinkend. Aus diesem Grund sollte vor allem beim Reinzuchthaflinger die Entwicklung in den nächsten Jahren für Sachsen und Thüringen beobachtet werden. Der Edelblut-Haflinger erfährt automatisch Fremdeinkreuzung durch den Araber. Beim Haflinger trat das Problem auf, dass seit dem Jahr 2000 nur negative Inzuchtraten berechnet wurden und dadurch die Pedigree-basierte N_e ebenfalls negative Ergebnisse liefert. Damit kann auch die Handlungskaskade des „Nationalen Fachprogramms“ zur Einschätzung des Gefährdungsgrades nicht genutzt bzw. es muss auf die Zensus-basierte N_e zurückgegriffen werden. Eine N_e für den Haflinger konnte bei TGRDEU (2007) nicht gefunden werden.

5.2.2 Schweres Warmblut

Das Schwere Warmblut ist die einzige Pferderasse, die sich hauptsächlich auf die Zuchtgebiete Sachsen und Thüringen beschränkt. Aus diesem Grund liegt hier der größte Teil der Herdbuchdaten für dieses Projekt vor. Diese Rasse wurde über die Förderrichtlinien für existenzbedrohte Rassen EEH/ER (RL 73/2000, Teil D, RL 73/99, Teil D, RL 73/94-D) bis 2003 gefördert. Aufgrund der erfreulichen Bestandserholung konnte die Förderung mittlerweile eingestellt werden. Im Rahmen der Tiergenetischen Ressourcen (TGRDEU 2006) wurde eine Zensus-basierte N_e von 232 geschätzt. Bei den Berechnungen in diesem Projekt lag die N_e bei 150. Diese zwei Werte können nach folgendem Hintergrund miteinander verglichen werden: In diesem Projekt sind nur Zuchttiere in die Berechnung eingegangen, die einen Nachkommen im laufenden Geburtsjahr gebracht haben. Laut SÄCHSISCHEM TIERZUCHTREPORT 2006 lag eine Bedeckungsrate von circa 62 % bei dem Schweren Warmblut vor, so dass die N_e aus diesem Projekt mit der N_e der Tiergenetischen Ressourcen (TGRDEU 2006) wieder übereinstimmt.

Der Inzuchtgrad mit 4,7 % und die Inzuchtrate mit 1,1 % fallen bei dieser Rasse sehr hoch aus. Die Problematik wird auch in der sehr niedrigen Pedigree-basierten N_e von nur 48 Tieren deutlich sicht-

bar. Diese Rasse muss weiterhin, auch wenn sie zurzeit nicht in der Förderung enthalten ist, vor allem hinsichtlich ihrer Inzuchtentwicklung beobachtet werden.

5.2.3 Rheinisch-Deutsches Kaltblut

Das Rheinisch-Deutsche Kaltblut gehört in Sachsen zu den bisher geförderten, existenzbedrohten Rassen. In Sachsen und Thüringen existiert eine Teilpopulation (Sächsisch-Thüringisches Kaltblut) dieser Rasse, da sie im Jahr 2004 mit anderen Rasseschlägen zusammengeführt wurde.

In der Untersuchung der deutschlandweiten Population des Rheinisch-Deutschen Kaltblutes von BIEDERMANN et al. (2002) wurde auch nach Teilpopulationen unterschieden. Dabei zeigte die Sächsisch-Thüringische Population Genanteile der Herkunftsrassen von 66 % Rheinisch-Deutsches Kaltblut, 5 % Belgisches Kaltblut, 4 % Sonstiges Kaltblut und geringe Prozente vom Niederländischen Kaltblut, Ungarischen Kaltblut und Araber. Der Anteil unbekannter Herkunftsrassen lag bei 24 %. Damit zeigte die Sächsisch-Thüringische Population den größten Anteil mit Rheinisch-Deutschem Kaltblutanteil in der Population.

Ähnlich wie beim Schweren Warmblut und dem Haflinger liegt der Inzuchtgrad dieser Population bei circa 4 %. Gravierender erscheint die Inzuchtrate mit 1,3 %, wobei sie von Jahrgang zu Jahrgang etwas variiert. Die Inzuchtrate in der letzten Generation lag bei der Untersuchung von BIEDERMANN et al. (2002) für die Teilpopulation bei 0,9 %. Schon 2002 wurde auf die steigende Inzuchtrate vor allem bei den Teilpopulationen Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen-Anhalt und Sachsen/Thüringen hingewiesen. Damit sind nun auch die 1 % von der DGfZ (1992) als Empfehlung ausgesprochene zulässige Inzuchtsteigerung pro Generation für die jüngste Generation überschritten. Es zeigt sich, dass eine zu isolierte Verbandspopulation verhindert werden muss und dass vermehrt verbandsübergreifende Hengste eingesetzt werden sollten. Dies könnte durch den verstärkten Einsatz von Pacht- bzw. Besamungshengsten anderer Zuchtverbände geschehen. Darauf sollte durch die Zuchtleitung hingewirkt werden.

