

Abschlussbericht zum Erhebungsvorhaben

**„Erhebung von Populationsdaten tiergenetischer Ressourcen in
Deutschland: Schweine“**

BLE 114-50.10.02228/06-E



Quelle: www.oekolandbau.de / © BLE, Bonn / Foto: Thomas Stephan

Auftraggeberin:

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
Deichmanns Aue 29
53179 Bonn

Auftragnehmer und Projektleitung:

Dr. Jens Ingwersen
Zentralverband der Deutschen
Schweineproduktion e.V.
Adenauerallee 174
53113 Bonn
Tel. : 0228/91447 44
Fax : 0228/91447 45
Email : info@zds-bonn.de



Unterauftragnehmer :

Dr. Ernst Tholen
Institut für Tierwissenschaften
Abteilung Haustiergenetik
Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn
Endenicher Allee 15
53115 Bonn



Deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde e.V.
Adenauerallee 174
53113 Bonn



Laufzeit des Projektes:

15.08.2007 bis 15.08.2009

Abgabe des Abschlussberichtes:

14.09.2009

Inhaltsverzeichnis

Inhaltsverzeichnis	I
Abbildungsverzeichnis	III
Tabellenverzeichnis	VI
1 Einleitung	15
2 Projektbeteiligte	15
2.1 Auftragnehmer.....	15
2.2 Unterauftragnehmer.....	15
2.3 Projektpartner.....	16
3 Projektverlauf	16
3.1 Treffen der Züchtervereinigungen und Rechenstellen.....	16
3.2 Datenerfassung.....	17
4 Theoretische Grundlagen der Inzucht und deren Schätzung	19
5 Material und Methoden	25
5.1 Erfassung, Aufbereitung und Korrektur der Daten.....	25
5.1.1 Datenerfassung.....	25
5.1.2 Datenaufbereitung.....	28
5.1.3 Benutzte Software zur Datenaufbereitung.....	34
5.2 Beschreibung der Populationsstruktur.....	36
5.2.1 Parameter der Populationsstruktur.....	36
5.2.2 Programmpakete Populationsstruktur.....	38
6 Ergebnisse - Statusbericht	39
6.1 Populationsstruktur, Inzucht und effektive Populationsgröße.....	39
6.1.1 Rasse: Deutsche Landrasse (DL, 01).....	39
6.1.2 Rasse: Deutsches Edelschwein (DE, 02).....	47
6.1.3 Rasse: Angler/Deutsches Sattelschwein (AS, 03).....	55
6.1.4 Rasse: Piétrain (Pi, 05).....	63
6.1.5 Rasse: Belgische Landrasse (LB, 06).....	71
6.1.6 Rasse: Duroc (Du, 07).....	78
6.1.7 Rasse : Hampshire (Ha, 08).....	86

6.1.8	Rasse: Schwäbisch-Hällisches (SH, 09)	92
6.1.9	Rasse: Leicoma (Lc, 10)	100
6.1.10	Rasse: Rotbunte Husumer (RH, 15).....	108
6.1.11	Rasse: Large White (LW, 12)	116
6.1.12	Rasse: Bunte Bentheimer (BB, 13)	124
6.2	Diskussion	132
6.2.1	Qualität der Daten	132
6.2.2	Verfügbare Abstammungsinformationen bzw. Pedigreetiefe	132
6.2.3	Effektive Populationsgröße und Einteilung in Gefährdungs- klassen	133
7	Vollständigkeitserklärung	140
8	Prognose über den finanziellen und personellen Aufwand künftiger Erhebungen	141
9	Zusammenfassung	142
10	Anhang	144
10.1	Projektpartner	144
10.2	Daten nach Geburtsjahr	145
10.3	Fragebogen zur Fehleranalyse nach 1. Datenimport	151
11	Literatur	159

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: SQL Datenbankstruktur	35
Abbildung 2: Schematischer Ablauf der Datenaufbereitung mittels SQL	35
Abbildung 3: DL – Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren	42
Abbildung 4: DL - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr	44
Abbildung 5: DL - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent kompletter Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($N_{e\Delta Fi}$)	44
Abbildung 6: DE - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren	50
Abbildung 7: DE - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr	52
Abbildung 8: DE - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($N_{e\Delta Fi}$)	52
Abbildung 9: AS - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren	58
Abbildung 10: AS - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr	60
Abbildung 11: AS - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($N_{e\Delta Fi}$)	60
Abbildung 12: Pi - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren	66
Abbildung 13: Pi - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr	68
Abbildung 14: Pi - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($N_{e\Delta Fi}$)	68
Abbildung 15: LB - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren	74
Abbildung 16: LB - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr	76

Abbildung 17: LB - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($N_{e\Delta F_i}$).....	76
Abbildung 18: Du - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren.....	81
Abbildung 19: Du - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr.....	83
Abbildung 20: Du - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($N_{e\Delta F_i}$).....	83
Abbildung 21: Ha - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr.....	90
Abbildung 22: Ha - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($N_{e\Delta F_i}$).....	90
Abbildung 23: SH - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren.....	95
Abbildung 24: SH - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr.....	97
Abbildung 25: SH - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($N_{e\Delta F_i}$).....	97
Abbildung 26: Lc - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren.....	103
Abbildung 27: LC - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr.....	105
Abbildung 28: Lc - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($N_{e\Delta F_i}$).....	105
Abbildung 29: RH - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren.....	111
Abbildung 30: RH - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr.....	113
Abbildung 31: RH - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($N_{e\Delta F_i}$).....	113
Abbildung 32: LW - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren.....	119
Abbildung 33: LW - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr.....	121
Abbildung 34: LW - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($N_{e\Delta F_i}$).....	121

Abbildung 35: BB - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren.....	127
Abbildung 36: BB - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr	129
Abbildung 37: BB - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($N_{e\Delta Fi}$).....	129
Abbildung 38: Anzahl Beobachtungen der Rasse Deutsche Landrasse, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle.....	145
Abbildung 39: Anzahl Beobachtungen der Rasse Deutsches Edelschwein, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle.....	146
Abbildung 40: Anzahl Beobachtungen der Rasse Angler/Deutsches Sattelschwein, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle	146
Abbildung 41: Anzahl Beobachtungen der Rasse Piétrain, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle.....	147
Abbildung 42: Anzahl Beobachtungen der Rasse Belgische Landrasse, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle.....	147
Abbildung 43: Anzahl Beobachtungen der Rasse Duroc, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle.....	148
Abbildung 44: Anzahl Beobachtungen der Rasse Hampshire, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle.....	148
Abbildung 45: Anzahl Beobachtungen der Rasse Schwäbisch Hällisch, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle.....	149
Abbildung 46: Anzahl Beobachtungen der Rasse Leicoma, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle.....	149
Abbildung 47: Anzahl Beobachtungen der Rasse Rote Husumer, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle.....	150
Abbildung 48: Anzahl Beobachtungen der Rasse Large White, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle.....	150
Abbildung 49: Anzahl Beobachtungen der Rasse Bunte Bentheimer, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle.....	151

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Daten liefernde Organisationen.....	26
Tabelle 2: Strukturbeschreibung (mit * gekennzeichnete Daten wurden modifiziert/präzisiert).....	27
Tabelle 3: Datenumfang, getrennt nach Rechenstelle (Korrektur 0).....	28
Tabelle 4: Datenumfang, getrennt nach Rechenstelle (Korrektur 0,1).....	30
Tabelle 5: Anzahl verbleibender und zusammengefasster Datensätze, getrennt nach Rassen	31
Tabelle 6: Anzahl zusammengefasster Datensätze, getrennt nach Rassen.....	33
Tabelle 7: DL – Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisationen.....	39
Tabelle 8: DL – Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG).....	39
Tabelle 9: DL – Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983).....	40
Tabelle 10: DL – Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere	40
Tabelle 11: DL – Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsjahr > 2003	41
Tabelle 12: DL – Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen.....	41
Tabelle 13: DL - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr.....	43
Tabelle 14: DL - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen.....	45
Tabelle 15: DL - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log- Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsjahr	45
Tabelle 16: DL - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation t-1 nach t ($Ne_{F_{t,t-1}}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen.....	45
Tabelle 17: DE - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation	47

Tabelle 18: DE - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG).....	47
Tabelle 19: DE - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983)	48
Tabelle 20: DE - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere	48
Tabelle 21: DE - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsjahr > 2003	49
Tabelle 22: DE - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen	49
Tabelle 23: DE - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr.....	51
Tabelle 24: DE - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen.....	53
Tabelle 25: DE - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log-Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsjahr.....	53
Tabelle 26: DE - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation t-1 nach t ($Ne_{F_{t,t-1}}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen.....	53
Tabelle 27: AS - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation.....	55
Tabelle 28: AS - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG).....	55
Tabelle 29: AS - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983).....	55
Tabelle 30: AS - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere	56
Tabelle 31: AS - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003.....	57
Tabelle 32: AS - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen	57
Tabelle 33: AS - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr.....	59

Tabelle 34: AS - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen.....	61
Tabelle 35: AS - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log - Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum	61
Tabelle 36: AS - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation t-1 nach t ($Ne_{F_t,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen.....	61
Tabelle 37: Pi - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation	63
Tabelle 38: Pi - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG).....	63
Tabelle 39: Pi - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983)	64
Tabelle 40: Pi - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere	64
Tabelle 41: Pi - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003.....	65
Tabelle 42: Pi - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen.....	65
Tabelle 43: Pi - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr	67
Tabelle 44: Pi - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen.....	69
Tabelle 45: Pi - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log-Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum	69
Tabelle 46: Pi - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation t-1 nach t ($Ne_{F_t,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen.....	69
Tabelle 47: LB - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation.....	71
Tabelle 48: LB - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG).....	71
Tabelle 49: LB - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983).....	71

Tabelle 50: LB - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere	72
Tabelle 51: LB - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003.....	73
Tabelle 52: LB - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen	73
Tabelle 53: LB - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr	75
Tabelle 54: LB - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen.....	77
Tabelle 55: LB - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log-Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum.....	77
Tabelle 56: LB - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation t-1 nach t ($Ne_{F,t,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen.....	77
Tabelle 57: Du - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation.....	78
Tabelle 58: Du - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG).....	78
Tabelle 59: Du - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983).....	79
Tabelle 60: Du - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere	79
Tabelle 61: Du - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003.....	80
Tabelle 62: Du - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen	80
Tabelle 63: Du - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr	82
Tabelle 64: Du - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen.....	84
Tabelle 65: Du - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log-Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsjahr	84

Tabelle 66: Du - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation t-1 nach t ($Ne_{F,t,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen.....	84
Tabelle 67: Ha - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation.....	86
Tabelle 68: Ha - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG).....	86
Tabelle 69: Ha - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983).....	86
Tabelle 70: Ha - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere	87
Tabelle 71: Ha - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003.....	88
Tabelle 72: Ha - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen.....	88
Tabelle 73: Ha - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr	89
Tabelle 74: Ha - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen.....	91
Tabelle 75: Ha - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log-Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum.....	91
Tabelle 76: Ha - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation t-1 nach t ($Ne_{F,t,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen.....	91
Tabelle 77: SH - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation.....	92
Tabelle 78: SH - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG).....	92
Tabelle 79: SH - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983).....	93
Tabelle 80: SH - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere	93
Tabelle 81: SH - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003.....	94
Tabelle 82: SH - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen.....	94

Tabelle 83: SH - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus $Ne_{\Delta F_i}$, getrennt nach Geburtsjahr	96
Tabelle 84: SH - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen.....	98
Tabelle 85: SH - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log-Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum.....	98
Tabelle 86: SH - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation t-1 nach t ($Ne_{F_t,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen.....	98
Tabelle 87: Lc - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation.....	100
Tabelle 88: Lc - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG).....	100
Tabelle 89: Lc - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983)	100
Tabelle 90: Lc - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere	101
Tabelle 91: Lc - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003.....	102
Tabelle 92: Lc - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen	102
Tabelle 93: Lc - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus $Ne_{\Delta F_i}$, getrennt nach Geburtsjahr	104
Tabelle 94: Lc - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen	106
Tabelle 95: Lc - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log-Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum.....	106
Tabelle 96: Lc - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation t-1 nach t ($Ne_{F_t,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen.....	106
Tabelle 97: RH - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation	108

Tabelle 98: RH - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG).....	108
Tabelle 99: RH - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983).....	108
Tabelle 100: RH - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere	109
Tabelle 101: RH - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003	110
Tabelle 102: RH - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen	110
Tabelle 103: RH - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr.....	112
Tabelle 104: RH - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen	114
Tabelle 105: RH - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log- Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum.....	114
Tabelle 106: RH - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation t-1 nach t ($Ne_{F_{t,t-1}}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen	114
Tabelle 107: LW - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation.....	116
Tabelle 108: LW - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG).....	116
Tabelle 109: LW - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983).....	116
Tabelle 110: LW - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere	117
Tabelle 111: LW - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003	118
Tabelle 112: LW - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen	118
Tabelle 113: LW - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr	120

Tabelle 114: LW - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen.....	122
Tabelle 115: LW - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log - Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum.....	122
Tabelle 116: LW - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation t-1 nach t ($Ne_{F_{t,t-1}}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen.....	122
Tabelle 117: BB - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation.....	124
Tabelle 118: BB - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG).....	124
Tabelle 119: BB - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983)	124
Tabelle 120: BB - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere	125
Tabelle 121: BB - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003	126
Tabelle 122: BB - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen.....	126
Tabelle 123: BB - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr.....	128
Tabelle 124: BB - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen.....	130
Tabelle 125: BB - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log- Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum.....	130
Tabelle 126: BB - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation t-1 nach t ($Ne_{F_{t,t-1}}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen.....	130
Tabelle 127: Äquivalent komplette Generationen (ECG) der verschiedenen Rassen.....	133
Tabelle 128: Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation t-1 nach t ($Ne_{F_{t,t-1}}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen.....	135
Tabelle 129: Effektive Populationsgrößen, berechnet nach der Formel von HILL (1979)....	136

Tabelle 130: Einteilung in Gefährungsklassen nach der Methode HILL (1979)	137
Tabelle 131: Effektive Populationsgrößen, berechnet nach der Formel von HILL (N_{eHill}) und individueller Inzuchtsteigerung ($N_{e\Delta Fi}$)	138
Tabelle 132: Einteilung in Gefährungsklassen nach der Methode $N_{e\Delta Fi}$	139

1 Einleitung

Ziele und Aufgabenstellung des Projektes

Das von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) geförderte Projekt "Erhebung von Populationsdaten tiergenetischer Ressourcen in Deutschland: Schweine", verfolgt auftragsgemäß das Ziel, deutschlandweit je einen Datenbestand für die einzelnen Rassen zu gewinnen und dafür die effektive Populationsgröße sowie den Inzuchtgrad zu berechnen. Dieser Datenbestand soll der zentralen Dokumentation **Tiergenetischer Ressourcen in Deutschland** (TGRDEU) zur Verfügung gestellt werden.

Auf Grundlage der gesammelten Daten soll ein Statusbericht formuliert werden, um Aussagen über den populationsgenetischen Zustand, insbesondere hinsichtlich des Gefährdungstatus der verschiedenen Rassen machen zu können. Die wiederholte Datenbestandsaufnahme soll gemäß § 1 des deutschen Tierzuchtgesetzes der Erhaltung der Vielfalt tiergenetischer Ressourcen in Deutschland dienen.

2 Projektbeteiligte

2.1 Auftragnehmer

Zentralverband der Deutschen Schweineproduktion e.V. (ZDS)

Der ZDS ist der Dachverband für die organisierte deutsche Schweineproduktion, also u. a. auch für die Züchtervereinigungen.

Dem ZDS oblag im vorliegenden Projektvorhaben die Gesamtleitung. Dazu gehörte u. a. die Planung und Koordinierung aller Maßnahmen, von der Datenerfassung bis zur Auswertung und Berichterstattung. Zudem war der ZDS mit der Verwaltung aller projektbezogenen Anliegen betraut und diente somit als Ansprechpartner und Bindeglied für alle Beteiligten.

2.2 Unterauftragnehmer

Zur Durchführung des Projektes zog der ZDS externe Fachkräfte aus folgenden Einrichtungen hinzu.

Deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde

Die deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde (DGfZ) sieht sich als Mittler zwischen Wissenschaft und Praxis, mit besonderem Schwerpunkt im Bereich der Züchtung. In dieser Funktion war die DGfZ in höchstem Maße kompetent, Aufgaben im Rahmen des Projektes zu übernehmen. Hierbei handelte es sich in erster Linie um die Anforderung, Validierung und

Zusammenführung der Daten aus den verschiedenen Züchtervereinigungen bzw. Rechenstellen sowie um die Dokumentation aller Maßnahmen. Diese Aufgaben wurden im Wesentlichen von den DGfZ-Mitarbeiterinnen Frau Dr. Sibylle Gäde (von Projektbeginn bis zum 31.12.2007) und Frau Dr. Janet Staack, geb. Schmidtke (vom 01.01.2008 bis Projektende) geleistet.

Institut für Tierwissenschaften der Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

Das Institut verfügt über hohe Kompetenz in Fragen der Tierzucht, speziell der Schweinezucht. Unter Federführung von Dr. Ernst Tholen übernahm das Institut die wissenschaftliche Beratung sowie die Analyse, Aufbereitung und Auswertung der Daten, einschließlich Inzuchtberechnung, Ermittlung der effektiven Populationsgröße und Bewertung der Gefährdung der einzelnen Rasse-Populationen.

2.3 Projektpartner

Als Projektpartner waren die im Anhang 10.1 aufgeführten Schweinezuchtverbände bzw. Rechenstellen beteiligt. Ihre Aufgabe bestand darin, die benötigten Daten bereitzustellen und zu übermitteln.

Aufgrund struktureller Veränderungen in der Schweinezucht haben sich im Projektverlauf auch bei den beteiligten Verbänden Änderungen ergeben. Einzelheiten hierzu sind dem Anhang bzw. der Beschreibung des Projektverlaufes zu entnehmen.

3 Projektverlauf

3.1 Treffen der Züchtervereinigungen und Rechenstellen

Gemäß einem erstellten Arbeitsplan fand am 25.10.2007 in Kassel ein erstes Treffen der Züchtervereinigungen und Rechenstellen statt. Zweck der Veranstaltung war es, das Projekt vorzustellen, Vorbehalte auszuräumen und das weitere Vorgehen hinsichtlich der Datenbereitstellung zu klären. Vorbehalte bestanden in Bezug auf das Risiko einer missbräuchlichen Verwendung der Daten. Diese Bedenken konnten durch eine schriftliche Verpflichtung des Auftragnehmers (ZDS) zerstreut werden, die Daten ausschließlich für den Projektzweck (Bewertung des Gefährdungsgrades) und für die Projektdauer zu nutzen.

Nahezu alle Verbände gaben die schriftliche Zusicherung, die für das Projekt benötigten Daten bereitzustellen.