Dahingehend muss auch ein Augenmerk auf die Familiengröße gelegt werden, dass Hengste aus verschiedenen Linien gleichmäßig zum Einsatz kommen. Es empfiehlt sich, die Züchter über Fachvorträge zur Inzuchtproblematik in dieser Population aufzuklären. Zur Senkung der Inzucht und Erweiterung der genetischen Vielfalt in der Population sollte auch über die Zufuhr von geeigneten Belgischen Kaltbluthengsten (Ursprungsrasse) nachgedacht werden.

5.3 Schaf- und Ziegenrassen

Aufgrund der Vorgabe, alle Schafrassen seit 2005 auf Scrapie-Resistenz zu züchten, kann es bei einem schnellen Umzüchtungsprozess über den Einsatz von ARR-homozygoten Böcken in Populationen mit einer sehr niedrigen ARR-Allelfrequenz bzw. in kleinen Populationen eine genetische Notfallsituation, einen sogenannten genetischen Flaschenhalseffekt, herbeiführen (WINDIG et al. 2004). Für Deutschland wurde deshalb bei besonders betroffenen Schafrassen eine Kryokonserven

angelegt (SCHMIDT 2004). Mit diesem Hintergrund sind die Schafrassen hinsichtlich des Erhalts der Genetischen Vielfalt besonders sorgsam zu behandeln.

5.3.1 Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf und Ostfriesisches Milchschaaf

Die Untersuchungen zu den drei größeren Schafrassen in Sachsen erbrachten folgende Gefährdungskategorien nach dem „Nationalen Fachprogramm“, wobei das Schwarzköpfige Fleischschaf den kleinsten Populationsumfang aufweist:

Merinofleischschaf:	Beobachtungspopulation ($N_e = 367$ Tiere)
Schwarzköpfiges Fleischschaf:	Phänotypische Erhaltungspopulation ($N_e = 38$ Tiere)
Ostfriesisches Milchschaaf:	Phänotypische Erhaltungspopulation. ($N_e = 44$ Tiere)

Vor allem bei den zwei letzteren Rassen zeigt die Pedigree-basierte N_e mit der Inzuchtzunahme für die letzte Generation problematische Ergebnisse. Die Pedigreevollständigkeit zumindest beim Ostfriesischen Milchschaaf kann keine Ursache für ein solches Ergebnis sein, da diese mit 93 % in der 4. Generation als sehr gut einzustufen ist. Bei dem Merinofleischschaf ist eine hohe Varianz bei der Pedigree-basierten N_e von Jahrgang zu Jahrgang zu erkennen, was auf die Unvollständigkeit des Pedigrees schon in der ersten Generation zurückgeführt werden könnte (Anpaarung der Tiere, die unbekannte Eltern haben und damit keine Inzucht aufweisen). Bei der Betrachtung der letzten drei Geburtsjahrgänge liegt das Merinofleischschaf in der Gefährdungskategorie „Erhaltungspopulation“ und nur knapp von den Werten der beiden anderen Rassen entfernt. Damit besteht dringender Bedarf an der weiteren Beobachtung der Entwicklung dieser Populationen und im Notfall ein Eingriff des Staates durch gezielte Förderung dieser Rassen. Eine gemeinsame Betrachtung mit den anderen Teilpopulationen dieser Rassen wird als sehr sinnvoll erachtet.

5.3.2 Skudde und Leineschaf

Die Skudde und das Leineschaf stehen im Freistaat Sachsen auf der Liste der geförderten existenzbedrohten Rassen. Bei der aktuellen Einstufung in die Gefährdungskategorien des „Nationalen Fachprogramms“ auf Pedigree-basierter Grundlage erscheinen beide Rassen als phänotypische Erhaltungspopulation (Skudde: $N_e = 38$ Tiere, Leineschaf: $N_e = 16$ Tiere).

Aktuelle Bestrebungen zielen beim Leineschaf in eine ganzheitliche Betrachtung (alle Teilpopulationen) mittels dieser Populationsanalyse. Im Anschluss daran sollte es für diese Rasse auf Grundlage des Reports nochmals einen Statusbericht geben. Generell zeigt das Leineschaf über die letzten Geburtsjahrgänge eine steigende Inzuchtrate, weshalb sie jährlich durch die Populationsanalyse geprüft werden sollte. Wie im Kapitel Ergebnisse unter Punkt 4.5 beschrieben, läuft derzeit die Einbindung dieser Populationsanalyse in die zentrale Datenbank „OVICAP“, so dass diese Analyse von den beteiligten Zuchtverbänden für Ableitungen von Zuchtentscheidungen herangezogen werden kann.

Die Skudde wird von allen Zuchtverbänden züchterisch bearbeitet. Der Trend der Pedigree-basierten N_e über die Inzuchtrate der jüngsten Generation zeigt zwar ein gleichbleibendes Niveau, allerdings in einer bedrohlichen Höhe. Die Inzuchtrate von 1,6 % in der jüngsten Generation übersteigt den von der DGFZ empfohlenen Maximalwert von 1 %. Noch extremer ist die Überschreitung dieses Schwellenwertes beim Leineschaf von 3,8 %. Daher zeichnet sich ein starker Handlungsbedarf bei beiden Rassen ab.

5.3.3 Weiße Deutsche Edelziege und Thüringer Wald Ziege

Zum Vergleich stehen die zwei sehr unterschiedlichen Ziegenrassen Weiße Deutsche Edelziege (Leistungszuchtpopulation) und die Thüringer Wald Ziege (existenzbedrohte Rasse). Es wird nochmals darauf hingewiesen, dass beide Rassen nur Teilpopulationen sind. Für die Thüringer Wald Ziege wurde ein Modellprojekt in Thüringen angeschoben, in dem es schwerpunktmäßig unter anderem um eine Vernetzung der bundesweiten Herdbuchdaten in einer zentralen Zuchttier-Datenbank, eine optimierte Anpaarungsplanung sowie Festlegung von Konservierungsmaßnahmen für die aktive Zuchtpopulation geht (siehe WWW.THUERINGERWALDZIEGE.DE). Die Pedigree-basierte Methode für die sächsische Thüringer Wald Ziegen-Population liegt im Durchschnitt der Geburtsjahrgänge 2001 bis 2005 bei 24 Tieren und ist deshalb als Phänotypische Erhaltungspopulation einzuordnen. Die Inzuchtrate variiert stark und könnte auch mit der Unvollständigkeit des Pedigrees in der ersten Generation zusammenhängen, was allerdings noch untersucht werden muss.

Die Weiße Deutsche Edelziege ist nach dem Populationsumfang (Muttertiere) doppelt so groß wie das Ostfriesische Milchschaaf, weist aber die gleiche Anzahl eingesetzter Vätertiere auf. Die Inzuchtrate zeigt eine stetige Steigerung über die Jahrgänge und lag damit 2005 bei immerhin 1,4 % in der jüngsten Generation. Die N_e dieser Rasse ist mit 308 Tieren (Pedigree-basiert) scheinbar eine Beobachtungspopulation, allerdings nur, weil es 2001 einen „Ausreißer“ gab. 2004 bis 2006 zeigen sich homogenere N_e von circa 45 Tieren. Das Ergebnis, sofern die Entwicklung über die nächsten Jahre so bleibt, wäre also auch bei dieser Rasse alarmierend.

5.4 Schweinerassen

5.4.1 Deutsche Landrasse, Deutsches Edelschwein und Pietrain

Die drei Leistungszuchtpopulationen (mitteldeutsche Daten des MSZV e.V.) stellen sich bei den Ergebnissen unterschiedlich dar. Den größten Umfang der Population hat die Deutsche Landrasse, gefolgt vom Deutschen Edelschwein und dem Pietrain. Leider liegen keine vergleichenden Literaturangaben zu Inzuchtverhältnissen in Schweineleistungszuchten vor. Die Einordnung der Pedigree-basierten N_e aus diesen Untersuchungen in die vier Gefährdungskategorien des „Nationalen Fachprogramms“ sieht für die drei Rassen wie folgt aus:

Deutsche Landrasse:	Beobachtungspopulation
Deutsches Edelschwein:	Erhaltungspopulation
Pietrain:	Erhaltungspopulation

Die Leistungszuchten Deutsches Edelschwein und Pietrain sind damit ähnlich wie bei den existenzbedrohten Rassen hinsichtlich ihrer genetischen Variabilität gefährdet. Es sollte wie beim Deutschen Holstein (sächsische Population) dringend über die Einführung von Anpaarungsprogrammen mit der Berücksichtigung des Inzuchtzuwachses diskutiert werden. Eine altbekannte Lösung der Probleme ist ein Ausgleich der Familiengröße und damit der Einsatz aller vorhandenen Eberlinien. Diese Zuchten stehen unter einem ganz besonders großen Selektionsdruck auf Grund von wirtschaftlichen Zwängen, jedoch müsste hier zur Erweiterung der genetischen Variabilität dringend der Zuchtverband reagieren und eine zu enge Linienführung verhindern.