Am 25.06.2009 fand in Kassel planmäßig ein zweites Treffen der Verbände und Rechenstellen statt, um die Ergebnisse des ersten Datenlaufs, insbesondere das Fehlerprotokoll vorzustellen und zu diskutieren. Gleichzeitig wurde eine mündliche Zusicherung der Verbände eingeholt, die Daten im Bedarfsfalle auch nach Abschluss des Projektes für den gleichen Zweck zur Verfügung zu stellen.

3.2 Datenerfassung

In Abstimmung mit dem Informations- und Koordinierungszentrum für Biologische Vielfalt (IBV, Dr. Bremond), wurde die vorgegebene Datenstrukturbeschreibung (vgl. Kapitel 3.2, Tabelle 2) sinnvoll modifiziert und zwar wie folgt:

- Erweiterung der Tier-ID um Ohrmarke und Spitzennummer
 - Ergänzung der Mutter-Rasse
 - Ergänzung der Vater-Rasse
 - Reduktion der Standortdaten auf die HIT- bzw. VV-VO-Nummer
 - Anpassung der Datensatzlänge einzelner Positionen an den tatsächlichen Bedarf.
-
- Nach zahlreichen telefonischen und schriftlichen Konsultationen mit den Verbänden konnte bis September 2008 überwiegend eine erste Übermittlung der erbetenen Abstammungsdaten erreicht werden.
 - Bei den Unter-Auftragnehmern (DGfZ und Institut für Tierwissenschaften) wurden parallel die technischen Voraussetzungen zur Analyse und Aufbereitung des Datenmaterials geschaffen.
 - Es wurden Daten aller elektronisch verfügbaren Geburtsjahrgänge erfasst, wobei sich sehr große Unterschiede zwischen den Verbänden ergaben. Zum großen Teil fehlt die Information zum Geburtsdatum (siehe Anlage 10.2).
 - Die Prüfung der ersten Datenlieferung ergab eine Fülle von Fehlern und Ungereimtheiten in den Datensätzen (siehe Fehlerprotokoll, Anlage 10.3).
 - In diversen schriftlichen und telefonischen Konsultationen wurden die Verbände aufgefordert und angeleitet, die wesentlichen Unstimmigkeiten in den Datenbeständen zu klären und die vorgegebene Schnittstelle (Datensatzbeschreibung) exakt zu bedienen.
 - Mit der zweiten Datenerhebung (im ersten Halbjahr 2009) konnte die Vollständigkeit gemäß Projektvertrag erfüllt werden. Mit Ausnahme des Schweinezuchtverbandes Nord-West e.V. (SNW) wurden alle in Deutschland noch bestehenden Schweinezuchtverbände mit den Abstammungsdaten aller geforderten Rassen in die Erhebung

einbezogen (siehe Kapitel 5.1.1 zur Datenerfassung und Anhang 10.1 Übersicht der Projektpartner).

- Zu den Verbänden bzw. Züchtervereinigungen sind folgende Besonderheiten anzumerken:
 - Die Niedersächsische Erzeugergemeinschaft für Zuchtschweine eG (NEZ, Oldenburg) wurde zum Stichtag 30.06.2008 liquidiert.
 - Der Schweinezuchtverband Nord-West e.V. (SNW, Senden) führt seit Projektbeginn nur noch die Rasse Piétrain. Die erhebungsrelevanten Rassen (DL, DE) sind in andere Verbände gewechselt, vorrangig in den Schweinezuchtverband Baden-Württemberg e.V..
 - Der Verband Nordschwein e.V. existiert erst seit November 2008 und konnte daher mit der dort geführten Rasse Bunte Bentheimer nur in die zweite Datenerhebung einbezogen werden.
 - Der Schweinezucht- und Produktionsverband Berlin-Brandenburg hat seine Tätigkeit zum 31.12.2008 eingestellt und die Betreuung der verbliebenen Betriebe dem Hybridschweinezuchtverband Nord/Ost e.V. (HSZV, Malchin) übertragen.
 - Der Thüringer Schweinezucht- und Produktionsverband ist am 01.07.2006 mit dem Mitteldeutschen Schweinezuchtverband e.V. (MSZV, Niederwiesa) fusioniert.
 - Der Schweinezuchtverband Baden-Württemberg e.V. hat während der Projektphase eine Kooperation verschiedener Verbände bzw. Zuchtregionen initiiert, deren Auswirkungen und endgültige Form noch nicht absehbar sind. Ein Ziel besteht u. a. in der gemeinsamen Zuchtbuchführung und Zuchtwertschätzung. Daher tritt der Schweinezuchtverband Baden-Württemberg e.V. z.T. als „Rechenstelle“ für die beteiligten Verbände auf (s. Tabelle 1).
- Projektverzögerungen ergaben sich durch einen Personalwechsel bei der Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde während des ersten Projekthalbjahres und durch die Schwierigkeit der Terminfindung mit den Verbänden (für ursprünglich vorgesehene Besuche bei den Verbänden sowie für die erste Datenübermittlung). Auch ergaben sich z. T. Schwierigkeiten, den Kontakt zu den für die Datenverwaltung und -Bearbeitung zuständigen Sachbearbeitern herzustellen. Vor diesem Hintergrund gelang es erst im Herbst 2008, nahezu alle Zuchtverbände bzw. Rechenstellen einzubinden und einen umfangreichen Datenbestand zu den relevanten Rassen zu erhalten. Dieser Sachstand wurde der Auftraggeberin bei einem Treffen am 07.10.2008 im Haus der BLE persönlich erläutert. Aufgrund der Verzögerung im Projektverlauf wurde dem Auftragnehmer seitens der BLE ein Aufschub zur Abgabe des Zwischenberichtes bis zum 21.10.2008 eingeräumt. Die Abgabe erfolgte fristgerecht unter Befügung eines Auszuges aus dem Datensatz.

- Nicht zuletzt aufgrund der zu erledigenden Fehlerrecherche und -Korrekturen verzögerte sich die im Projekt vorgesehene zweite Datenlieferung der Verbände bis Juni 2009.
- Nach einer ersten Validierung der Daten durch die DGfZ mit Plausibilitätsprüfung und Eliminierung eindeutig doppelter Datensätze erfolgte eine eingehende Analyse durch das Institut für Tierwissenschaften (s. Kapitel 5.1.2).

4 Theoretische Grundlagen der Inzucht und deren Schätzung

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 (SCHÜLER et al. 2001).

Die Inzucht in Generation t setzt sich aus zwei Termen zusammen: Der neuen Inzucht (Inzuchtrate), die durch zufälliges Aufeinandertreffen abstammungsidentischer Allele entsteht und der kumulierten Inzucht der vorhergehenden Generationen (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 (SCHÜLER et al. 2001).

Die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten erfolgt mit folgender Formel (WRIGHT 1923):

$$\text{Inzuchtkoeffizient des Individuums X} \quad F_X = \sum \left(0,5^{n+n'+1} \times (1 + F_A) \right) \quad (1)$$

n = Anzahl der Generationen von einem Elternteil bis zu einem gemeinsamen Vorfahren beider Eltern

n' = Anzahl der Generationen vom anderen Elter bis zum gemeinsamen Vorfahren

F_A = Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Vorfahren

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):

$$\text{Verwandtschaftskoeffizient der Individuen X und Y} \quad R_{xy} = \frac{\sum_i 0,5^{n+n'} \cdot (1 + F_A)}{\sqrt{(1 + F_x) \cdot (1 + F_y)}} \quad (2)$$

n Anzahl der Generationen von einem Elternteil bis zu einem gemeinsamen Vorfahren beider Eltern

n' Anzahl der Generationen vom anderen Elternteil bis zum gemeinsamen Vorfahren

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Vorfahren

F_x Inzuchtkoeffizient des Individuums X

F_y Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Vorfahren Y

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):

$$R = 2F : (1+F) \quad (3)$$

$$F = R : (2-R) \quad (4)$$

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 den Erwartungen, kann dies sowohl an der Zufuhr von Individuen aus anderen Populationen liegen (Migration) als auch an der bewussten Vermeidung von Inzucht. Im umgekehrten Fall, d. h. die Inzucht ist höher als aufgrund der Verwandtschaft zu erwarten ist, kann entweder auf die gezielte Bildung von Teilpopulationen mit erhöhtem Verwandtschaftsgrad oder auf bewusste Inzucht geschlossen werden.

Der Inzuchtzuwachs (ΔF) zwischen zwei diskreten Generationen lässt sich wie folgt berechnen (SCHÜLER et al. 2001):

Inzuchtzuwachs
$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}} \quad (5)$$

F_t, F_{t-1} = Durchschnittlicher Inzuchtgrad in Generation t bzw. t-1

Der Inzuchtzuwachs ist für eine ideale Population mit konstanter Größe, Zufallspaarung sowie nicht vorhandener Migration, Selektion und Mutation eine Konstante. In realen Populationen mit nicht zufälliger Paarung, überlappenden Generationen und einer unterschiedlichen Anzahl von weiblichen und männlichen Elterntieren ist ΔF ein schwer zu schätzender Parameter. In den meisten Fällen ist es schwierig die „vorhergehende“ Generation exakt zu definieren. Der Berechnung von ΔF als Differenz zwischen dem durchschnittlichen Inzuchtgrad einer vordefinierten Referenzgeneration und einer Basisgeneration, die per Definition einen Inzuchtgrad von 0 aufweist, führt in realen Populationen zu meist ungenauen Schätzwerten mit der Tendenz einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße (ALVAREZ et al., 2008, GOYACHE et al., 2003, GUTIERREZ et al., 2005).

Die Aussagekraft der Schätzergebnisse von ΔF ist aufgrund der problematischen Definition der Referenz- und Vergleichsgeneration in Populationen mit überlappenden Generationen limitiert. Von diesem Problem ist die Schätzung von ΔF bei Anwendung der Formel

$$1 - F_t = (1 - \Delta F)^t \quad (6)$$

(SCHÜLER et al., 2001) nicht betroffen, da die Definition einer vorhergehenden Generation nicht notwendig ist.

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 (SCHÜLER et al., 2001).

ΔF und N_e stehen in einer linearen Beziehung zueinander:

$$\Delta F = \frac{1}{2 \cdot N_e} \text{ bzw. } N_e = \frac{1}{2 \cdot \Delta F} \quad (7)$$

Um Abweichungen von den genannten idealisierten Vorstellungen in realen Populationen zu berücksichtigen, wurden Formeln zur Approximation von N_e unter Berücksichtigung des Anpaarungsverhältnisses und der Familiengröße entwickelt:

Ungleiche Anzahl von männlichen und weiblichen Tieren (SCHÜLER et al., 2001):

$$N_e = 4 \times \frac{V_n \times M_n}{V_n + M_n} \quad (8)$$

V_n, M_n : Anzahl Väter und Mütter

Ungleiche Familiengröße und ungleiche Anzahl von männlichen und weiblichen Tieren (HILL, 1979):

$$\frac{1}{N_e} = \frac{1}{16V_n GI} \left[2 + \sigma_{mm}^2 + 2 \left(\frac{V_n}{M_n} \right) \text{cov}_{(mm,mw)} + \left(\frac{V_n}{M_n} \right)^2 \sigma_{mw}^2 \right] + \frac{1}{16M_n GI} \left[2 + \sigma_{mm}^2 + 2 \left(\frac{M_n}{F_n} \right) \text{cov}_{(mw,ww)} + \left(\frac{M_n}{V_n} \right)^2 \sigma_{wm}^2 \right] \quad (9)$$

V_n, M_n : Anzahl Väter und Mütter

GI: Durchschnittliches Generationsintervall

$\sigma_{ww,wm}^2$: Varianz der Anzahl weiblicher und männlicher Nachkommen einer Mutter

$\sigma_{mm,mw}^2$: Varianz der Anzahl weiblicher und männlicher Nachkommen eines Vaters

$\text{cov}_{(wm,ww)}$: Kovarianz in der Anzahl männlicher und weiblicher Nachkommen einer Mutter

$\text{cov}_{(mm,mw)}$: Kovarianz in der Anzahl männlicher und weiblicher Nachkommen eines Vaters

Unter der Voraussetzung einer idealen Population schätzt die Formel von HILL (1979) (Formel 9) auch bei überlappenden Generationen die N_e nach FALCONER und MACKAY (1996) zufrieden stellend genau. Allerdings führen beide o. g. Zensus basierte Methoden (Formel 8, 9) in Untersuchungen mit realen Daten zu Fehleinschätzung von N_e und ΔF (GUTIERREZ et al., 2008). Ursächlich hierfür sind u. a.: a) keine Berücksichtigung von Verwandtenpaarungen und b) Migration, c) die unterschiedliche Bedeutung von Foundertieren und d) Nichtberücksichtigung einer Unterteilung der Population in Teilpopulationen.

GUTIERREZ et al. (2009) schlägt zur Schätzung von ΔF eine Methode vor, die die individuell verursachte Inzuchtsteigerung (ΔF_i) eines jeden Tieres i berücksichtigt. Diese individuellen Werte werden in aggregierter Form zur Berechnung der so genannten realisierten, effektiven Populationsgröße (N_e) herangezogen, die die Abstammungsgeschichte der untersuchten Population beschreibt. Unterschiede in der Vollständigkeit der Abstammungsinformation werden direkt berücksichtigt. Darüber hinaus wird in indirekter Weise Abweichungen von den idealisieren Bedingungen einer Idealpopulation Rechnung getragen wie: Änderung der Zuchtpolitik, genetische Drift, Selektion, Migration und Mutation, überlappende Generationen sowie unterschiedliche Bedeutung von Vorfahren (Founder).

Ausgangspunkt der Überlegungen von GUTIERREZ et al. (2008) ist die Berechnung der Inzucht in Generation t in einer idealisierten Population unter Verwendung der Formel $1 - F_t = (1 - \Delta F)^t$ (siehe Formel 6). Unterstellt man, dass für eine solche Population alle Individuen dieselbe Abstammungsstruktur besitzen ($F_t = F_i$), so kann der individuelle Inzuchtzuwachs (ΔF_i) mit Hilfe der folgenden Gleichung geschätzt werden:

$$\text{Individuelle Inzuchtsteigerung} \quad \Delta F_i = 1 - \sqrt[ECG]{1 - F_i} \quad (10)$$

$$\text{Anzahl äquivalent kompletter Generationen} \quad ECG = \sum_{i=1}^n \left(\frac{1}{2}\right)^n \quad (11)$$

Die Variable ECG beschreibt in Formel 10 die Anzahl „äquivalent kompletter Generationen“ eines Individuums. ECG berechnet sich aus der Summe aller bekannten Vorfahren mit Hilfe der Formel $(\frac{1}{2})^n$ wobei n der Anzahl Generationen entspricht, die das betrachtete Individuum von jedem bekannten Vorfahren trennt (MAIGNEL et al., 1996). Dieser Parameter wurde von verschiedenen Autoren zur Charakterisierung der Informationsdichte und -menge des Abstammungsbaumes („Pedigreetiefe“) in realen (ALVAREZ et al., 2008, GONZALEZ-RECIO et al., 2007, ROYO et al., 2007) und simulierten Datensätzen (BAUMUNG et al., 2003) herangezogen.

Die Berechnung des individuellen Inzuchtzuwachses nach Formel 10 berücksichtigt nicht, dass Selbstbefruchtung in landwirtschaftlichen Nutztierpopulationen keine Bedeutung besitzt. Aus diesem Grund modifizierten GUTIERREZ et al. (2009) die Berechnung des individuellen Inzuchtzuwachses.

$$\Delta F_i = 1 - \sqrt[ECG-1]{1 - F_i} \quad (12)$$

Eine Anzahl von ΔF_i -Werten, die für eine begrenzte Anzahl von Tieren einer Referenzpopulation berechnet wurde, kann zur Schätzung der effektiven Populationsgröße genutzt werden. Diese Form der N_e Schätzung ist auch dann möglich, wenn Individuen aus verschiedenen Generationen mit unterschiedlicher Pedigreetiefe in der Referenzpopulation vorhanden sind. Die ΔF_i -Werte werden zu einem Durchschnitt $\overline{\Delta F}$ zusammengefasst. Die mittlere effektive Populationsgröße ergibt sich aus:

$$\text{Realisierte effektive Populationsgröße} \quad N_{e\Delta F_i} = \frac{1}{2 \cdot \overline{\Delta F_i}} \quad (13)$$

Die so berechnete realisierte effektive Populationsgröße kann als globale, zeitübergreifende Größe verstanden werden, die, ausgehend von der Basisgeneration, zu dem derzeitigen In-

zuchtniveau in der Referenzpopulation geführt hat. $N_{e\Delta F_i}$ ist abhängig von den Anpaarungen, die in den Abstammungsbäumen der Referenzpopulation realisiert wurden; eine Beeinflussung durch zuchtpolitische Entscheidungen ist jedoch nicht zu erwarten (GUTIERREZ et al., 2009).

CERVANTES et al., (2008) schlagen folgende Formel zur approximativen Schätzung des Standardfehlers von $N_{e\Delta F_i}$ vor:

$$\text{Standardfehler von } N_{e\Delta F_i} : \quad \sigma_{N_{e\Delta F_i}} = 2 N_{e\Delta F_i} \sigma_{\Delta F_i} \frac{1}{\sqrt{N_{e\Delta F_i}}} \quad (14)$$

Alternativ zur Kalkulation von ΔF mit den genannten Formeln, ist die Schätzung von ΔF mittels Regressionsanalyse in Populationen mit überlappenden Generationen gebräuchlich. Die Schätzung erfolgt mit Hilfe der individuell berechneten Inzuchtkoeffizienten F_i als abhängige Variable und der dazu gehörenden Generation als unabhängige Variable. Häufig ist die Zuordnung eines Tieres zu einer bestimmten Generation in realen Daten mit überlappenden Generationen nicht möglich. Dieses Problem lässt sich durch die Verwendung des Geburtsjahres und der nachfolgenden Korrektur mit Hilfe berechneter, durchschnittlicher Generationsintervalle einer Population in seinen Auswirkungen abschwächen.

Folgende Regressionsansätze sind gebräuchlich:

- a) Regressionsmodell (Reg_{ECG}) (GUTIERREZ et al., 2008):

Individuelle Inzucht $F_i = b(\text{ECG}) + \text{Restfehler}$

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}} \approx \frac{b}{1 - (F_t - b)} \quad \rightarrow \quad N_e = \frac{1}{2\Delta F} = \frac{2[1 - (F_t - b)]}{b} \quad (15)$$

F_t : Durchschnittliche individuelle Inzucht in einer Referenzpopulation

- b) Regressionsmodell (Reg_{Gebjahr}) (GUTIERREZ et al., 2003):

Individuelle Inzucht $F_i = b(\text{Geburtsjahr}) + \text{Restfehler}$

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}} \approx \frac{\overline{GI} \times b}{1 - (F_t - \overline{GI} \times b)} \quad \rightarrow \quad N_e = \frac{1}{2\Delta F} = \frac{2[1 - (F_t - \overline{GI} \times b)]}{\overline{GI} \times b} \quad (16)$$

F_t : Durchschnittliche individuelle Inzucht in einer Referenzpopulation

\overline{GI} : Durchschnittliches Generationsintervall in der Referenzpopulation

c) Regressionsmodell (Reg_{LogGeb}) (PEREZ-ENCISO, 1995):

Die Schätzung von N_e kann approximiert werden mit Hilfe der Beziehung:

$$1 - F_t = \left(1 - \frac{1}{2N_e}\right)^t \quad (17)$$

N_e wird approximiert durch eine log Regression mit $1 - F_t$ als abhängige und die Generationsnummer oder das Geburtsjahr als unabhängige Variable (CERVANTES et al., 2008, PEREZ-ENCISO, 1995).