Die Deutsche Landrasse zeigt hingegen im Vergleich zu den beiden anderen Rassen bessere Ergebnisse hinsichtlich der N_e , weshalb sie trotzdem weiter beobachtet werden sollte.

5.4.2 Deutsches Sattelschwein

Das Deutsche Sattelschwein ist die am stärksten gefährdete Rasse in diesem Bericht. Dazu braucht keine N_e berechnet werden. Die extreme Gefährdung geht schon aus den sehr geringen Bestands- und Züchterzahlen deutlich hervor. Auch die Zensus- bzw. Pedigree-basierte N_e von 38 bzw. 43 Tieren bestätigt die Gefährdung. In der Promotionsarbeit von MATHES (1996) zum Thema „Sattelschweine in Deutschland - Genanteile, Verwandtschaft und Inzucht“ zeigte sich eine N_e von 27 Tieren bei der Hinzunahme der Inzuchtrate (= 1,87 %) vom letzten Generationswechsel. MATHES (1996) folgert aus ihrer Arbeit, dass das Angler Sattelschwein und das Deutsche Sattelschwein wegen der vergleichbaren Genanteile und der hohen Verwandtschaft derzeit als eine Population betrachtet werden könnte, wobei sich das Schwäbisch-Hällische Schwein davon differenziert. Da aber bereits alle Sattelschweinrassen Paarungsgemeinschaften bilden, ist die Verminderung dieses Abstandes absehbar. Mit Blick auf Minimierung von Inzucht und genetischer Drift sieht MATHES (1996) es als günstig, *„alle Sattelschweine in Deutschland als eine Population zu betrachten, deren Zuchttiere möglichst zufällig verpaart werden und die gerade die geringere Verwandtschaft zwischen dem Angler und dem Deutschen Sattelschwein einerseits und dem Schwäbisch-Hällischen andererseits bzw. zwischen den Tieren einzelner Zuchtverbände zur Inzuchtsenkung ausnutzt.“* Letztes setzt die gemeinsame Zuchtbuchführung voraus.

Der „Statusbericht tiergenetischer Ressourcen“ (SÄCHSISCHE LANDESANSTALT FÜR LANDWIRTSCHAFT 2007) zeigt einen aktuellen Stand zur Entwicklung dieser Rasse. Hier wird ebenfalls über die gemeinsame Betreuung der drei Rassen in einem Herdbuch nachgedacht und der technische Hintergrund geprüft.

Die Anlage einer Kryokonserven dieser Rasse sowie die staatliche Förderung sind unabdingbar.

6 Zusammenfassung

Im Ergebnis des Projektes können für alle Nutztierpopulationen in Sachsen, für welche Herdbuchdaten vorliegen, automatische Populationsanalysen erstellt werden. Diese enthalten Populationsstatistiken zur Anzahl männlicher und weiblicher Zuchttiere (Populationsgröße), zur Altersstruktur, zu Familiengrößen, zum Generationsintervall, zur Pedigreevollständigkeit sowie die entsprechenden Parameter zum Inzuchtgeschehen (Inzuchtkoeffizient, Inzuchtrate, effektive Populationsgröße). Das ermöglicht eine schnelle und unkomplizierte Erstellung von Populationsanalysen.

Die im Rahmen des Projektes erstellten Populationsanalysen zeigen folgende Probleme:

- Die ermittelten Inzuchtkoeffizienten bei den einzelnen Tierpopulationen können auf Grund sehr unterschiedlicher Pedigreevollständigkeiten nur bedingt verglichen werden.
- Die Inzuchtraten variieren zwischen den Geburtsjahrgängen z. T. sehr stark, so dass Tendenzen nur über einen längeren Zeitraum abgeleitet werden können.
- Die im „Nationalen Fachprogramm Tiergenetische Ressourcen“ als Einstufungskriterium für den Gefährdungsgrad einer Population festgeschriebene „effektive Populationsgröße“ (N_e) erweist sich durch das Vorhandensein verschiedener Annahmen bei der Berechnung als problematisch. Es hat sich gezeigt, dass auch die als genauer geltenden Methoden auf der Basis des Inzuchtzuwachses keine zuverlässigeren jährlichen Einschätzungen der Veränderungen im Inzuchtgeschehen zulassen. Hier sind weitere Untersuchungen erforderlich.
- Trotz der genannten Probleme eignen sich die erstellten Populationsreports mit ihrer Vielzahl von Parametern zu einer besseren Einschätzung der Inzuchtverhältnisse und damit zum Gefährdungsgrad der untersuchten Populationen. Damit ist der Tierzuchtbehörde bei Entscheidungen hinsichtlich Fördermaßnahmen für existenzbedrohte Nutztierpopulationen bzw. Entwicklung der Leistungszuchtpopulationen ein kompaktes Instrument in die Hand gegeben.
- Ebenso können bundeslandübergreifend Abstimmungen bezüglich der Populationen getroffen werden, da die Datenbank beliebig erweiterbar ist.