Die Schätzung von ΔF mit Hilfe der genannten Regressionsanalysen ist in Populationen mit stark unterschiedlicher zeitlicher Entwicklungen der Inzucht problematisch (GUTIERREZ et al., 2003). Änderungen in der Zuchtpolitik, wie zum Beispiel die gezielte Vermeidung von Inzucht innerhalb bestimmter Generationen oder die gezielte Anpaarung von verwandten Tieren könnten zu negativen, nicht definierten ΔF - bzw. N_e - Schätzungen führen.

5 Material und Methoden

5.1 Erfassung, Aufbereitung und Korrektur der Daten

5.1.1 Datenerfassung

Tabelle 1 informiert über die am Projekt beteiligten Daten liefernden Verbände und die zugehörigen Rechenstellen.

Tabelle 1: Daten liefernde Organisationen

Verband	Rechenstelle	Abk. Rechenstelle
Schweineherdbuchzucht Schleswig-Holstein (SHZ)	Schweinezuchtverband Baden-Württemberg e.V.	SZV B.-W.
Niedersächsische Erzeugergemeinschaft für Zuchtschweine eG (NEZ)		
Landesverband Rheinischer Schweinezüchter (LRS)		
Schweinezuchtverband Baden-Württemberg e.V.		
Verband der Schweinezüchter Hessen e.V. (VSH)		VSH
Verband für Schweineproduktion Rheinland-Pfalz-Saar e.V. (VSR)		VSR
Züchtervereinigung Schwäbisch-Hällisches Schwein e.V.		ZV Schw.-Häll.
Erzeugergemeinschaft und Züchtervereinigung für Zucht- und Hybridschweine in Bayern w.V. (EGZH)	Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) in Grub	LfL Bayern
Mitteldeutscher Schweinezuchtverband e.V. (MSZV)		MSZV
Hybridschweinezuchtverband Nord/Ost e.V. (HSZV)	Hybridschweinezuchtverband Nord/Ost e.V. (HSZV)	HSZV Nord/Ost
SHZ - Rote Husumer		
Schweinezucht- und Produktionsverband Berlin-Brandenburg e.G. (SZPV)		
Züchtervereinigung Nordschwein e.V.		SV Bunte Bentheimer

Die Daten wurden in Form von standardisierten CSV-, MS-Excel-, ASCII-Text - oder dBase-Tabellen zur Verfügung gestellt. Der Einfachheit halber wurden alle in den Verbänden betreuten Rassen erfasst und in die Auswertung einbezogen, also auch die Rassen Piétrain (Pi), Large White (LW), Duroc (Du), Hampshire (Ha) und Belgische Landrasse (LB).

Tabelle 2 enthält die Informationen zum Satzaufbau der gelieferten Herdbuchdaten. Die Felder mit der Postbezeichnung „_vor“ sollten Informationen über die Herkunft und Identifikation von importierten Tieren aus anderen Zuchtorganisationen enthalten. Diese Datenfelder waren jedoch entweder nicht gefüllt oder unterschieden sich nicht von den zugehörigen Feldern mit innerverbandlichen Informationen.

Tabelle 2: Strukturbeschreibung (mit * gekennzeichnete Daten wurden modifiziert/präzisiert)

Datenfeld	Format/Spezifikation
Metadaten	
id-tierart	2 stellig numerisch Angabe hier immer „04“
datum_datensatz	Zeichenkette JJJJMMTT
id-datenquelle	3-stellig numerisch
Tier-Identifikation	
id_verband	3-stellig numerisch
tier_nummer	
Herdbuchnummer	6-stellig num.
Ohrmarke	16-stellig alphanum. *
Spnr. unter der Mutter	3 stellig num. *
vor_id_verband	3 stellig num.
vor_tier_nummer	
Herdbuchnummer_vor	6-stellig num.
Ohrmarke_vor	16-stellig alphanum. *
Spnr. unter der Mutter_vor	3 stellig num. *
Tierinformationen	
id_rasse	3 stellig num.
id_geschl	1 stellig num. (1 männl./2 weibl.)
geb_datum	Zeichenkette JJJJMMTT
abg_datum	Zeichenkette JJJJMMTT
abg_grund	2 stellig alphanum.
Mutter_Identifikation	
m_id_rasse	3 stellig num. *
m_id_verband	3 stellig num.
m_tier_nummer	
Herdbuchnummer_m	6-stellig num.
Ohrmarke_m	16-stellig alphanum. *
Vater_Identifikation	
v_id_rasse	3 stellig num. *
v_id_verband	3 stellig num.
v_tier_nummer	
Herdbuchnummer_v	6-stellig num.
Ohrmarke_v	16-stellig alphanum. *
Standortdaten	
HIT-/bzw. VVO-Nummer	15 stellig num. *

5.1.2 Datenaufbereitung

Die Aufbereitung der Daten (Fehleridentifikation, Datenkomprimierung) erfolgte in mehreren aufeinander folgenden Schritten.

Zunächst wurden für die Inzuchtberechnungen nicht notwendige oder redundante Datensätze der jeweiligen Rechenstellen eliminiert („Korrektur 0“). Zu diesen nicht notwendigen Daten gehören:

- Redundante (doppelte) Datensätze, innerhalb einer Rechenstelle
- Kreuzungstiere
- Daten von Börden
- Tiere ohne Herdbuchnummer oder Herdbuchnummer = 99999 („Dummy“ Nummer)

Die Häufigkeit dieser Datensätze ist getrennt nach Rechenstelle Tabelle 3 zu entnehmen. Bei der Interpretation der Daten ist zu beachten, dass mehr als ein Fehlereintrag bei einigen Tieren vorhanden war (z. B: Kreuzungstier und Borg).

Tabelle 3: Datenumfang, getrennt nach Rechenstelle (Korrektur 0)

Rechenstelle	Alle Daten	ohne Doppelte	ohne K, B, F (Korrektur 0)	Kreuzungstiere (K)	Börden (B)	HB-Nr. fehlt oder 99999 (siehe Text) (F)
Lfl Bayern	130535	130515	130500	0	0	15
SV Schw.-Häll.	1633	1633	1632	0	0	1
Nordschwein	1038	1038	1037	0	0	1
VSH	1513	1513	1513	0	0	0
SZV B.-W.	214494	214494	200272	14213	0	10
HSZV	141300	120273	98392	0	4582	21879
MSZV	25637	13722	13711	11	0	0
VSR	3630	3630	3629	0	0	1

In dem bereinigten Datensatz (nach Korrektur 0) wurde jedem Tier und jedem Elternteil ein eindeutiger Schlüssel zugewiesen. Dieser Schlüssel (PK0) setzt sich aus den Informationen: Rechenstelle, Geschlecht, Herdbuchnummer, Verband und Rasse des Tieres zusammen.

Fehlende Bestandteile des PK0 führten zu einem Ausschluss der Tierinformation von einer weiteren Bearbeitung. Fehlte ein Bestandteil des Schlüssels bei einem Elternteil, so wurde diese Abstammungsinformation als fehlender Wert deklariert. Eine Ausnahme stellte das Schlüsselfeld Rasse des Tieres dar. Lag die Rassenangabe eines Reinzuchtieres vor, so wurden die eventuell fehlenden Angaben der Eltern entsprechend ergänzt. Die Änderung wurde auch umgekehrt durchgeführt. Die fehlende Rassenangabe eines Tieres wurde ergänzt, wenn die Rasseinformation bei den reinrassigen Eltern vorlag. Neben den bereits genannten Fehlermöglichkeiten führten folgende Umstände zu einem Ausschluss der Daten:

- Fehlende Bestandteile des PK0
- Herdbuchnummer bei Tier, Vater oder Mutter identisch
- Herdbuchnummer beinhaltet alphanumerische Zeichen wie „“, „?“, „unbekannt“, „*“ oder enthält „Dummy“-Nummern 99999 oder 1
- Rasseangabe des Reinzuchtieres entspricht nicht der Rasseangabe der Eltern.

Die Anzahl dieser Problemtiere und die nach der Korrektur 0 und I verbleibende Anzahl Tiere ist Tabelle 4 zu entnehmen. Über die nach Geburtsjahr und Rechenstellen getrennte Häufigkeit der Beobachtungen nach Korrektur 0 und I informieren die Abbildung 38 bis Abbildung 49 im Anhang 10.1.

Bei den Rechenstellen Lfl Bayern und SZV Nord/Ost waren die Eltern der Herdbuchtiere, die selbst keine weitere Abstammung aufwiesen, als Basistiere im Datensatz enthalten (Tabelle 4.). In den übrigen Datensätzen fehlten überwiegend diese Tierangaben. Aus diesem Grund wurden alle vorkommenden Elterntiere unabhängig von bereits vorliegenden Einträgen in einen separaten Datensatz „Eltern“ zusammengefasst. Doppelte Einträge wurden in diesem Datensatz eliminiert. Eine Zusammenfassung der Datensätze „Eltern“ und „Herdbuch“ erfolgte in den unten beschriebenen Komprimierungsschritten (vgl. Tabelle 5).

Nach der Korrektur der Daten (0, I) wurden Tiere identifiziert, die in mehr als einer Daten liefernden Organisation in das Herdbuch eingetragen wurden. Zu diesem Zweck wurde der PK0 um den Eintrag „Rechenstelle“ reduziert (PK). Die Identifikation identischer Tiere verlief in mehreren, aufeinanderfolgenden Schritten.

- Zunächst wurden Tiere gekennzeichnet, die identische PK aufwiesen (Komprimierungsschritt KC1, Tabelle 5).
- Daten aus den Datensätzen „Herdbuch“ und „Eltern“ wurden zusammengefügt. Mit Hilfe des PK wurden gleiche Daten (gefundene Eltern) im kombinierten Datensatz identifiziert (KC2, Tabelle 5)

- Einige Verbände haben in zurückliegenden Jahren die Verbandsangabe bei importierten Tieren umdeklariert. Die Verbandsnummer des liefernden Verbandes wurde in die Nummer des beziehenden Verbandes umgeändert. Um dieser Praxis gerecht zu werden, wurden Tiere mit gleicher Herdbuchnummer-, Geschlechts-, Rasse- und Abstammungsangabe (PK_{Abst.}) aber unterschiedlicher Verbandsnummer als identische Tiere gekennzeichnet (KC3, Tabelle 5).
- In Ausnahmefällen wurde bei verkauften Tieren auch die Herdbuchnummer verändert. Um auch diese Vorgehensweise zu berücksichtigen, wurden Tiere mit gleicher Abstammung sowie gleicher Spitzennummer der Eltern (PK_{MNr, Sp}) als identische Tiere identifiziert (KC4, Tabelle 5).

Tabelle 5 enthält getrennt nach Rasse die entsprechenden Häufigkeitsangaben nach den jeweiligen Komprimierungsschritten.

Tabelle 4: Datenumfang, getrennt nach Rechenstelle (Korrektur 0,1)

Rechenstelle	Nach Korrektur 0, I	Korrektur I		
		Daten vorhanden, Abstammung fehlt (eingetragene Basistiere)	Geschlecht/ Rasse/ Verband fehlt	HB-Nr. Konflikt Tier = Vater = Mutter
Lfl Bayern	116500	13988	0/ 6/ 0	6
SV Schw.-Häll.	1583	46	0/ 0/ 3	0
Nordschwein	1037	0	0/ 0/ 0	0
VSH	1513	0	0/ 0/ 0	0
SZV B.-W.	197016	1299	1/ 225/ 1707	46
HSZV	80291	18086	1/ 0/ 0	15
MSZV	13410	50	0/ 251/ 0	0
VSR	3542	87	0/ 0/ 0	0

Tabelle 5: Anzahl verbleibender und zusammengefasster Datensätze, getrennt nach Rassen

Abk. Datensatz bzw. Komprimierungscode (siehe Text)	Komprimierungsschritte (Korrektur II)					
	Herdbuch	KC1	Eltern	KC2	KC3	KC4
	Korrig. (I, 0) Daten	Gleiche PK	Eltern	Gefundene Eltern	Gleiche PK _{Abst.} aber anderer Verband	Identi- sche PK _{MNr, SP}
Rasse						
Deutsche Land- rasse	231562	1941	91915	72246	612	88
Deutsches Edel- schwein	45944	556	21799	14185	270	88
Angler/Deutsches Sattelschwein	1583	7	1145	775	14	1
Pietrain	114896	13213	51092	43208	1933	233
Belgische Land- rasse	3522	44	2554	1668	6	1
Duroc	3146	600	2069	1131	155	0
Hampshire	154	2	216	96	0	7
Schwäbisch- Hällisches	3063	909	1333	1118	11	2
Leicoma	859	0	671	243	0	0
Rotbunte Husu- mer	306	0	146	113	0	0
Large White	8802	2	3088	2475	1	4
Bunte Bentheimer	1076	25	504	367	0	12

Im Anschluss an diese zusammenfassenden Schritte wurden weitere Inkonsistenzen der Daten aufgedeckt, die zum Ausschluss der betroffenen Herdbucheintragungen von weiteren Analysen führten:

- Einige Tiere wiesen zwar einen identischen PK auf, besaßen aber unterschiedliche Elternangaben (Fehlercode FC1, Tabelle 6).
- Bei einigen, als identisch gekennzeichneten Tieren wurden abweichende Geburtsdaten oder Spitzennummern festgestellt. Abweichungen im Geburtsdatum von mehr als 100 Tagen führten zum Ausschluss der Tiere (Fehlercode FC2, Tabelle 6), Unterschiede in den Spitzennummern blieben ohne Konsequenzen.
- Das Geburtsdatum eingetragener Tiere wurde mit dem Geburtsdatum der Eltern bzw. Nachkommen verglichen. Unplausible zeitliche Abstände (< 100 Tage) zwischen den Generationen führten zum Ausschluss der Tiere (Fehlercode FC3, Tabelle 6).

Die direkt von den Inkonsistenzen des Geburtsdatums betroffenen Tiere wurden vom Datensatz entfernt. Bei den Nachkommen dieser Tiere wurde die entsprechende Abstammungsinformation als „fehlender Wert“ deklariert. Der relativ hohe Anteil der betroffenen Tiere könnte zumindest in kleineren Populationen Konsequenzen für die berechneten effektiven Populationsgrößen haben. Vermutlich werden durch die Eliminierung der verwandtschaftlichen Beziehungen die Inzuchtkoeffizienten und damit auch die effektiven Populationsgrößen tendenziell unterschätzt. Prinzipiell können Fehleingaben beim Geburtsdatum oder die mehrfache Vergabe von Herdbuchnummern verantwortlich für die festgestellten Inkonsistenzen sein. Eine Korrektur der Daten durch Mitarbeiter der Rechenstellen wird angeregt, ist jedoch zumindest bei älteren Herdbuchangaben schwer realisierbar.

Die folgende Tabelle 6 enthält getrennt nach Rasse die entsprechenden Häufigkeiten der Fehlercodes FC1 bis FC3.

Tabelle 6: Anzahl zusammengefasster Datensätze, getrennt nach Rassen

		Korrektur III					
Abk. (siehe Text)	Herdbuch + Eltern	PK gleich, aber Abstammung unterschiedlich		Abs. Δ Geburtsdatum zusammengefasster Daten >100		Δ Geburtsdatum Elter Nachkomme inkonsistent	
Abk. Fehlercode (siehe Text)	Nach Korrektur 0, I, II	FC1		FC2		FC3	
Rasse		Betroff. Tiere	Betroff. NK	Betroff. Tiere	Betroff. NK	Betroff. Tiere	Betroff. NK
Deutsche Landrasse	248452	127	2495	85	1634	2584	11543
Deutsches Edelschwein	52588	56	986	9	125	694	1716
Angler/Deutsches Sattelschwein	1931	0	0	0	0	34	40
Pietrain	107189	208	2306	125	1542	1745	5587
Belgische Landrasse	4353	4	28	0	0	112	293
Duroc	3311	18	57	0	0	94	171
Hampshire	265	0	0	0	0	0	0
Schwäbisch-Hällisches	2345	11	156	4	12	28	88
Leicoma	1287	0	0	0	0	0	0
Rotbunte Husumer	339	0	0	0	0	49	125
Large White	9408	0	0	0	0	17	53
Bunte Bentheimer	1176	0	0	21	136	38	108

5.1.3 Benutzte Software zur Datenaufbereitung

Die beschriebene Aufbereitung der Daten erfolgte zunächst auf der Basis des Programmpakets SAS. Mit Hilfe von programmierten Modulen (Macros) wurde eine objektorientierte Programmierung angestrebt. Eine verbesserte Übersichtlichkeit und eine höhere Flexibilität der Datenaufbereitung lassen sich sicher durch die Anwendung eines Datenbanksystems erreichen. Daher wurde die Speicherung und Aufbereitung der Daten mit Hilfe einer MS-SQL Server Datenbank realisiert. Für jede liefernde Organisation wurde eine spezielle Einleseroutine erstellt, die der unterschiedlichen Datenstruktur angepasst wurde. Die Daten wurden mit den entsprechenden Filtern in die Datenbank eingelesen, wobei jedem Datensatz eine eindeutige ID zugeordnet wurde. Die Bereinigung der Daten und die Kompression erfolgte analog der in Kapitel 5.1.2 beschriebenen Vorgehensweisen. Auch hier wurden Korrektur- und Kompressionsroutinen sowie die Definition von Parametern in entsprechenden separaten Programmmodulen integriert. Als Resultat der Korrektur- und Kompressionsschritte wird aus den in Tabelle **Original** (Abbildung 1) gespeicherten Ursprungsdaten eine Tabelle **Rasse** erzeugt, die als Grundlage der Inzuchtberechnung dient. Auch diese Tabelle beinhaltet alle korrigierten, aber noch nicht zusammengefassten Datensätze. Die Zusammenfassung identischer Tiere wird über das Feld **Max_id** ermöglicht. Dieser Schlüssel ist bei identischen Tieren gleich. Über die separate Tabelle **IDENT** wird eine generelle Zuordnung der Tiere zu den Originaldaten ermöglicht. Fehlerhafte Datensätze wurden zusammen mit einem Fehlercode in die Fehler-tabelle **Rasse_del** eingetragen.

Die Datenbankstruktur und der Programmablauf ist symbolisch in den nachfolgenden Abbildungen, Abbildung 1 und Abbildung 2, dargestellt.

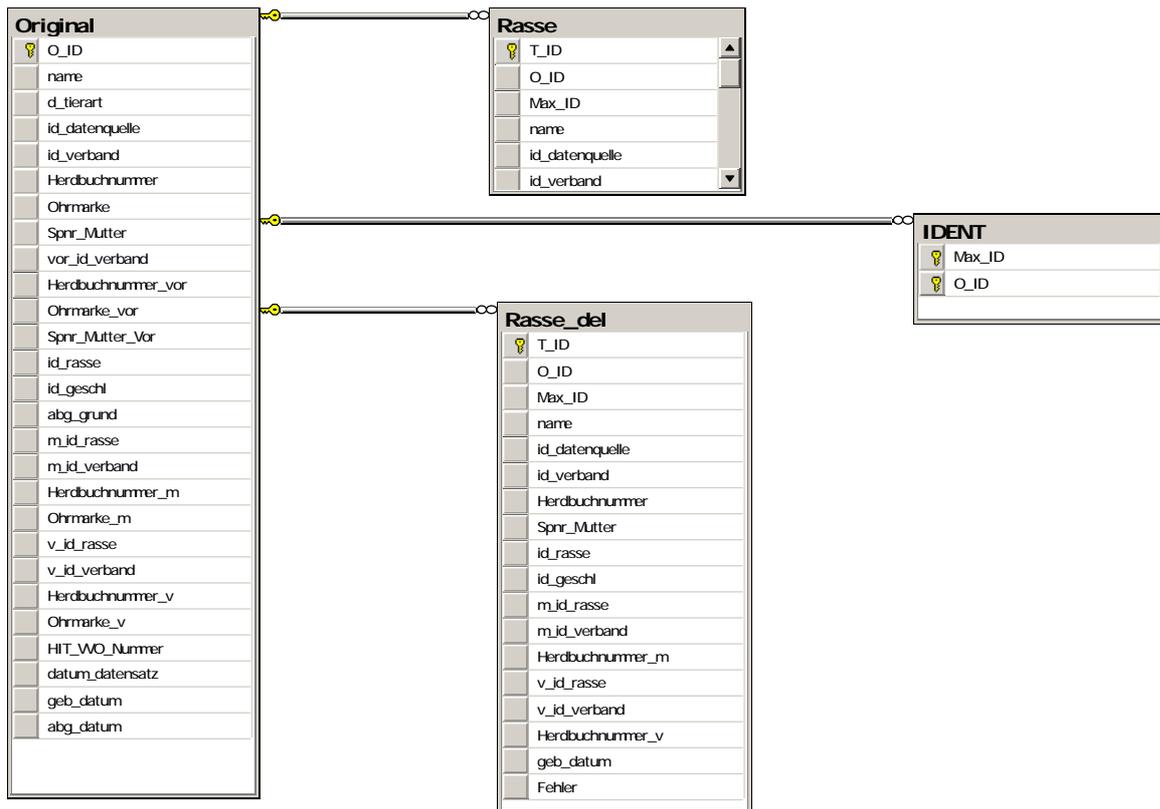


Abbildung 1: SQL Datenbankstruktur

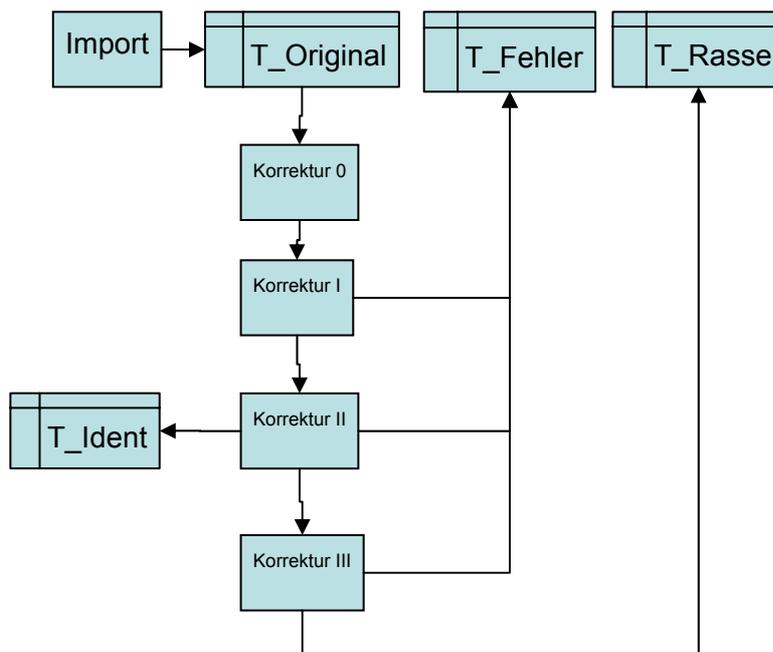


Abbildung 2: Schematischer Ablauf der Datenaufbereitung mittels SQL

5.2 Beschreibung der Populationsstruktur

5.2.1 Parameter der Populationsstruktur

Zur Charakterisierung der Populationsstruktur der analysierten Schweinerassen wurden folgende Kennzahlen berechnet:

- Durchschnittliches Alter der Eltern bei der Geburt der sie ersetzenden Nachkommen (Generationsintervall)
- Durchschnittliches Alter bei der Geburt der Nachkommen
- Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG)

Die Variable ECG beschreibt die Anzahl „äquivalent kompletter Generationen“ eines Individuums. ECG berechnet sich aus der Summe aller bekannten Vorfahren mit Hilfe der Formel $(\frac{1}{2})^n$, wobei n der Anzahl Generationen entspricht, die das betrachtete Individuum von jedem bekannten Vorfahren trennt (MAIGNEL et al., 1996). Dieser Parameter wurde von verschiedenen Autoren zur Charakterisierung der Informationsdichte und -menge des Abstammungsbaumes („Pedigreetiefe“) in realen (ALVAREZ et al., 2008, GONZALEZ-RECIO et al., 2007, ROYO et al., 2007) und simulierten Datensätzen (BAUMUNG et al., 2003) herangezogen.

- Anzahl rückverfolgbarer Generationen, mit vollständigen und verfügbaren Informationen (CG)
- Anzahl maximal rückverfolgbarer Generationen, unabhängig vom Vollständigkeitsgrad (MG)
- Pedigreevollständigkeitsindex I_d :

$$I_d = 4 \times \frac{I_{pat} \times I_{mat}}{I_{pat} \times I_{mat}} \quad \text{wobei} \quad I_{dpat,mat} = \frac{1}{4} \sum_{i=1}^d a_i \quad (\text{MacCluer et al., 1983})$$

pat/mat: väterliche bzw. mütterliche Linie der Nachkommen

a_i : Anteil an bekannten Ahnen der Generation i

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

- Die Berechnung der effektiven Populationsgröße als Entscheidungsgrundlage des Status der Gefährdung verschiedener deutscher Schweinerasse erfolgte mit Hilfe folgender in Kapitel 4 näher beschriebenen Parameter:

- **Ne_{HILL}**: Zensusbasierte Methode „HILL“. Approximative Berechnung der effektiven Populationsgröße (Ne) aus dem Geschlechterverhältnis und der Familiengröße (s. Formel 9, Kapitel 4).
- **Ne_{ΔFi}**: Ne, berechnet aus der individuellen Inzuchtsteigerung ΔF_i (s. Formel 12, 13, Kapitel 4)
- **Ne_{F_t,F_{t-1}}**: Ne, berechnet mit Hilfe von Tieren mit vollständig verfügbaren Vorfahrenangaben
 Zu diesem Zweck wurden Tiere aufgrund ihrer verfügbaren und vollständigen Vorfahreninformationen den Generationen 0 bis 4 zugeordnet. (0: Tiere ohne Abstammung, 1: Tiere mit Elternangaben, 2: Tiere mit vollständig verfügbaren Großelternangaben, 3: Tiere mit vollständig verfügbaren Urgroßelternangaben, 4: Tiere mit vollständig verfügbaren Ur-Urgroßelternangaben). Die Berechnung des Inzuchtwachses erfolgt mit

$$Ne_{F_t, F_{t-1}} = 2 \times \frac{1 - F_{t-1}}{F_t - F_{t-1}}$$
- **Ne_{Reg_ECG}**: Ne, berechnet aus der Regression der individuellen Inzucht auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG) (s. Formel 15, Kapitel 4):
- **Ne_{Reg_Geb}**: Ne, berechnet aus der Regression der individuellen Inzucht auf das Geburtsjahr unter Berücksichtigung des Generationsintervalls (s. Formel 16, Kapitel 4)
- **Ne_{LogReg_Geb}**: Ne, berechnet aus der Log Regression der individuellen Inzucht (1-auf das Geburtsjahr unter Berücksichtigung des Generationsintervalls (s. Formel 17, Kapitel 4)

Die genannten Kennzahlen wurden getrennt nach Rassen, unter Berücksichtigung der gesamten Daten und für verschieden definierte Referenzpopulationen analysiert. Die Einteilung der Referenzpopulationen erfolgte auf der Basis der Geburtsjahrgänge und der Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG). Um möglichst aktuelle Daten zu analysieren, wurden zwei Referenzpopulationen mit Tieren aus den Geburtsjahren >2003 und >2005 definiert. Darüber hinaus wurde eine Mindestanzahl von 2 ECGs festgelegt, um den Fehler der geschätzten Ne einzuschränken.

5.2.2 Programmpakete Populationsstruktur

Die Berechnung der im Abschnitt 5.2.1 genannten Kennzahlen der Populationsstruktur erfolgte alternativ mit den Programmen Relax2 (STRANDEN et al., 2006) und ENDOG v4.6 (GUTIERREZ et al. 2009).

Relax2 ist ein FORTRAN Programm, das sowohl unter den Betriebssystem UNIX und MS Windows XP ausgeführt werden kann. Relax2 wurde im Rahmen des vorliegenden Projektes für folgende Zwecke genutzt:

- Überprüfung der Konsistenz der Abstammungsinformationen („Loops“) und des Geburtsdatums
- Korrektur der fehlerhaften Daten („Feed back“ an Datenbank)
- Berechnung der individuellen und durchschnittlichen Verwandtschafts- und Abstammungskoeffizienten
- Berechnung der Anzahl äquivalent kompletter Generationen
- Berechnung der Generationsintervalle.

ENDOG v4.6 wurde mit Hilfe der Programmiersprache VisualBasic™ programmiert und ist lauffähig unter den MS Betriebssystemen Windows 95/98/2000/NT/XP. Das Programm steht gebührenfrei unter der Internet-Adresse

http://www.ucm.es/info/prodanim/html/JP_Web_archivos/Endog46.zip zur Verfügung.

ENDOG2 wurde im Rahmen des vorliegenden Projektes für folgende Zwecke genutzt:

- Berechnung der individuellen und durchschnittlichen Verwandtschafts- und Abstammungskoeffizienten
- Berechnung der Anzahl äquivalent kompletter (ECG), kompletter (CG) und maximaler (MG) Generationen
- Berechnung des individuellen Inzuchtzuwachses (ΔF_i)
- Berechnung der Generationsintervalle der gesamten Population und der Referenzpopulationen
- Berechnung der N_e auf Basis der in Kapitel 5 genannten Methoden

Die Ergebnisse der Analysen wurden in eine MS Access Datenbank exportiert. Die weitere statistische und graphische Aufbereitung der Ergebnisse erfolgt mit Hilfe der Programmpakete SAS (SAS, 2009) und OpenOffice3.0 (<http://www.openoffice.de>).

6 Ergebnisse - Statusbericht

6.1 Populationsstruktur, Inzucht und effektive Populationsgröße

Die nachfolgende Darstellung der Ergebnisse erfolgt getrennt nach Rassen. Die aufgeführten Tabellen wurden in teilweise automatisierter Form erstellt. War eine Berechnung nicht möglich, so enthalten die standardisierten Tabellen leere Zellen. Die Beschreibung der Tabellen und Abbildungen wurde ebenfalls teilweise automatisiert.

Eine rassenübergreifende Beschreibung und Diskussion der Ergebnisse erfolgt im anschließenden Abschnitt 6.2.

6.1.1 Rasse: Deutsche Landrasse (DL, 01)

Tabelle 7: DL – Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisationen

Organisation	N (nach Korrektur 0, I)	N (nach Korrektur 0-III)
LfL Bayern	68881	245791
VS Hessen	493	
Verbund SZV Baden-Württemberg	108764	
HSZV Nord/Ost	41906	
Mitteldeutscher SZV	10023	
VSR Rheinland Pfalz	1900	

Tabelle 8: DL – Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG)

N	F, %	R, %	ECG	CG	MG
245791	0,49	0,18	3,43	1,65	8,23

Tabelle 9: DL – Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983)

Generation	Geburtsjahr						alle
	1998/99	2000/01	2002/03	2004/05	2006/07	2008/09	
N	21570	19759	19344	22249	20789	3668	245791
1	0,94	0,97	0,96	0,95	0,94	0,98	0,87
2	0,83	0,88	0,90	0,78	0,69	0,87	0,72
3	0,72	0,78	0,79	0,69	0,53	0,65	0,57
4	0,56	0,63	0,63	0,53	0,41	0,52	0,42
5	0,42	0,47	0,49	0,41	0,30	0,39	0,30
6	0,32	0,35	0,37	0,32	0,23	0,28	0,20

Tabelle 10: DL – Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	6064	2,29	1,1	0,014
Vater : Tochter	45465	2,17	1,02	0,005
Mutter : Sohn	5823	2,26	1,12	0,015
Mutter : Tochter	45318	2,18	1,09	0,005
Total	102670	2,19	1,06	0,003
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	8419	2,31	1,09	0,012
Vater : Tochter	172230	2,17	1,03	0,003
Mutter : Sohn	8078	2,27	1,12	0,012
Mutter : Tochter	177556	2,2	1,06	0,003
Total	366283	2,19	1,05	0,002

Tabelle 11: DL – Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsjahr > 2003

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	431	2,25	1,07	0,052
Vater : Tochter	4303	2,14	1,05	0,050
Mutter : Sohn	459	2,32	1,06	0,051
Mutter : Tochter	4769	2,22	1,04	0,050
Total	9962	2,19	1,05	0,011
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	838	2,28	1,05	0,036
Vater : Tochter	33184	2,17	1,06	0,037
Mutter : Sohn	914	2,31	1,06	0,037
Mutter : Tochter	38328	2,23	1,01	0,035
Total	73264	2,20	1,03	0,004

Tabelle 12: DL – Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen

Generation	Väter	Nachkommen je Vater	Mütter	Nachkommen je Mutter	Ne _{HILL}
1999- 2000	440	9,49	2414	1,83	260,3
2000- 2001	434	8,93	2294	1,83	331,6
2001- 2002	409	9,96	2195	1,82	268,1
2002- 2003	363	9,41	1893	1,74	358,2
2003- 2004	305	7,78	1559	1,61	378,4
2004- 2005	248	5,38	1009	1,54	363,1
2005- 2006	124	3,37	384	1,43	335,1

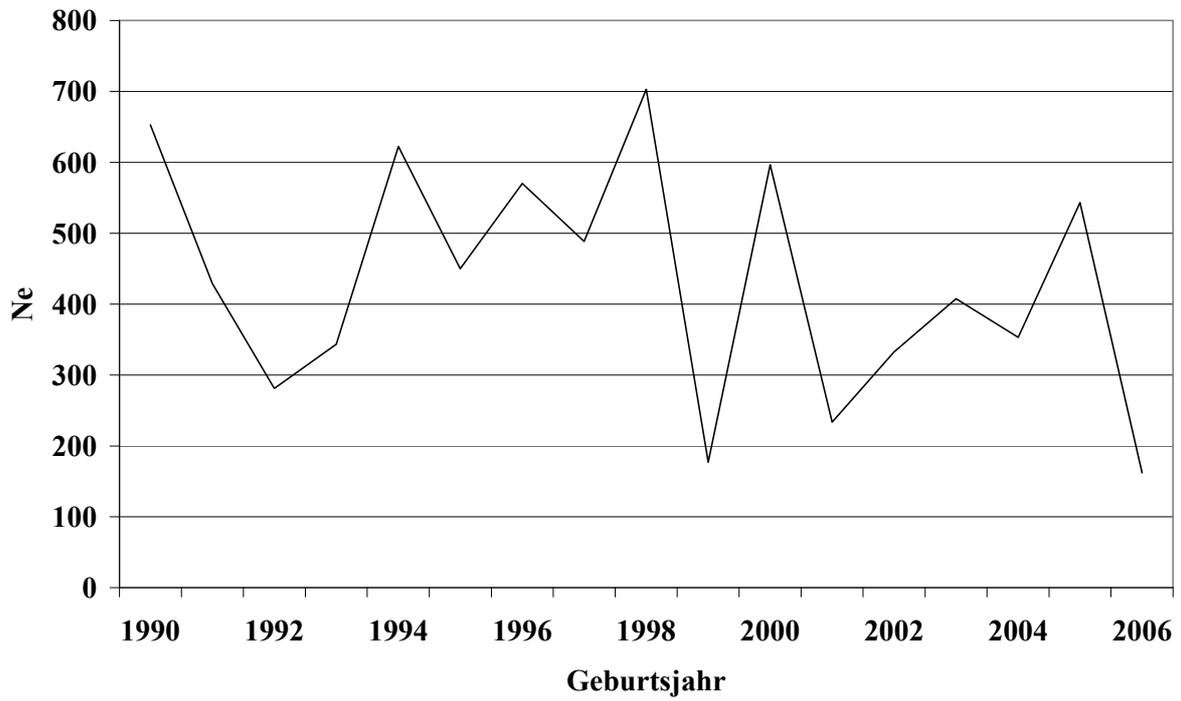


Abbildung 3: DL – Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren

Tabelle 13: DL - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr

Geburtsjahr	N	F, %	R, %	ECG	$Ne_{\Delta F_i}$
1990	7794	0,39	0,12	3,2	285,5
1991	8488	0,47	0,14	3,48	261,4
1992	8986	0,44	0,18	3,65	297,3
1993	8477	0,55	0,20	3,80	254,0
1994	7924	0,52	0,19	3,85	272,3
1995	8549	0,68	0,22	4,03	223,0
1996	8811	0,62	0,25	4,21	256,7
1997	11066	0,65	0,25	4,14	240,1
1998	11004	0,57	0,24	4,16	278,1
1999	10566	0,65	0,26	4,48	268,0
2000	9820	0,79	0,30	4,78	238,6
2001	9939	0,82	0,29	4,74	228,4
2002	9741	0,85	0,31	4,93	229,9
2003	9603	0,94	0,31	4,94	209,0
2004	10915	0,87	0,27	4,65	207,9
2005	11334	0,67	0,23	4,23	239,0
2006	11310	0,43	0,16	3,53	297,0
2007	9479	0,52	0,16	3,85	271,8
2008	3657	0,63	0,16	4,37	266,5