Aus diesem Projekt ging ebenfalls deutlich hervor, dass der Parameter effektive Populationsgröße noch nicht idealerweise für ein Monitoring mit nationalem Charakter genutzt werden kann.

7 Quellenverzeichnis

AID - AUSWERTUNGS- UND INFORMATIONSDIENST FÜR ERNÄHRUNG, LANDWIRTSCHAFT UND FORSTEN MEDIEN FÜR VERBRAUCHER, LANDWIRTE UND MULTIPLIKATOREN (2008):

www.aid.de/landwirtschaft/tierspecial/schafressen/skudde.htm bzw.

<http://www.aid.de/landwirtschaft/tierspecial/schafressen/leine.htm>

BIEDERMANN, G.; U. CLAR; A. FINKE UND M.B ICKEL (2002): Analyse der Population des Rheinisch-Deutschen Kaltblutes. Züchtungskunde 74, S. 237-249

BIEDERMANN, G.; S. WALDMANN UND F. MAUS (2003): Genetische Analyse der Population des Hinterwälder Rindes. Arch. Tierz., Dummerstorf 46, S. 307-319

BIEDERMANN, G.; B. OTT; K. RÜBESAM UND F. MAUS (2004): Genetische Analyse der Population des Vorderwälder Rindes. Arch. Tierz., Dummerstorf 47, S. 141-153

- BIEDERMANN, G.; O. POPPINGA UND I. WEITEMEYER (2005): Die genetische Struktur der Population des Schwarzbunten Niederungsrides. Züchtungskunde 77, S. 3-14
- BOICHARD, D. (2007): PEDIG - a Fortran Package for Pedigree Analysis Suited for large populations. (www.sgga.jouy.inra.fr)
- CARAVIELLO, D.Z. (2004): Inbreeding in Dairy Cattle. Reproduction and Genetics No. 615, Board of Regents of the University of Wisconsin System 2004
- DE FRIES, F; H. HAMANN UND O. DISTL (2006): Auswirkungen verschiedener Strategien der Zucht auf Scrapie-Resistenz auf Inzuchtentwicklung in kleinen Populationen. Züchtungskunde 78, S. 28-43
- EHLING, C.; SCHMIDT, T. UND NIEMANN, H. (1999): Untersuchungen zur genetischen Struktur und Diversität der Genreserve Deutscher Schwarzbunter Rinder alter Zuchtrichtung in Niedersachsen. Züchtungskunde 71, S. 130-146
- ERHARDT, G.; H. BRANDT; R. BREYHAHN; P.R. FÜRST ZU SOLMS-HOHENSOLMS-LICH; E. GROENEVELD; M. GROSCHUP; G. LÜHKEN; G. NITTER; H.-J. RÖSSLER; H. SCHULTE-COERNE; H.-J. THIEL UND E. WEISS (2002): Voraussetzungen und Möglichkeiten für die Genotypisierung von Schafen auf Scrapie-Resistenz im Rahmen von Zuchtprogrammen. Züchtungskunde 74, S. 6-31
- FALCONER, D. S. UND T. F. C. MACKAY (1996): Introduction to Quantitative Genetics. Longman, Essex, U.K., 4th ed. edition
- FALGE, R; V. TERLETSKI; J. CARNWATH; H. SCHMIDT; K. ELBING UND H. NIEMANN (1998): Untersuchungen zur genetischen Distanz, Verwandtschaft und des Heterozygotiegrades bei bestandtsgefährdeten Leinschafen anhand DNA-Fingerprints mit dioxygenierten M13-Phagen-Sonde oder Oligonukleotid-Sonde (GTG)5. Züchtungskunde 70, S. 13 ? 28
- GRAVERT, H. O. (1999): Erhaltung der genetischen Vielfalt bei landwirtschaftlichen Nutztieren - Bericht über die Tätigkeit des Arbeitsausschusses der DGfZ zur Erhaltung der genetischen Vielfalt bei landwirtschaftlichen Nutztieren von 1988 bis 1998. DGfZ - Schriftenreihe, Heft 14
- GEH - GESELLSCHAFT ZUR ERHALTUNG ALTER UND GEFÄHRDETER HAUSTIERRASSEN E. V. (2007): www.g-e-h.de
- GEORG E. UND C. PETER (2005): Erhalt der genetischen Vielfalt - Was bringt die Genomanalyse? AfT-Frühjahrs-Symposium 2005
- GREGORIUS, H.-R.; B.HARLIZIUS UND J. ENGELS (2004): Zusammenfassende Diskussion und Schlussfolgerungen des Beirats für Biodiversität und Genetische Ressourcen beim BMVEL. aus: Analyse und Bewertung der genetischen Vielfalt in der Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft zur Ableitung von Entscheidungskriterien für Erhaltungsmaßnahmen. ZADI Bonn, 2005
- GROENEVELD, E. (2003): Strategie und Logistik zur verantwortungsvollen Verwaltung der genetischen Diversität in der Nutztierzüchtung. Züchtungskunde 75, S. 309-316
- GROENEVELD, E. (2004): An adaptable platform independent information system in animal agriculture: Framework and generic database structure. Livestock Production Science 87, S. 1-12
- GROENEVELD, E.; B.VAN DER WESTHUIZEN, N. MAIWASHE UND F. VOORDEWIND: A population report under biodiversity aspects. Manuskript