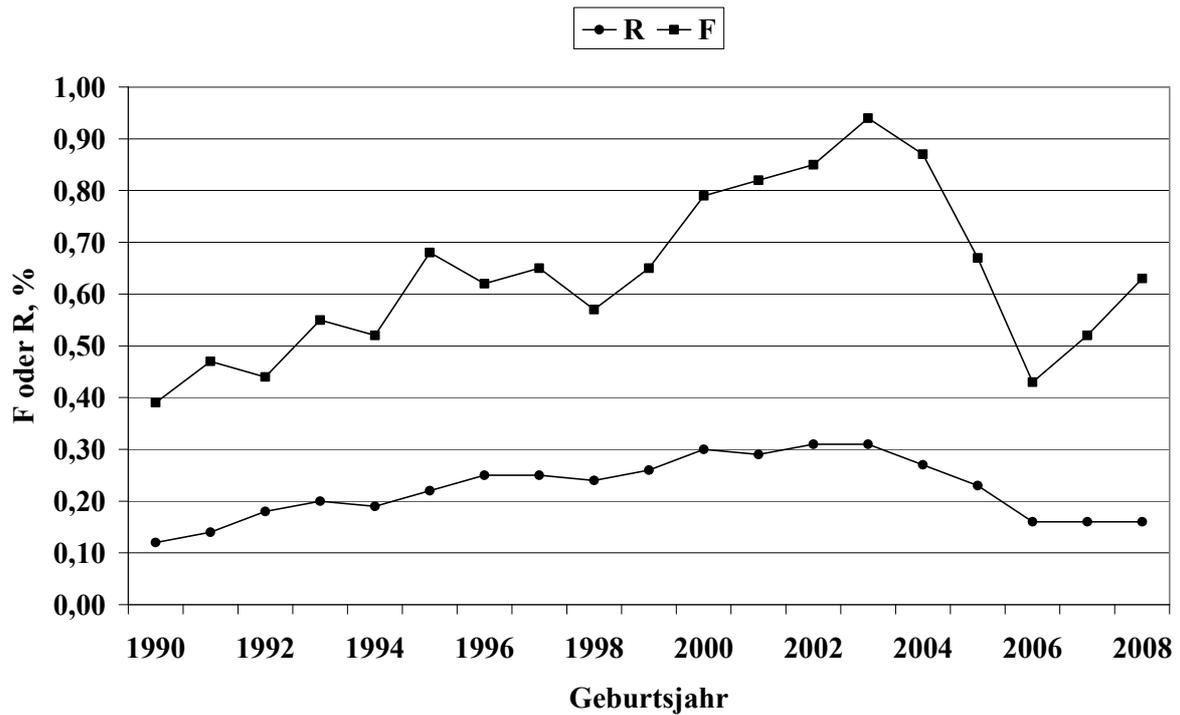


Abbildung 4: DL - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr

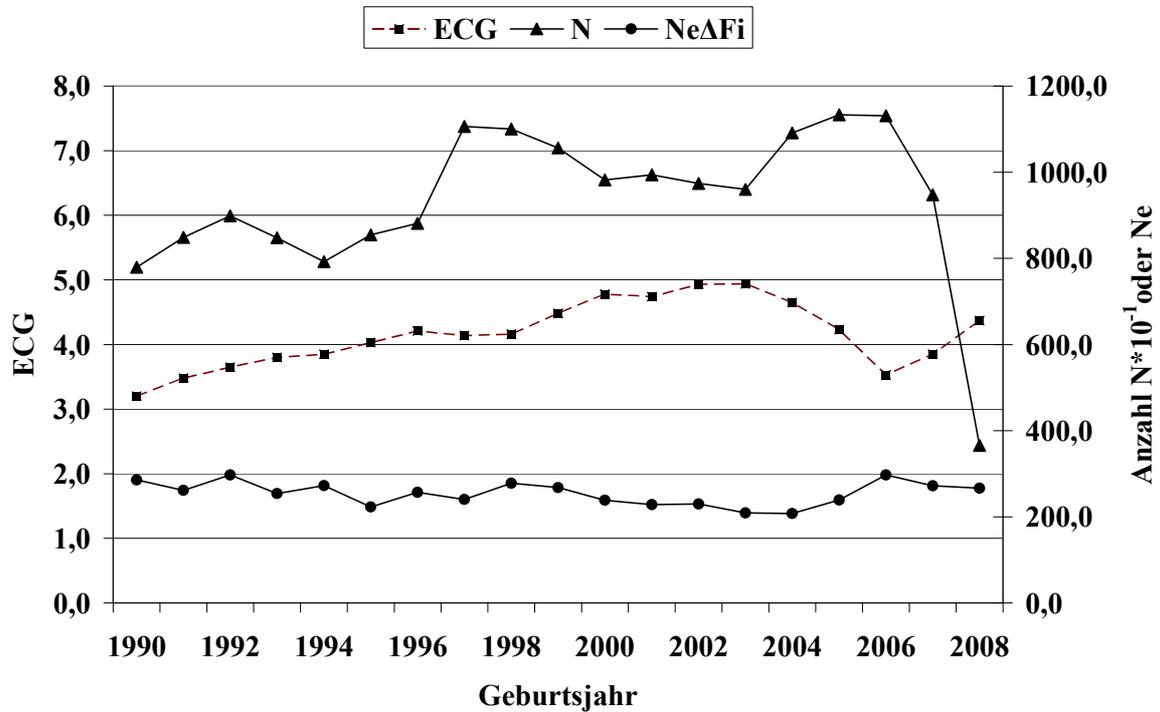


Abbildung 5: DL - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent kompletter Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$)

Tabelle 14: DL - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen

Referenzpopulation: ECG >2 und Geburtsjahr >	N	$Ne_{\Delta F_i}$	SD, $Ne_{\Delta F_i}$	Ne_{Reg_ECG}
1999	73430	268,9	48,94	111,5
2001	54679	274,2	47,67	110,5
2003	36401	291,2	51,11	114,7
2005	17883	347,5	57,82	126,7

Tabelle 15: DL - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log-Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsjahr

Referenzpopulation	N	Regressionsmodell	
		Ne_{Reg_Geb}	Ne_{LogReg_Geb}
> 2003	46706	-242,4	-234,6
Alle	245791	3413,2	3303,5

Tabelle 16: DL - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation $t-1$ nach t ($Ne_{F_t,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen

Vollständige Generationen	N	F, %	R, %	$Ne_{F_t,t-1}$
0	42953	0	0,04	
1	69095	0,16	0,11	304,1
2	75062	0,56	0,21	125,8
3	48267	1,01	0,29	111,9
4	10092	1,81	0,39	61,6

Die Deutsche Landrasse ist mit insgesamt 245791 Daten in nahezu allen Herdbuchorganisationen im nennenswerten Umfang vertreten. In den Geburtsjahren 1990 bis 2007 konnten pro Jahr zwischen 8000 und 11000 Daten ausgewertet werden (Tabelle 13). Die Anzahl rückverfolgbarer äquivalent kompletter Generationen (ECG) und maximaler Generationen (MG) liegt im gesamten Datensatz bei durchschnittlich 3,43 bzw. 8,23 Generationen (Tabelle 8). In aktuellen Jahren ist ein ECG zwischen 3,53 (2006) und 4,37 (2008) Generationen zu beobachten (Tabelle 13, Abbildung 5).

Die Pedigree-Vollständigkeit liegt zwischen den Jahren 1998/99 bis 2008/09 in der 1. Generation über 94%, in der 2. Generation zwischen 69% (2006/07) und 96% (2002/03). Das Generationsintervall wird im gesamten Datensatz und im Referenzdatensatz (Geburtsjahr >2003) bei 2,2 Jahren geschätzt (Tabelle 11).

Die N_e , berechnet nach der Formel von HILL (1979) (N_{eHILL}) schwankt in den drei jüngsten Generationen zwischen 335 und 378 Tieren, mit zeitlich abnehmender Tendenz. Die N_e , berechnet mit Hilfe der individuellen Inzuchtsteigerung ($N_{e\Delta Fi}$) liegt mit Werten zwischen 209 und 297 Tieren in den Jahren 2003 bis 2006 im Vergleich zu N_{eHILL} niedriger und zeigt im Gegensatz zu N_{eHILL} einen zeitlich steigenden Trend. Verantwortlich für diesen N_e -Anstieg ist ein abnehmender Inzuchtgrad ab dem Jahr 2003 um ca. 0,5% (Abbildung 4).

Bei Betrachtung der Referenzpopulationen mit Tieren aus den unterschiedlichen Geburtsjahren >2003 oder >2005 und einer ECG von mindestens 2 Generationen, berechnet sich eine $N_{e\Delta Fi}$ von 291 bzw. 348 Tieren. Die regressive Berechnung der N_e mit Hilfe der Anzahl ECG erreicht mit 115 bzw. 127 Tieren in den beiden genannten Referenzdatensätzen deutlich geringere Werte (Tabelle 14).

Eine Interpretation der N_e , berechnet mit Hilfe einer Regression auf das Geburtsjahr ist aufgrund des flachen bzw. zum Teil negativen Kurvenverlaufs der Inzuchtentwicklung für den gesamten Datensatz und den Referenzdatensatz nicht sinnvoll.

Betrachtet man die durchschnittliche Inzuchtentwicklung in Abhängigkeit der verfügbaren und vollständigen Generationen (CG) (Tabelle 16), so ist zunächst von Generation 0 auf 1 eine schwache Inzuchtsteigerung zu beobachten. Aufgrund der heterogenen Zusammensetzung der Tiere der beiden CG 0 und 1 (Basistiere, immigrierte Tiere) ist eine Interpretation dieser Werte kaum möglich. Nach der 1. Generation ist ein Inzuchtzuwachs je CG zwischen 0,5 und 0,8% zu beobachten. Bei Berücksichtigung dieser Inzuchtsteigerungen ergeben sich im Vergleich zu den übrigen N_e -Schätzungen vergleichsweise niedrige $N_{e_{F_{t,t-1}}}$ zwischen 62 bis 126 Tieren.

6.1.2 Rasse: Deutsches Edelschwein (DE, 02)

Tabelle 17: DE - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation

Organisation	N (nach Korrektur 0, I)	N (nach Korrektur 0-III)
LfL Bayern	7660	51885
VS Hessen	13	
Verbund SZV Baden-Württemberg	18113	
HSZV Nord/Ost	18467	
Mitteldeutscher SZV	1828	
VSR Rheinland Pfalz	20	

Tabelle 18: DE - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG)

N	F, %	R, %	ECG	CG	MG
51885	0,33	0,21	2,58	1,47	6,47

Tabelle 19: DE - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983)

Generation	Geburtsjahr						alle
	1998/99	2000/01	2002/03	2004/05	2006/07	2008/09	
N	2911	3504	3983	5586	6251	1655	51885
1	0,98	0,97	0,96	0,92	0,97	0,99	0,80
2	0,84	0,89	0,92	0,80	0,79	0,94	0,63
3	0,64	0,70	0,77	0,67	0,63	0,71	0,46
4	0,41	0,45	0,54	0,50	0,45	0,52	0,30
5	0,24	0,28	0,34	0,33	0,32	0,34	0,18
6	0,13	0,16	0,21	0,21	0,20	0,23	0,10

Tabelle 20: DE - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	1120	2,16	1,06	0,032
Vater : Tochter	6928	2,24	1,05	0,013
Mutter : Sohn	1042	2,26	1,13	0,035
Mutter : Tochter	6849	2,14	1,04	0,013
Total	15939	2,19	1,06	0,008
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	2213	2,21	1,07	0,023
Vater : Tochter	29585	2,27	1,07	0,006
Mutter : Sohn	2066	2,26	1,11	0,024
Mutter : Tochter	30301	2,13	1,00	0,006
Total	64165	2,20	1,04	0,004

*Tabelle 21: DE - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen,
b) Tiere mit Geburtsjahr > 2003*

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	166	2,36	1,12	0,087
Vater : Tochter	1402	2,40	1,13	0,088
Mutter : Sohn	170	2,51	1,05	0,081
Mutter : Tochter	1454	2,17	0,94	0,073
Total	3192	2,30	1,05	0,019
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	451	2,45	1,16	0,054
Vater : Tochter	10212	2,46	1,15	0,054
Mutter : Sohn	452	2,42	1,05	0,050
Mutter : Tochter	11178	2,11	0,91	0,043
Total	22293	2,29	1,05	0,007

*Tabelle 22: DE - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979),
getrennt nach Generationen*

Generation	Väter	Nachkommen je Vater	Mütter	Nachkommen je Mutter	Ne _{HILL}
1999- 2000	165	6,84	446	2,11	130,5
2000- 2001	142	6,22	526	2,14	163,2
2001- 2002	162	5,82	525	2,18	273,6
2002- 2003	165	6,40	474	2,07	229,9
2003- 2004	121	5,74	417	1,84	248,1
2004- 2005	88	4,11	313	1,51	297,3
2005- 2006	51	3,45	148	1,34	162,9

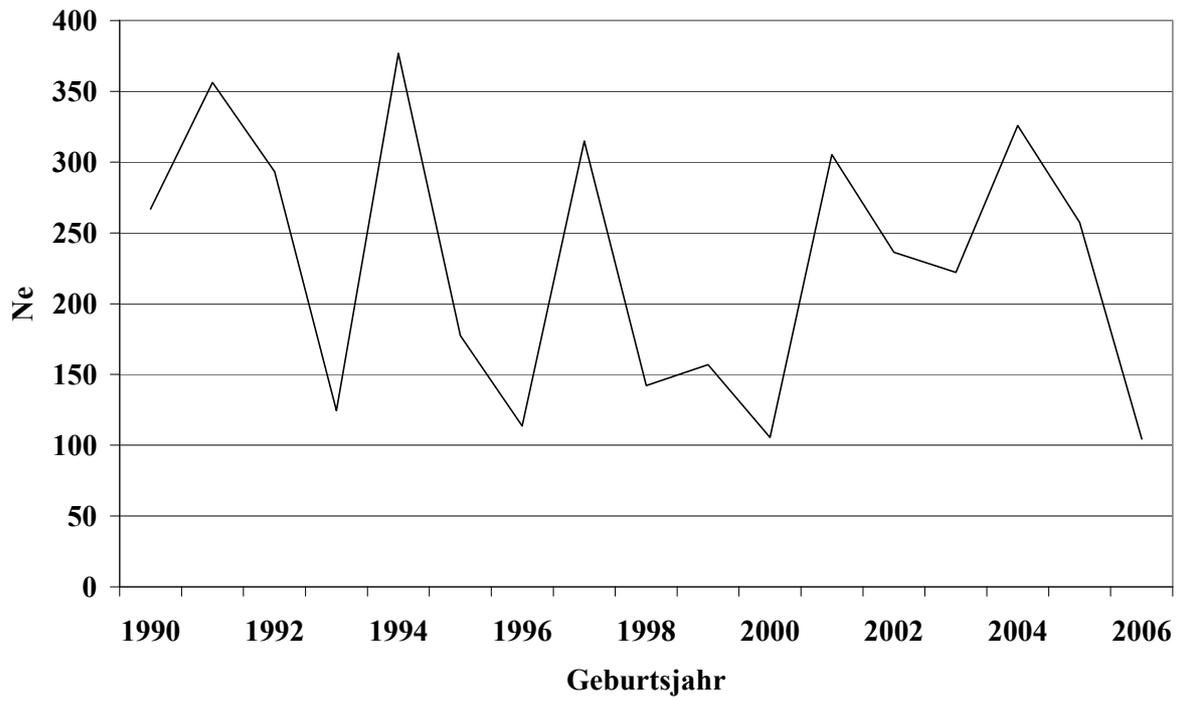


Abbildung 6: DE - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren

Tabelle 23: DE - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔFi), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔFi ($Ne\Delta Fi$), getrennt nach Geburtsjahr

Geburtsjahr	N	F, %	R, %	ECG	$Ne_{\Delta Fi}$
1990	2436	0,07	0,09	1,75	524,1
1991	2137	0,08	0,11	2,13	682,9
1992	2106	0,37	0,11	2,29	171,5
1993	1577	0,37	0,15	2,69	227,5
1994	1345	0,24	0,23	2,72	365,1
1995	1388	0,37	0,28	3,05	277,7
1996	1452	0,19	0,28	3,11	543,4
1997	1997	0,34	0,29	3,00	297,5
1998	1390	0,48	0,34	3,38	248,5
1999	1521	0,35	0,33	3,31	333,0
2000	1640	0,45	0,37	3,60	289,1
2001	1864	0,53	0,39	3,64	248,7
2002	1959	0,78	0,44	4,02	193,1
2003	2024	0,74	0,4	3,94	199,4
2004	2724	0,63	0,34	3,87	227,8
2005	2862	0,49	0,31	3,57	262,8
2006	3261	0,52	0,3	3,66	256,6
2007	2990	0,56	0,26	3,62	234,4
2008	1654	0,55	0,25	4,08	281,0

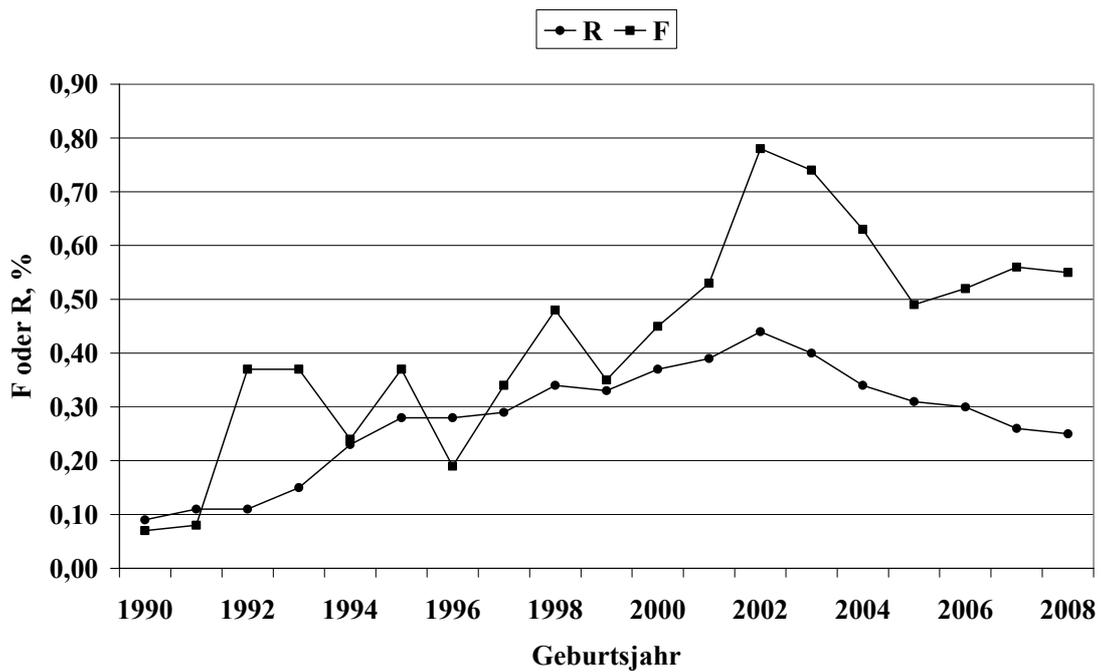


Abbildung 7: DE - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr

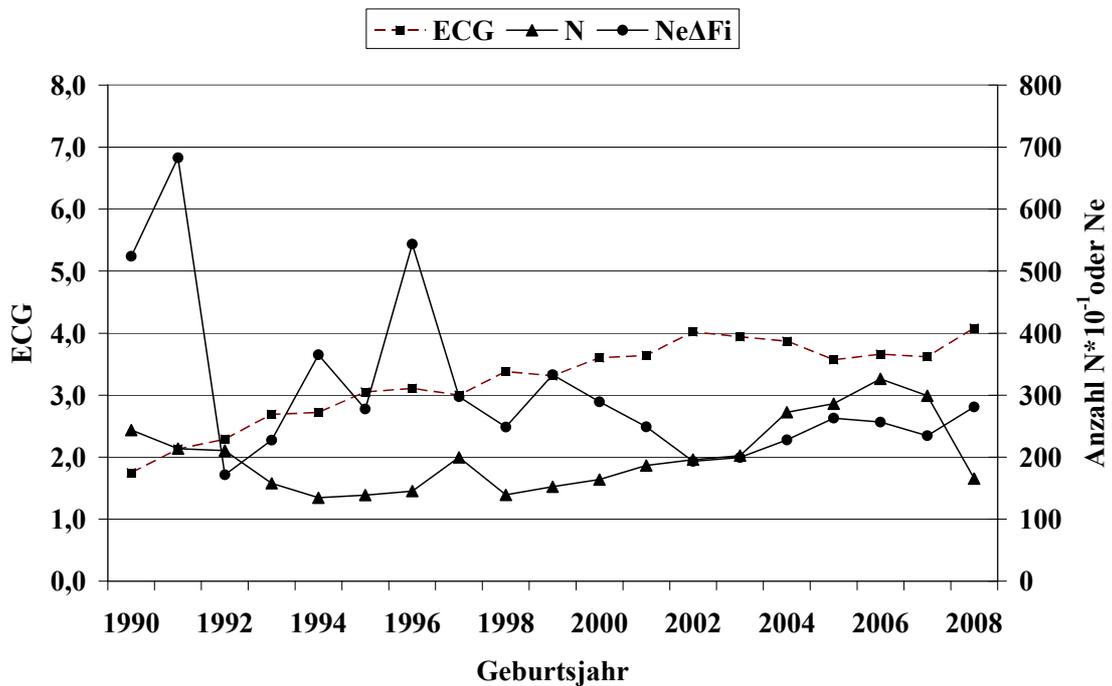


Abbildung 8: DE - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$)

Tabelle 24: DE - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen

Referenzpopulation: ECG >2 und Geburtsjahr >	N	$Ne_{\Delta F_i}$	SD, $Ne_{\Delta F_i}$	Ne_{Reg_ECG}
1999	18267	282,7	51,40	97,4
2001	15055	277,7	49,97	99,0
2003	11281	304,2	51,59	100,0
2005	6564	318,6	56,07	94,0

Tabelle 25: DE - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log-Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsjahr

Referenzpopulation	N	Regressionsmodell	
		Ne_{Reg_Geb}	Ne_{LogReg_Geb}
> 2003	13492	1299,9	1518,5
Alle	51885	4914,8	4754,2

Tabelle 26: DE - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation $t-1$ nach t ($Ne_{F_{t,t-1}}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen

Vollständige Generationen	N	F, %	R, %	$Ne_{F_{t,t-1}}$
0	12640	0	0,05	
1	14273	0,09	0,13	526,6
2	14802	0,33	0,30	215,2
3	8443	0,86	0,38	93,9
4	1689	2,06	0,47	41,0

Das Deutsche Edelschwein ist mit insgesamt 51885 Daten im nennenswerten Umfang in den Verbänden bzw. Rechenstellen LfL Bayern, Verbund SZV Baden-Württemberg, Mitteldeutscher SZV und Mecklenburg-Vorpommern vertreten. In den Geburtsjahren 1990 bis 2007 konnten pro Jahr zwischen 1400 und 3200 Daten ausgewertet werden (Tabelle 23).

Die Anzahl rückverfolgbare äquivalent kompletter Generationen (ECG) und maximaler Generationen (MG) liegt im gesamten Datensatz bei durchschnittlich 2,58 bzw. 6,47 Generationen (Tabelle 18). In aktuellen Jahren ist ein ECG zwischen 3,57 (2005) und 4,08 (2008) Generationen zu beobachten (Tabelle 23, Abbildung 8). Die Pedigree-Vollständigkeit liegt zwischen den Jahren 1998/99 bis 2008/09 in der 1. Generation, mit Ausnahme des Jahres 2004/05 (92%), über 96% und in der 2. Generation zwischen 79% und 92%. Das Generationsintervall wird im gesamten Datensatz auf 2,2 und im Referenzdatensatz (Geburtsjahr >2003) auf 2,3 Jahre geschätzt (Tabelle 20). Ursache für den im Vergleich zum gesamten Datensatz leichten Anstieg im GI in der Referenzpopulation ist insbesondere eine Verlängerung im Selektionspfad Vater : Sohn und Mutter : Sohn von 0,2 bzw. 0,3 Jahren (Tabelle 21)

Die N_e , berechnet nach der Formel von HILL (1979) (N_{eHILL}), schwankt in den drei jüngsten Generationen zwischen 297 und 163 Tieren. Auffällig ist der vergleichsweise niedrige Wert in der Generation 2005/06 mit 163 Tieren. Die N_e , berechnet mit Hilfe der individuellen Inzuchtsteigerung ($N_{e\Delta Fi}$), liegt mit Werten zwischen 228 und 281 Tieren in den Jahren 2004 bis 2008 im Vergleich zu N_{eHILL} auf einem ähnlichen Niveau; ein besonders niedriger Wert in den Jahren 2007/08 ist im Gegensatz zur Anwendung der Methode N_{eHILL} jedoch nicht festzustellen. Der Verlauf der durchschnittlichen Inzuchtgrade ist zwischen den Jahren 2002 und 2005 leicht negativ und ab dem Jahr 2005 relativ stabil bei 0,5 % (Abbildung 7, Tabelle 23).

Bei Betrachtung der Referenzpopulationen mit Tieren aus den unterschiedlichen Geburtsjahren >2003 oder >2005 und einer ECG von mindestens 2 Generationen berechnet sich eine $N_{e\Delta Fi}$ von 304 bzw. 319 Tieren. Die regressive Berechnung der N_e mit Hilfe der Anzahl ECG erreicht mit 100 bzw. 94 Tieren in den beiden genannten Referenzdatensätzen deutlich geringere Werte (Tabelle 24).

Eine Interpretation der N_e , berechnet mit Hilfe einer Regression auf das Geburtsjahr ist aufgrund des flachen bzw. zum Teil negativen Kurvenverlaufs der Inzuchtentwicklung für den gesamten Datensatz und den Referenzdatensatz nicht sinnvoll.

Betrachtet man die durchschnittliche Inzuchtentwicklung in Abhängigkeit der verfügbaren und vollständigen Generationen (Tabelle 26), so ist zunächst von Generation 0 auf 1 eine schwache Inzuchtsteigerung zu beobachten. Aufgrund der heterogenen Zusammensetzung der Tiere der beiden CG 0 und 1 (Basistiere, immigrierte Tiere) ist eine Interpretation dieser Werte kaum möglich. Nach der 1. Generation ist ein Inzuchtzuwachs je CG zwischen 0,2 und 1,2% zu beobachten. Bei Berücksichtigung dieser Inzuchtsteigerungen ergeben sich im Vergleich zu den übrigen N_e -Schätzungen vergleichsweise niedrige $N_{eFt,t-1}$ zwischen 41 bis 215 Tieren.

6.1.3 Rasse: Angler/Deutsches Sattelschwein (AS, 03)

Tabelle 27: AS - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation

Organisation	N (nach Korrektur 0, I)	N (nach Korrektur 0-III)
LfL Bayern	105	1897
HSZV Nord/Ost	1336	
Mitteldeutscher SZV	142	

Tabelle 28: AS - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG)

N	F, %	R, %	ECG	CG	MG
1897	1,31	1,67	2,85	1,57	5,89

Tabelle 29: AS - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983)

Generation	Geburtsjahr						alle
	1998/99	2000/01	2002/03	2004/05	2006/07	2008/09	
N	118	156	123	122	174	38	1897
1	0,84	0,84	0,90	0,95	0,93	0,91	0,75
2	0,77	0,73	0,73	0,75	0,83	0,82	0,60
3	0,64	0,65	0,62	0,61	0,73	0,73	0,47
4	0,54	0,54	0,57	0,43	0,62	0,51	0,35
5	0,43	0,45	0,45	0,37	0,46	0,37	0,25
6	0,30	0,36	0,37	0,27	0,36	0,22	0,18

Tabelle 30: AS - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	117	2,28	1,27	0,117
Vater : Tochter	252	2,11	1,03	0,065
Mutter : Sohn	129	2,61	1,45	0,127
Mutter : Tochter	254	2,50	1,31	0,082
Total	752	2,35	1,26	0,046
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	202	2,26	1,30	0,092
Vater : Tochter	704	2,15	1,04	0,039
Mutter : Sohn	213	2,53	1,42	0,097
Mutter : Tochter	745	2,51	1,42	0,052
Total	1864	2,35	1,29	0,030

Tabelle 31: AS - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	29	2,12	1,04	0,194
Vater : Tochter	45	1,72	0,87	0,162
Mutter : Sohn	32	2,40	1,13	0,210
Mutter : Tochter	43	2,41	1,33	0,247
Total	149	2,14	1,13	0,093
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	70	2,02	1,04	0,125
Vater : Tochter	196	1,93	0,91	0,108
Mutter : Sohn	74	2,40	1,19	0,143
Mutter : Tochter	199	2,53	1,55	0,186
Total	539	2,23	1,26	0,054

Tabelle 32: AS - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen

Generation	Väter	Nachkommen je Vater	Mütter	Nachkommen je Mutter	N_{eHILL}
1999- 2000	14	3,00	16	2,25	23,1
2000- 2001	13	3,31	26	1,92	29,4
2001- 2002	13	2,15	26	1,77	34,7
2002- 2003	19	2,11	19	1,84	44,3
2003- 2004	16	2,56	17	2,12	38,0
2004- 2005	14	2,21	14	1,64	37,3
2005- 2006	12	1,75	10	1,50	29,9

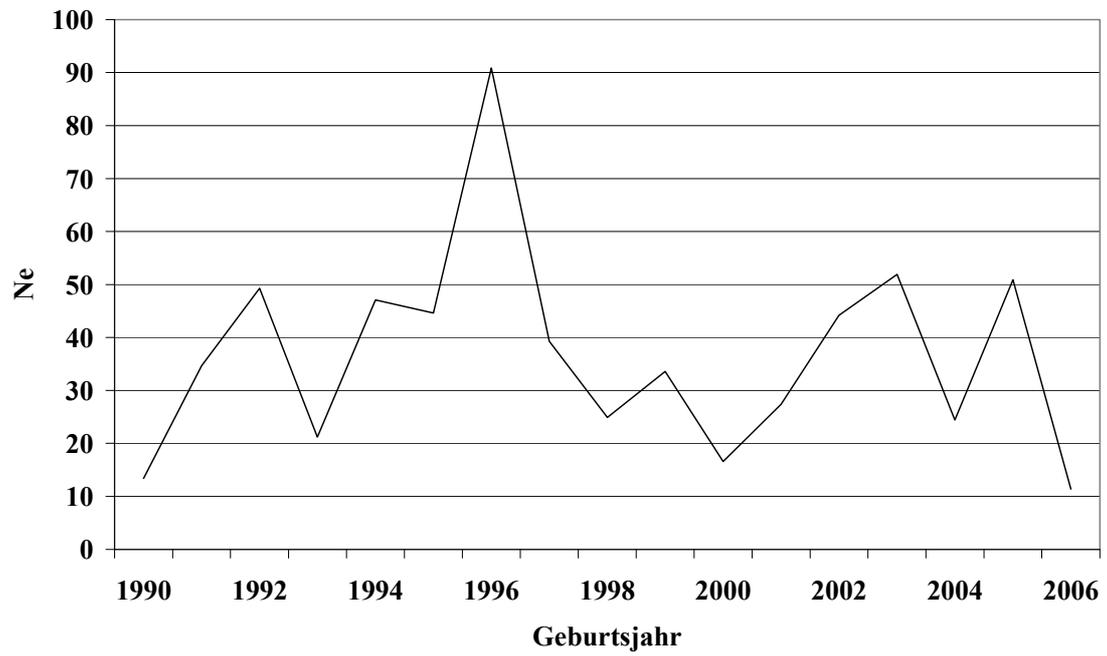


Abbildung 9: AS - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren

Tabelle 33: AS - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr

Geburtsjahr	N	F, %	R, %	ECG	$Ne_{\Delta F_i}$
1990	26	0,48	1,10	2,34	138,9
1991	75	0,98	1,76	2,64	83,6
1992	72	1,48	1,69	2,81	61,2
1993	43	0,84	2,59	3,17	129,3
1994	71	1,97	2,96	4,21	80,8
1995	57	0,74	2,71	3,86	192
1996	108	2,15	2,95	4,24	74,8
1997	84	1,51	2,47	3,73	90,0
1998	67	2,83	2,45	4,02	52,8
1999	51	0,86	2,22	3,63	152,7
2000	66	1,72	1,80	3,24	64,8
2001	90	3,55	2,73	4,65	50,7
2002	45	1,64	2,15	4,05	92,4
2003	78	2,22	2,36	4,54	79,0
2004	45	4,46	1,96	4,24	35,7
2005	77	1,28	1,70	3,79	108,7
2006	97	2,22	1,94	4,52	78,6
2007	77	2,21	2,01	5,02	90,3
2008	38	2,2	1,41	4,08	69,5

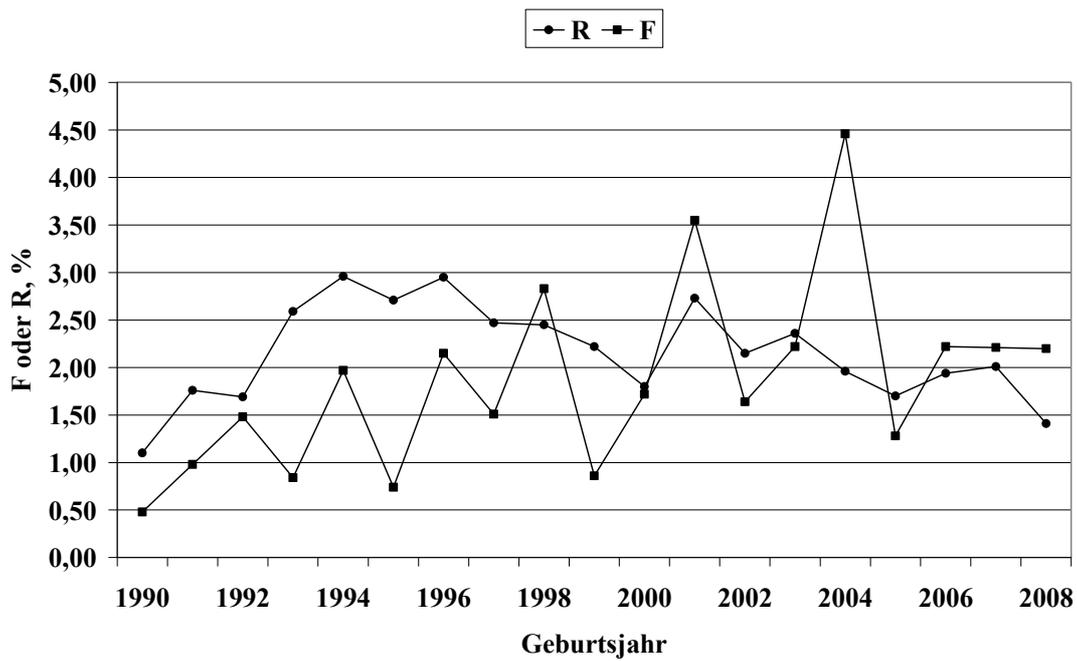


Abbildung 10: AS - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr

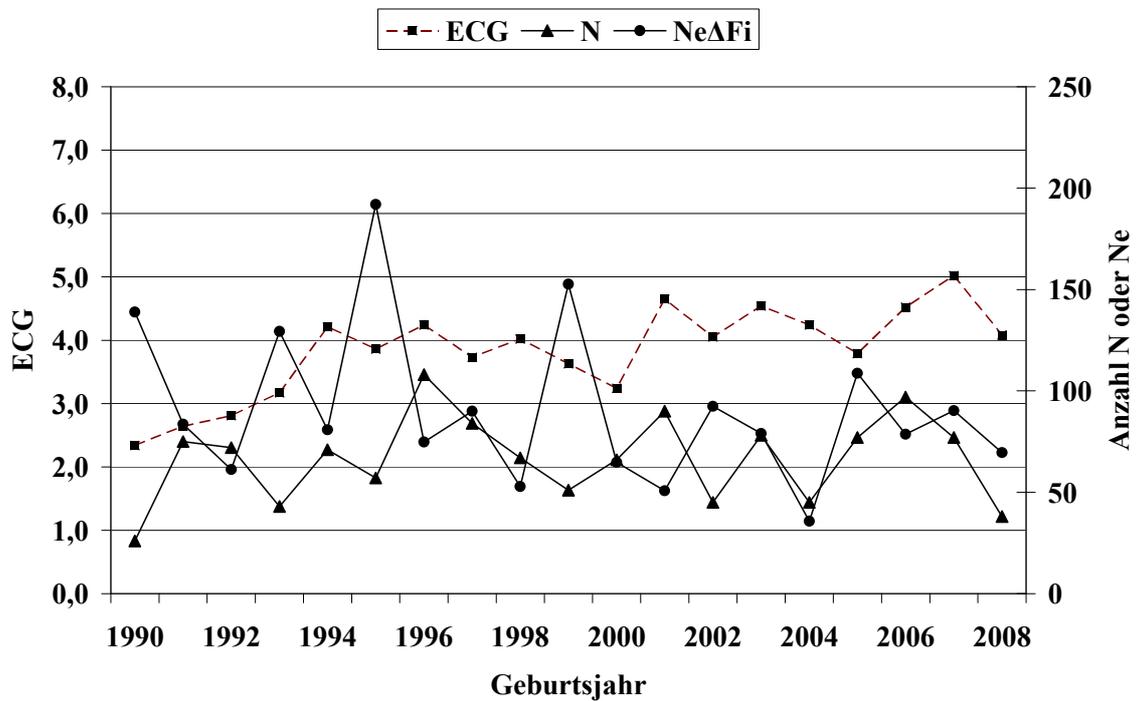


Abbildung 11: AS - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$)

Tabelle 34: AS - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen

Referenzpopulation: ECG >2 und Geburtsjahr >	N	$Ne_{\Delta F_i}$	SD, $Ne_{\Delta F_i}$	Ne_{Reg_ECG}
1999	493	73,0	20,59	47,4
2001	368	78,1	23,38	50,4
2003	273	73,4	24,23	50,1
2005	187	75,8	27,39	61,8

Tabelle 35: AS - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log - Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum

Referenzpopulation	N	Regressionsmodell	
		Ne_{Reg_Geb}	Ne_{LogReg_Geb}
> 2003	334	-131,5	-99,1
Alle	1897	1071,8	1020,8

Tabelle 36: AS - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation $t-1$ nach t ($Ne_{F_t,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen

Vollständige Generationen (CG)	N	F, %	R, %	$Ne_{F_t,t-1}$
0	514	0	0,37	
1	446	0,15	1,13	341
2	425	1,68	2,18	32,5
3	377	3,02	2,96	36,8
4	125	3,90	3,18	54,9

Das Angler Sattelschwein ist überwiegend mit 1336 Tieren im Mitteldeutschen SZV und in geringem Umfang in LfL Bayern sowie in Mecklenburg-Vorpommern (MV) vertreten. Die Anzahl rückverfolgbarer äquivalent kompletter Generationen (ECG) und maximaler Generationen (MG) liegt im gesamten Datensatz bei durchschnittlich 2,85 bzw. 5,89 Generationen (Tabelle 28). In aktuellen Jahren (>2006) ist ein ECG zwischen 4,08 (2008) und 5,02 (2007) Generationen zu beobachten (Tabelle 33, Abbildung 11).