- HANSEN, M.; S. WEIGEND UND H. SIMIANER (2007): Schätzung der effektiven Populationsgröße auf der Basis der Homozygotie von Chromosomensegmenten. Vortragstagung der DGfZ und GfT am 26./ 27. September 2007 in Hohenheim
- IDEL, A. (2006): Biodiversität und Tierzucht. In: Stand und Perspektive von Tierzucht und Tierhaltung bei landwirtschaftlichen Nutztieren, AfT-Frühjahrssymposium 2005; Schriftenreihe der Akademie der für Tiergesundheit 10, S. 51 - 61
- INSTITUT FÜR ÖKOLOGISCHE WIRTSCHAFTSFORSCHUNG, ÖKO-INSTITUT E.V., SCHWEISFURTH-STIFTUNG, FREIE UNIVERSITÄT BERLIN, LANDESANSTALT FÜR GROßSCHUTZGEBIETE (Hrsg.)(2004): Agrobiodiversität entwickeln! Handlungsstrategien für eine nachhaltige Tier- und Pflanzenzucht. Endbericht. (www.agrobiodiversitaet.net)
- KRISTENSEN, T.N. UND A.C. SØRENSEN (2005): Inbreeding - lessons from animal breeding, evolutionary biology and conservation genetics. *Animal Science* 80, S. 121-133
- KROGMEIER, D.; J. AUMANN UND G. AVERDUNK (1997): Untersuchungen zur Inzucht in der Gelbvieh- und Braunviehpopulation in Süddeutschland. *Züchtungskunde* 69, S. 233-243
- KÜNZI, N. UND G. STRANZINGER (1993): Allgemeine Tierzucht. UTB Eugen Ulmer GmbH & Co., Stuttgart
- LANDESVBAND THÜRINGER ZIEGENZÜCHTER E.V. (2008): www.thueringerwaldziege.de
- MACCLUER, J. W.; A.J BOYCE; B. DYKE; L.R.WEITKAMP; D.W. PFENNIG UND C.J. PARSONS (1983): Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *The Journal of Heridity* 74, S. 394-399
- MATHES, M. (1996): Sattelschweine in Deutschland - Genanteile, Verwandtschaft, Inzucht. Dissertation, Hannover
- MEUWISSEN T. H. E. UND A. K. SONESSON (1998): Maximizing the Response of Selection with a Pre-defined Rate of Inbreeding: Overlapping Generations. *J. Anim. Sci.* 76:2575:2583
- MIGLIOR, F. AND E. BURNSIDE (1995): Inbreeding of Canadian Holstein Cattle. *J. Dairy Sci.* 78:1163-1167
- MIGLIOR, F. (2000): Impact of Inbreeding - Managing a declining Holstein gene pool. Proceedings from 10th World Holstein Friesian Federation Conference, 30. April - 03. May 2000, Sydney, NSW, Australia. 108-113
- SÄCHSISCHER TIERZUCHTREPORT 2006: www.smul.sachsen.de/lfl/publikationen/download/3070_1.pdf
- SAMBRAUS, H. H. (1999): Gefährdete Nutztierassen. Eugen Ulmer GmbH & Co., Stuttgart
- SCHMIDT, T. (2004): Erhaltungsmaßnahmen von Nutztierassen in Notfallsituationen am Beispiel der Scrapieresistenz beim Schaf. aus: Analyse und Bewertung der genetischen Vielfalt in der Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft zur Ableitung von Entscheidungskriterien für Erhaltungsmaßnahmen. ZADI Bonn, 2005
- SCHÜLER, L.; H. SWALVE UND K.-U. GÖTZ (2001): Grundlagen der quantitativen Genetik. UTB Eugen Ulmer GmbH & Co., Stuttgart
- SIMIANER, H. (2006): Strategische Ansätze zur Erhaltung und Nutzung genetischer Diversität innerhalb und zwischen Nutztierpopulationen. *Agrarspectrum* 39, S. 33-50
- SIMIANER, H. UND S. KÖNIG (2003): Ist Inzucht ein Problem in der deutschen Holsteinzucht? *Milchrind* 3/2003, S. 40-43

- SIMIANER, H. UND S. WEIGEND (2005): Strategische Ansätze zur Erhaltung und Nutzung genetischer Diversität innerhalb und zwischen Nutztierpopulationen.
http://www.agrarforschung.de/download/vor_simianer.pdf
- SIMON, D. (1992): KRYOKONSERVIERUNG zur Unterstützung der Lebenderhaltung beim Rind. aus: Genetische und methodische Probleme bei der Erhaltung alter Haustierrassen in kleinen Populationen. Vortragsveranstaltung der GEH e.V. und DGfZ e.V. am 24.10.1992 in Kassel-Witzenhausen
- TGRDEU (2007): www.genres.de/tgrdeu
- TGR-NFTR (2003): Nationales Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung tiergenetischer Ressourcen in Deutschland. www.genres.de/tgr/nationales_fachprogramm/
- VIEH-EV, 2007: www.vieh-ev.de/Rassen/Rinder/rotvieh.html
- WAGNER, H.; C. PETER; H. BRANDT UND G. ERHARDT (2005): Genetische Diversitätsbestimmung beim Bentheimer Landschaf mittels Mikrosatelliten als Basis für züchterische Entscheidungen. Züchtungskunde 77, S. 291 ? 302
- WEIGEND, ST. (2002): Strategien zur Bewertung genetischer Vielfalt beim Huhn. Schriftenreihe des BMVEL „Angewandte Wissenschaft“ Heft 494, S. 65 - 71
- WERKMEISTER, F. (2003): Das Tierzuchtgesetz in Deutschland - ein Diskussionsbeitrag zur Weiterentwicklung. Züchtungskunde 75, S. 336-344
- WINDIG, J. J.; H. EDING; L. MOLL UND L. KAAL (2004): Effects on inbreeding of different strategies aimed at eliminating scrapie sensitivity alleles in rare sheep breeds in The Netherlands. Anim. Sci. 79, 11-20
- WREDE, J. UND T. SCHMIDT (2005): OPTI-MATE Version 3.86 - Ein Management-Programm zur Minimierung der Inzucht in gefährdeten Populationen, Programmbeschreibung. Institut für Tierzucht und Vererbungsforchung TH Hannover
- WRIGHT, S. (1923): Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. J. Hered. 14, S. 339-348, 405-422
- WRIGHT, S. (1931): Evolution in Mendelian Populations. Genetics 16, S. 97-159

8 Anhang

8.1 Datenimport bis Erstellung der Reports

Voraussetzung:

- Linux-Betriebssystem
- APIIS: <http://apiis.tzv.fal.de/index.pl/apiis> (Anmeldung bei Prof. Dr. Eildert Groeneveld; Tel (+49) 5034-871155; Email: eg@tzv.fal.de; Institut für Tierzucht, Höltystr. 10, D-31535 Neustadt (Züchtung und genetische Ressourcen)

Ablauf:

- historische Daten der Herdbücher z.B. als txt-Datei laden (siehe „APIIS Implementer Manual“ unter <http://apiis.tzv.fal.de/index.pl/docu>)
- nach dem Erstellen der Datenbank, Programm info_ped.pl unter apiis-bin starten mit den entsprechenden Parametern (Pedigree-Loops werden fixiert)
- Starten von Create_inbreeding_tables.pl und Create_Population_tables.pl unter apiis-bin mit den entsprechenden Parametern
- prüfen, ob die tmp2...- und tmp1...-Tabellen in der gewünschten Datenbank erstellt worden sind. In der gene_stuff sind die Inzuchtkoeffizienten für jedes Tier zu finden.
- Starten der deutschsprachigen Populationsanalyse unter einem beliebigen Pfad. Für jede Tierart ist ein Populations-Report vorhanden.