Die Pedigree-Vollständigkeit der 1. und 2. Generation überschreitet in den Jahren 2006/07 sowie 2008/09 die 90% bzw. 80% Grenze. Das Generationsintervall liegt im gesamten Datensatz bei 2,35 Jahren und im Referenzdatensatz (Geburtsdatum >2003) bei 2,14 Jahren (Tabelle 31).

Die N_e , berechnet nach der Formel von HILL (1979) (N_{eHILL}), schwankt in den drei jüngsten Generationen zwischen 38 und 30 Tieren, mit abnehmender zeitlicher Tendenz.

Die N_e , berechnet mit Hilfe der individuellen Inzuchtsteigerung ($N_{e\Delta Fi}$) liegt mit Werten zwischen 70 bis 109 Tieren in den Jahren 2003 bis 2008 deutlich höher. Eine Ausnahme bildet das Jahr 2004 mit einer $N_{e\Delta Fi}$ von nur 36 Tieren. Verantwortlich hierfür ist eine vergleichsweise hohe durchschnittliche Inzucht von 4,5% (Tabelle 33, Abbildung 10). Bei Betrachtung der Referenzpopulationen mit Tieren aus den unterschiedlichen Geburtsjahren >2003 oder >2005 und einer ECG von mindestens 2 Generationen berechnet sich eine $N_{e\Delta Fi}$ von 73 bzw. 76 Tieren. Die regressive Berechnung der N_e mit Hilfe der Anzahl ECG erreicht mit 50 bzw. 62 Tieren in den beiden genannten Referenzdatensätzen etwas geringere Werte (Tabelle 34).

Eine Interpretation der N_e , berechnet mit Hilfe einer Regression der F auf das Geburtsdatum, ist aufgrund des flachen bzw. zum Teil negativen Kurvenverlaufs der Inzuchtentwicklung nicht sinnvoll.

Betrachtet man die durchschnittliche Inzuchtentwicklung in Abhängigkeit der verfügbaren vollständigen Generationen (Tabelle 36), so ist zunächst von Generation 0 auf 1 eine schwache Inzuchtsteigerung zu beobachten. Aufgrund der heterogenen Zusammensetzung der Tiere der beiden CG 0 und 1 (Basistiere, immigrierte Tiere) ist eine Interpretation dieser Werte kaum möglich. Ab der 1. Generation ist ein Inzuchtzuwachs je CG zwischen 0,9 und 1,5% zu beobachten. Mit Hilfe der durchschnittlichen Inzuchtgrade in den CG 3 und 4 berechnet sich ein $N_{e_{F_{t,t-1}}}$ von 37 bzw. 55 Tieren.

6.1.4 Rasse: Piétrain (Pi, 05)

Tabelle 37: Pi - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation

Organisation	N (nach Korrektur 0, I)	N (nach Korrektur 0-III)
LfL Bayern	38414	105339
ZV Schwäbisch Hällisch	8	
VS Hessen	981	
Verbund SZV Baden-Württemberg	57301	
HSZV Nord/Ost	16346	
Mitteldeutscher SZV	685	
VSR Rheinland Pfalz	1593	

Tabelle 38: Pi - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG)

N	F, %	R, %	ECG	CG	MG
105339	0,41	0,18	3,04	1,32	7,98

Tabelle 39: *Pi - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983)*

Generation	Geburtsjahr						alle
	1998/99	2000/01	2002/03	2004/05	2006/07	2008/09	
N	7635	7854	7534	8223	7360	1442	95569
1	0,91	0,90	0,89	0,85	0,89	0,92	0,82
2	0,79	0,81	0,79	0,71	0,70	0,75	0,64
3	0,65	0,69	0,70	0,62	0,58	0,62	0,48
4	0,52	0,56	0,59	0,54	0,52	0,53	0,35
5	0,39	0,44	0,48	0,45	0,45	0,48	0,25
6	0,28	0,34	0,38	0,36	0,38	0,42	0,18

Tabelle 40: *Pi - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere*

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	5393	2,30	1,13	0,015
Vater : Tochter	21904	2,46	1,17	0,008
Mutter : Sohn	6036	2,12	1,06	0,014
Mutter : Tochter	24294	2,23	1,14	0,007
Total	57627	2,31	1,15	0,005
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	19878	2,57	1,19	0,009
Vater : Tochter	51773	2,53	1,20	0,005
Mutter : Sohn	22174	2,26	1,13	0,008
Mutter : Tochter	57209	2,26	1,15	0,005
Total	151034	2,39	1,18	0,003

Tabelle 41: Pi - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	505	2,59	1,31	0,058
Vater : Tochter	2076	2,84	1,31	0,058
Mutter : Sohn	565	2,22	1,12	0,050
Mutter : Tochter	2356	2,34	1,10	0,049
Total	5502	2,54	1,23	0,017
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	5228	2,80	1,21	0,017
Vater : Tochter	7692	2,81	1,27	0,018
Mutter : Sohn	5850	2,25	1,11	0,015
Mutter : Tochter	8290	2,35	1,10	0,015
Total	27060	2,55	1,20	0,007

Tabelle 42: Pi - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen

Periode	Väter	Nachkommen je Vater	Mütter	Nachkommen je Mutter	Ne _{HILL}
1999- 2000	730	5,16	2032	1,89	326,6
2000- 2001	720	4,84	1999	1,86	411,6
2001- 2002	702	4,06	1867	1,80	594,4
2002- 2003	647	3,76	1737	1,71	615,1
2003- 2004	549	3,56	1485	1,60	604,1
2004- 2005	384	2,95	1076	1,50	612,5
2005- 2006	201	2,90	580	1,42	331,0

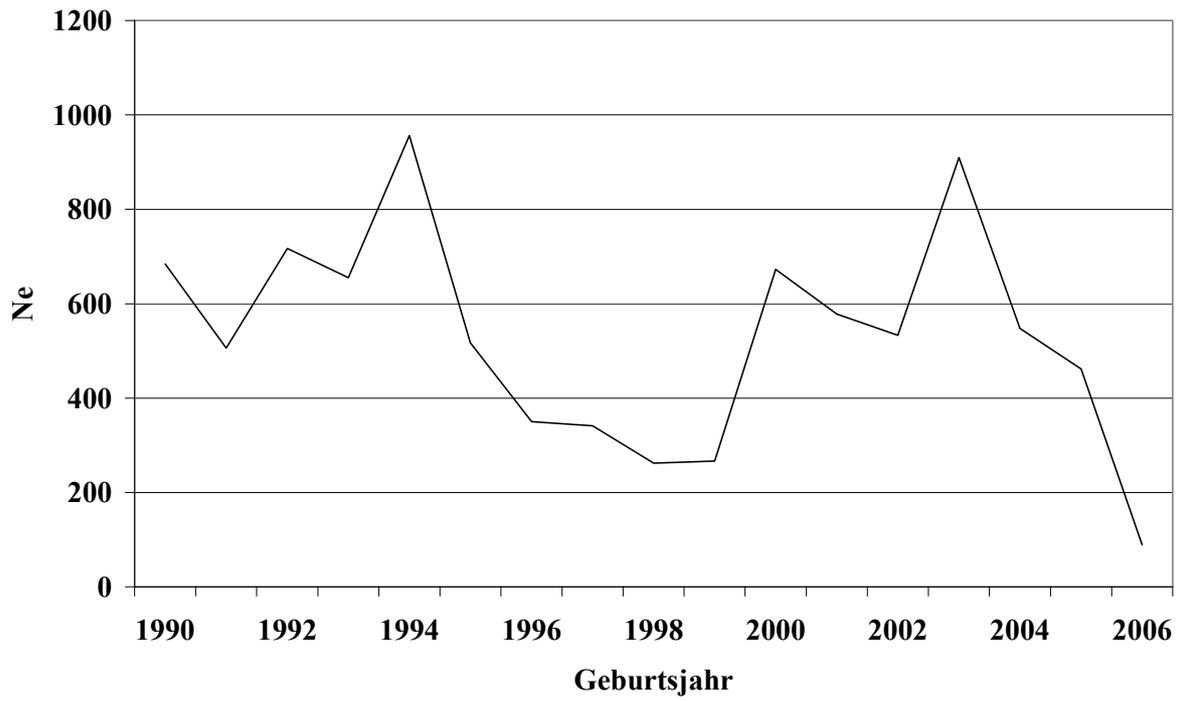


Abbildung 12: P_i - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren

Tabelle 43: P_i - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr

Geburtsjahr	N	F, %	R, %	ECG	$Ne_{\Delta F_i}$
1990	4407	0,27	0,10	2,28	240,0
1991	4122	0,24	0,13	2,54	317,0
1992	3889	0,33	0,15	2,69	255,8
1993	3650	0,33	0,18	2,97	297,6
1994	3668	0,48	0,19	3,19	226,1
1995	3769	0,49	0,20	3,33	238,4
1996	3845	0,58	0,20	3,48	211,9
1997	4089	0,50	0,22	3,61	259,1
1998	3695	0,49	0,24	3,85	293,7
1999	3940	0,51	0,26	4,03	295,9
2000	3901	0,55	0,28	4,22	293,8
2001	3953	0,66	0,30	4,51	265,0
2002	3763	0,75	0,32	4,66	245,1
2003	3771	0,71	0,31	4,59	253,8
2004	4042	0,72	0,29	4,43	237,2
2005	4181	0,70	0,27	4,38	240,7
2006	4167	0,69	0,25	4,39	243,7
2007	3193	0,87	0,29	4,83	220,1
2008	1435	0,86	0,27	4,97	229,8

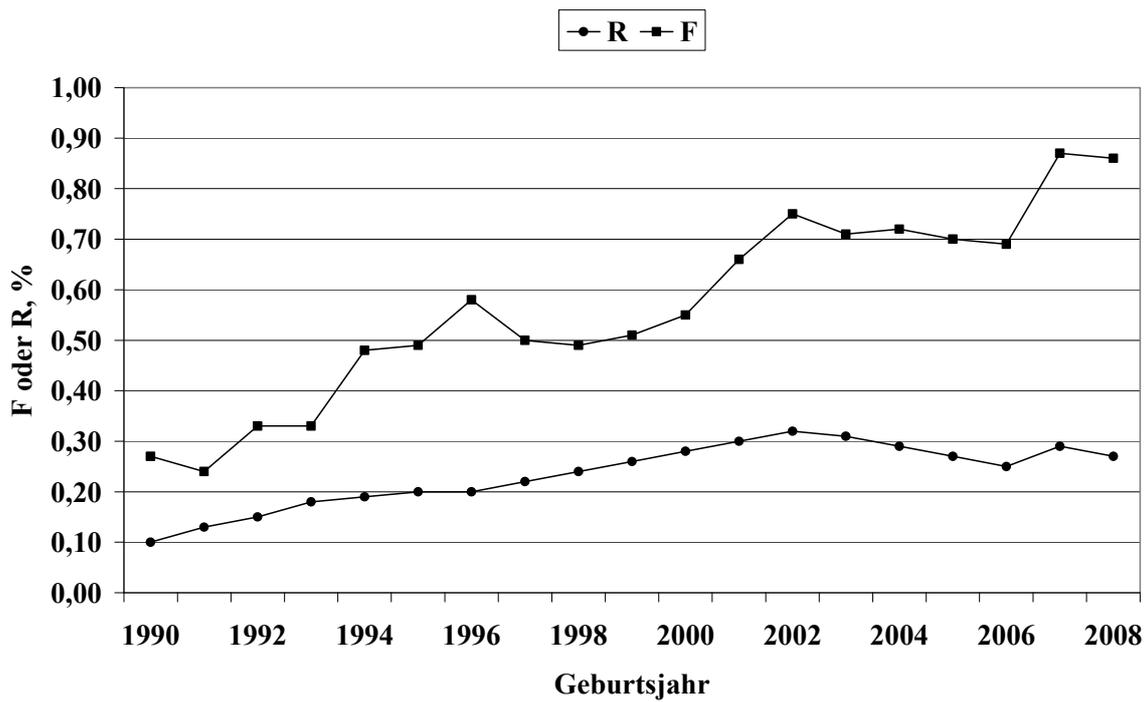


Abbildung 13: Pi - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr

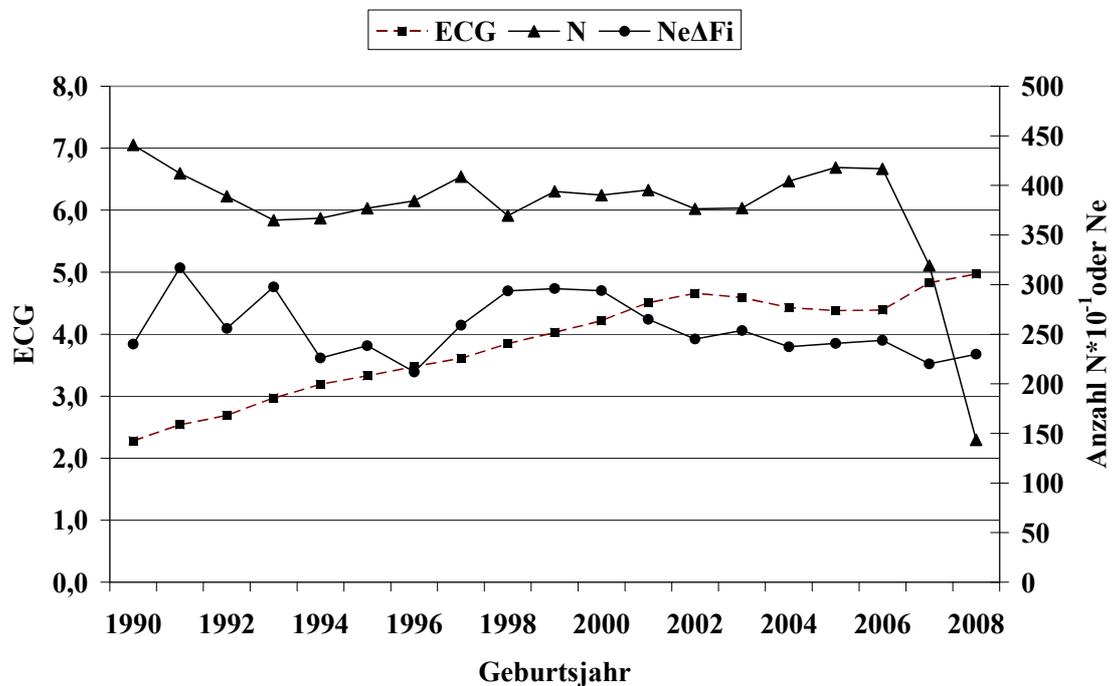


Abbildung 14: Pi - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$)

Tabelle 44: P_i - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen

Referenzpopulation: ECG >2 und Geburtsjahr >	N	$Ne_{\Delta F_i}$	SD, $Ne_{\Delta F_i}$	Ne_{Reg_ECG}
1999	26897	287,4	43,86	127,5
2001	20089	281,7	42,50	123,5
2003	13611	281,0	43,41	121,0
2005	7017	278,3	39,92	116,1

Tabelle 45: P_i - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log-Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum

Referenzpopulation	N	Regressionsmodell	
		Ne_{Reg_Geb}	Ne_{LogReg_Geb}
>2003	17025	522,4	532,0
Alle	105339	3462,9	3372,7

Tabelle 46: P_i - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation $t-1$ nach t ($Ne_{F_t,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen

Vollständige Generationen	N	F, %	R, %	$Ne_{F_t,t-1}$
0	26998	0,00	0,04	
1	35103	0,18	0,14	276,7
2	28634	0,63	0,25	112,0
3	11924	1,18	0,37	89,9
4	2493	1,76	0,44	85,1

Die Rasse Piétrain ist mit insgesamt 105339 Daten in nahezu allen Herdbuchorganisationen im nennenswerten Umfang vertreten. In den Geburtsjahren 1990 bis 2006 konnten pro Jahr zwischen 3650 und 4400 Daten ausgewertet werden (Tabelle 43). Auffällig ist die deutliche Abnahme der Herdbucheintragen in den beiden Jahren 2007 ($N=3193$) und 2008 (1435).

Die Anzahl rückverfolgbarer äquivalent kompletter Generationen (ECG) und maximaler Generationen (MG) liegt im gesamten Datensatz bei durchschnittlich 3,04 bzw. 7,98 Generationen (Tabelle 38). In aktuellen Jahren ist ein ECG zwischen 4,39 (2006) und 4,97 (2008) Generationen zu beobachten (Tabelle 43, Abbildung 14). Die Pedigree-Vollständigkeit schwankt zwischen den Jahren 1998/99 bis 2008/09 in der 1. Generation zwischen 85% und 92%, in der 2. Generation zwischen 70% und 81%. Das Generationsintervall wird im gesamten Datensatz auf 2,31 und im Referenzdatensatz (Geburtsdatum >2003) auf 2,54 Jahre geschätzt (Tabelle 41).