8.2 Abbildung des Pedigrees und der Genanteile eines Tieres

Enzian Mo 1424

<p>11094 Enzian Mo 1424 geb. 1981-02-19 P. 0.0105 Schweres Warmblut</p>	<p>20408 Edelholz Mo 1100 geb. 1959-04-24 P. 0.0128 Oldenburger</p>	<p>20431 Ritter 4105 geb. 1952-01-01 P. 0.0109 Oldenburger</p>	<p>20392 Edelholz II 3780 geb. 1942-01-01 P. 0.0070 Oldenburger</p>	<p>20217 Rote-Nacht 2303 geb. 1903-01-01 Oldenburger</p>	
			<p>27309 Königsflamme IV 51928 geb. 1907-01-01 P. 0.0154 Oldenburger</p>		
			<p>27323 Diana 24508 P. 0.0482 Oldenburger</p>	<p>75209 Maasfeld 2508 geb. 1903-01-01 P. 0.0291 Oldenburger</p>	
			<p>20420 Coudor 4019 geb. 1940-01-01 Anglo-Normanne</p>	<p>74795 Diana II 50293 Oldenburger</p>	
			<p>27140 Beritide 02069 P. 0.0092 Oldenburger</p>	<p>20924 Paustragal II xx geb. 1908-01-01 Englisches Vollblut (xx)</p>	
			<p>27140 Beritide 02069 P. 0.0092 Oldenburger</p>	<p>82820 Sturmann Oldenburger</p>	
	<p>20485 Bon Mo 1222 geb. 1902-05-03 P. 0.0515 Oldenburger</p>	<p>11027 Eria H 2011 P. 0.0144 Schweres Warmblut</p>	<p>20452 Eleganz 4108 geb. 1935-01-01 P. 0.0415 Oldenburger</p>	<p>20423 Rote 4092 geb. 1927-01-01 P. 0.0057 Oldenburger</p>	
				<p>27385 Hess 78149 geb. 1903-01-01 P. 0.0180 Oldenburger</p>	
				<p>27302 Gisela III 81180 geb. 1930-01-01 P. 0.0421 Oldenburger</p>	<p>20426 Cana 8079 geb. 1903-01-01 Oldenburger</p>
				<p>20782 Eleganz Th 002 (cF) 20301 geb. 1945-04-25 P. 0.0107 Oldenburger</p>	<p>27152 Gisela 07979 geb. 1924-01-01 P. 0.0228 Oldenburger</p>
				<p>11281 Laska H 2270 P. 0.0118 Schweres Warmblut</p>	<p>70500 Eman 1702 P. 0.0020 Oldenburger</p>
				<p>16008 Hella H 2147 P. 0.0024 Schweres Warmblut</p>	<p>70501 Jasiva I 32723 P. 0.0015 Oldenburger</p>
<p>16008 Hella H 2147 P. 0.0024 Schweres Warmblut</p>	<p>16008 Hella H 2147 P. 0.0024 Schweres Warmblut</p>	<p>20748 Rothmann Th 004 geb. 1900-01-01 P. 0.0040 Oldenburger</p>			
		<p>15907 Filla H 1287 geb. 1908-01-01 P. 0.0020 Schweres Warmblut</p>			

potentially number of animals in pedigree: 30
real number of animals in pedigree: 30

Breed	Count	% of animals	
		known	all ¹
Oldenburger	19	63.33	63.33
Schweres Warmblut	4	13.33	13.33
Ostfriesse	4	13.33	13.33
Englisches Vollblut (xx)	1	3.33	3.33
unknown ²	1	3.33	3.33
Anglo-Normanne	1	3.33	3.33

¹potentially possible number of animals until the given pedigree deepness.
²unknown breed of an animal in pedigree

Impressum

Herausgeber: Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie
Pillnitzer Platz 3, 01326 Dresden
Internet: <http://www.smul.sachsen.de/lfulg>

Autoren: Carina Kehr, Prof. Dr. Michael Klunker
Hochschule für Technik und Wirtschaft Dresden (HTW Dresden),
Fachbereich Landbau/Landespflege
Pillnitzer Platz 2, 01326 Dresden
Telefon: 0351 462-2801
Telefax: 0351 462-2167
E-Mail: klunker@pillnitz.htw-dresden.de

Dr. Ralf Fischer
Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie
Abteilung Tierische Erzeugung
Am Park 3, 04886 Köllitsch
Telefon: 034222 46-265
Telefax: 034222 46-109
E-Mail: ralf.fischer@smul.sachsen.de

Redaktion: Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie
Abteilung Tierische Erzeugung
Dr. Uwe Bergfeld
Am Park 3, 04886 Köllitsch
Telefon: 034222 46-100
Telefax: 034222 46-109
E-Mail: uwe.bergfeld@smul.sachsen.de

Endredaktion: Öffentlichkeitsarbeit
Präsidialabteilung

ISSN: 1867-2868

Redaktionsschluss: Dezember 2008

Für alle angegebenen E-Mail-Adressen gilt:

Kein Zugang für elektronisch signierte sowie für verschlüsselte elektronische Dokumente

Verteilerhinweis

Diese Informationsschrift wird von der Sächsischen Staatsregierung im Rahmen der Öffentlichkeitsarbeit herausgegeben. Sie darf weder von Parteien noch von Wahlhelfern zum Zwecke der Wahlwerbung verwendet werden. Dies gilt für alle Wahlen.