Die N_e , berechnet nach der Formel von HILL (1979) (N_{eHILL}), wird in den Generationen 2003/04 und 2004/05 auf 604 bzw. 613 Tiere geschätzt. In der Generation 2005/06 beträgt N_{eHILL} nur noch 331 Tiere. Die N_e , mit der Berechnungsbasis „individuelle Inzuchtsteigerung“ ($N_{e\Delta Fi}$), liegt mit Werten zwischen 220 und 254 Tieren in den Jahren 2003 bis 2008 im Vergleich zu N_{eHILL} deutlich niedriger. Die zeitliche Entwicklung dieses Parameters ist leicht abnehmend (Abbildung 14).

Bei Betrachtung der Referenzpopulationen mit Tieren aus den unterschiedlichen Geburtsjahren >2003 oder >2005 und einer ECG von mindestens 2 Generationen berechnet sich eine $N_{e\Delta Fi}$ von 281 bzw. 278 Tieren. Die regressive Berechnung der N_e mit Hilfe der Anzahl ECG erreicht mit 121 bzw. 116 Tieren in den beiden genannten Referenzdatensätzen deutlich geringere Werte (Tabelle 44). Eine Interpretation der N_e , berechnet mit Hilfe einer Regression der F auf das Geburtsdatum, ist aufgrund des flachen bzw. zum Teil negativen Kurvenverlaufs der Inzuchtentwicklung für den gesamten Datensatz und den Referenzdatensatz nicht sinnvoll.

Betrachtet man die durchschnittliche Inzuchtentwicklung in Abhängigkeit der verfügbaren und vollständigen Generationen (Tabelle 46), so ist zunächst von Generation 0 auf 1 eine schwache Inzuchtsteigerung zu beobachten. Aufgrund der heterogenen Zusammensetzung der Tiere der beiden CG 0 und 1 (Basistiere, immigrierte Tiere) ist eine Interpretation dieser Werte kaum möglich. Nach der 1. Generation ist ein Inzuchtzuwachs je CG zwischen 0,4 und 0,6% festzustellen. Bei Berücksichtigung dieser Inzuchtsteigerungen ergeben sich im Vergleich zu den übrigen N_e -Schätzungen vergleichsweise niedrige $N_{eF_{t,t-1}}$ zwischen 85 bis 112 Tieren.

6.1.5 Rasse: Belgische Landrasse (LB, 06)

Tabelle 47: LB - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation

Organisation	N (nach Korrektur 0, I)	N (nach Korrektur 0-III)
LfL Bayern	718	4241
Verbund SZV Baden-Württemberg	2720	
VSR Rheinland Pfalz	115	

Tabelle 48: LB - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG)

N	F, %	R, %	ECG	CG	MG
4241	0,32	0,66	1,78	1,10	2,87

Tabelle 49: LB - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983)

Generation	Geburtsjahr						alle
	1998/99	2000/01	2002/03	2004/05	2006/07	2008/09	
N	55	22	10				4241
1	0,88	0,93	1,00				0,72
2	0,67	0,55	0,85				0,52
3	0,53	0,37	0,51				0,30
4	0,42	0,26	0,32				0,15
5	0,30	0,15	0,14				0,07
6	0,22	0,12	0,10				0,03

*Tabelle 50: LB - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen,
a) alle Tiere*

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	139	2,49	1,31	0,111
Vater : Tochter	751	2,52	1,18	0,043
Mutter : Sohn	110	2,15	1,20	0,114
Mutter : Tochter	609	2,21	1,20	0,049
Total	1609	2,38	1,21	0,030
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	338	2,70	1,43	0,078
Vater : Tochter	1934	2,68	1,31	0,030
Mutter : Sohn	281	2,36	1,33	0,079
Mutter : Tochter	1698	2,27	1,19	0,029
Total	4251	2,50	1,29	0,020

Tabelle 51: LB - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn				
Vater : Tochter				
Mutter : Sohn				
Mutter : Tochter				
Total				
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn				
Vater : Tochter				
Mutter : Sohn				
Mutter : Tochter				
Total				

Tabelle 52: LB - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen

Periode	Väter	Nachkommen je Vater	Mütter	Nachkommen je Mutter	N_{eHILL}
1999- 2000	4	1,25	3	1,33	14,4
2000- 2001	2	1,50	2	1,5	7,6
2001- 2002					
2002- 2003					
2003- 2004					
2004- 2005					
2005- 2006					

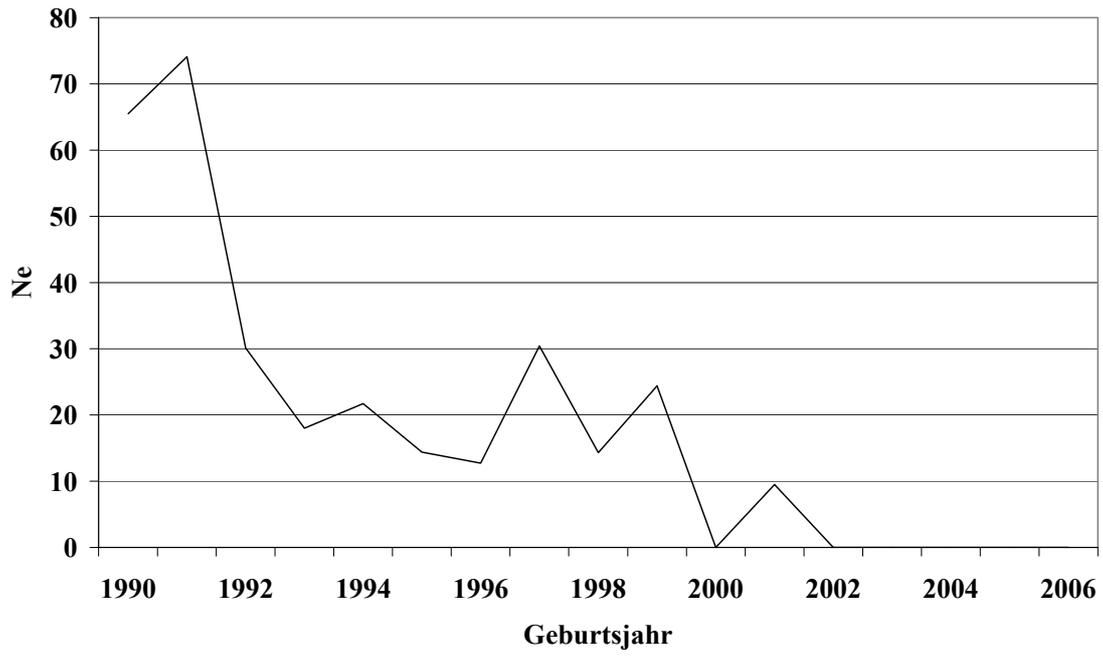


Abbildung 15: LB - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren

Tabelle 53: LB - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr

Geburtsjahr	N	F, %	R, %	ECG	$Ne_{\Delta F_i}$
1990	122	0,55	1,29	3,34	210,5
1991	118	0,90	1,13	3,32	128,3
1992	87	0,91	1,20	3,54	139,8
1993	68	0,95	0,98	3,48	130,5
1994	60	0,69	1,00	3,83	204
1995	37	1,91	1,05	4,03	79,0
1996	44	2,68	1,08	4,17	58,8
1997	44	2,25	0,85	3,66	58,8
1998	27	3,62	0,88	3,61	35,7
1999	28	1,36	0,62	2,86	68,2
2000	13	1,18	0,34	2,4	59,1
2001	9	1,47	0,44	2,71	58,0
2002	9	1,16	0,36	3,22	95,3
2003	1	0	0,11	2,00	0
2004	6	0	0,11	2,10	0
2005	2	0	0,10	2,14	0
2006					
2007					
2008					

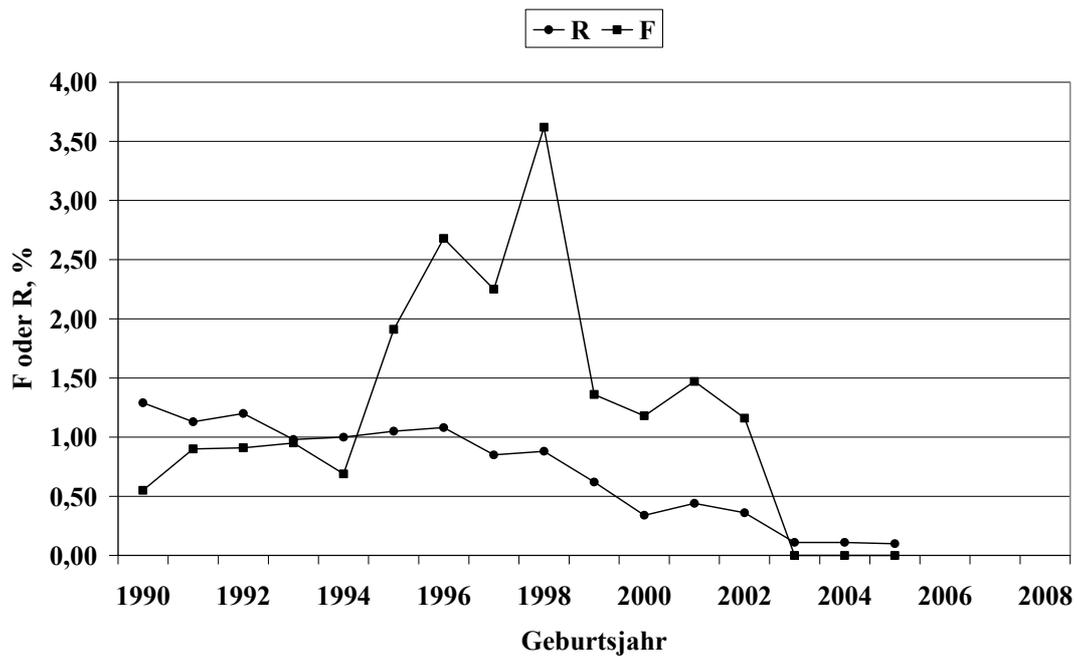


Abbildung 16: LB - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr

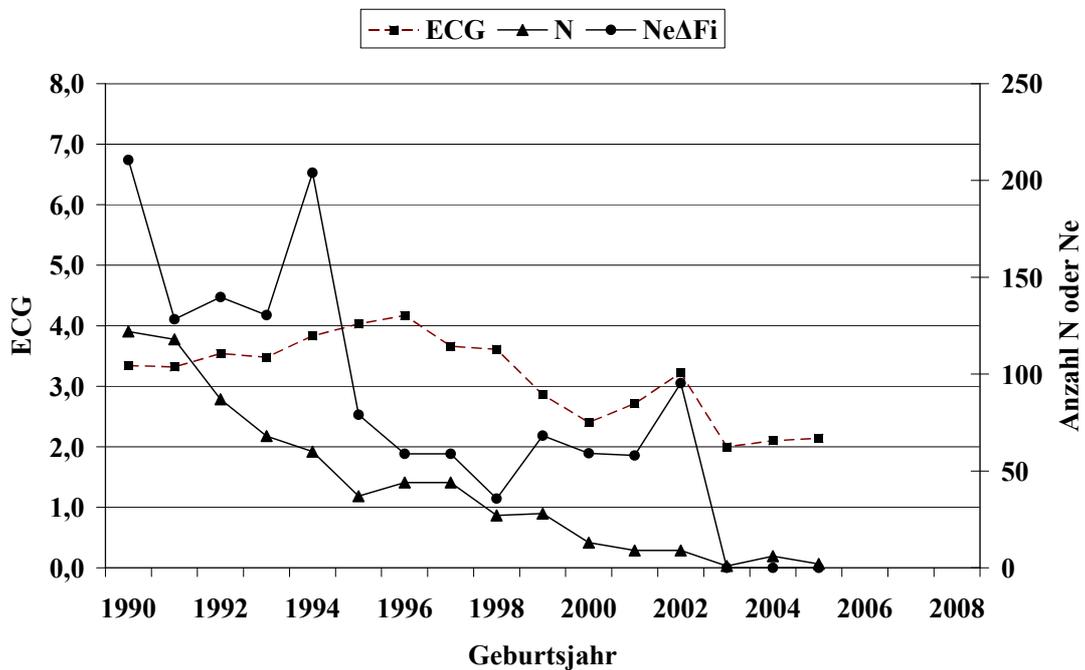


Abbildung 17: LB - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$)

Tabelle 54: LB - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen

Referenzpopulation: ECG >2 und Geburtsjahr >	N	$Ne_{\Delta F_i}$	SD, $Ne_{\Delta F_i}$	Ne_{Reg_ECG}
1999	24	95,2	16,23	36,0
2001	15	123,5	25,36	121,9
2003				
2005				

Tabelle 55: LB - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log-Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum

Referenzpopulation	N	Regressionsmodell	
		Ne_{Reg_Geb}	Ne_{LogReg_Geb}
>2003			
Alle	4241	3512,3	3348,8

Tabelle 56: LB - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation $t-1$ nach t ($Ne_{F,t,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen

Vollständige Generationen	N	F, %	R, %	$Ne_{F,t,t-1}$
0	1442	0	0,14	
1	1340	0,04	0,65	1128,4
2	1118	0,45	1,08	124,4
3	284	1,97	1,43	32,7
4	57	3,96	1,69	24,5

Eine züchterische Bearbeitung der Belgischen Landrasse innerhalb der Herdbuchzucht erfolgte nur bis zum Jahr 2005; auf eine Beschreibung und Interpretation der Populationsstruktur und Ne-Schätzergebnisse wurde verzichtet.

6.1.6 Rasse: Duroc (Du, 07)

Tabelle 57: Du - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation

Organisation	N (nach Korrektur 0, I)	N (nach Korrektur 0-III)
LfL Bayern	309	3217
VS Hessen	25	
Verbund SZV Baden-Württemberg	781	
HSZV Nord/Ost	1912	
Mitteldeutscher SZV	138	

Tabelle 58: Du - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG)

N	F, %	R, %	ECG	CG	MG
3217	0,72	0,43	1,47	0,87	2,64

Tabelle 59: Du - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983)

Generation	Geburtsjahr						3217
	1998/99	2000/01	2002/03	2004/05	2006/07	2008/09	
N	183	182	190	261	276	81	1965
1	0,88	0,84	0,85	0,84	0,91	0,92	0,63
2	0,58	0,59	0,65	0,63	0,57	0,67	0,39
3	0,36	0,43	0,46	0,39	0,40	0,38	0,24
4	0,17	0,13	0,35	0,22	0,28	0,26	0,13
5	0,11	0,04	0,11	0,12	0,18	0,17	0,06
6	0,04	0,02	0,01	0,03	0,08	0,10	0,02

Tabelle 60: Du - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	117	2,04	0,88	0,081
Vater : Tochter	188	2,08	0,87	0,063
Mutter : Sohn	79	2,17	0,83	0,094
Mutter : Tochter	182	2,15	0,91	0,067
Total	566	2,11	0,88	0,037
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	420	2,02	0,87	0,043
Vater : Tochter	731	2,21	0,92	0,034
Mutter : Sohn	291	2,07	0,88	0,051
Mutter : Tochter	737	2,18	0,88	0,032
Total	2179	2,15	0,89	0,019

Tabelle 61: Du - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	12	2,44	0,82	0,238
Vater : Tochter	42	2,05	0,85	0,246
Mutter : Sohn	18	2,53	0,85	0,246
Mutter : Tochter	39	2,23	0,88	0,255
Total	111	2,23	0,87	0,082
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	105	2,12	0,82	0,080
Vater : Tochter	268	2,38	1,00	0,098
Mutter : Sohn	111	2,03	0,87	0,085
Mutter : Tochter	282	2,23	0,90	0,088
Total	766	2,24	0,93	0,034

Tabelle 62: Du - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen

Periode	Väter	Nachkommen je Vater	Mütter	Nachkommen je Mutter	N_{eHILL}
1999- 2000	16	2,13	24	1,54	54,9
2000- 2001	16	2,25	25	1,76	48,7
2001- 2002	15	2,13	19	2,05	40,8
2002- 2003	14	2,00	18	1,56	43,8
2003- 2004	11	1,73	15	1,40	37,9
2004- 2005	8	1,75	10	1,30	27,6
2005- 2006	4	2,00	5	1,00	11,8

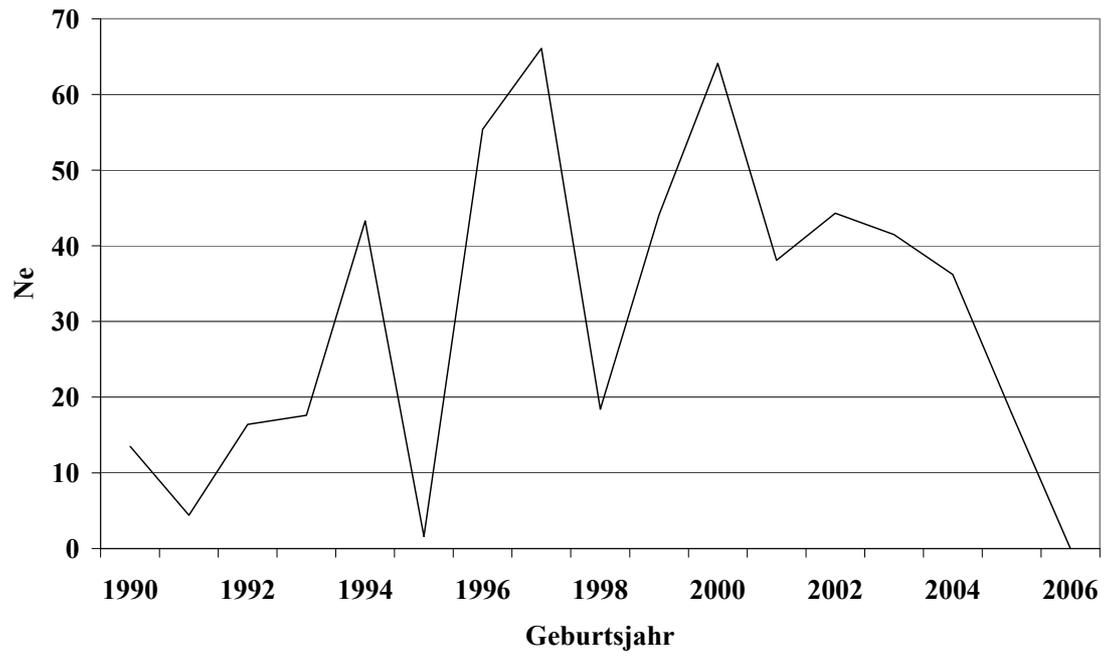


Abbildung 18: Du - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren

Tabelle 63: Du - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr

Geburtsjahr	N	F, %	R, %	ECG	$Ne_{\Delta F_i}$
1990	31	0,40	0,25	1,78	96,9
1991	34	1,66	0,28	2,04	31,2
1992	39	1,62	0,28	1,99	30,6
1993	69	0,39	0,28	1,88	114,0
1994	64	0,01	0,50	2,45	5957,4 ^{a)}
1995	74	2,36	0,47	2,74	36,5
1996	68	0,91	0,46	2,14	62,4
1997	168	0,08	0,60	1,72	457,5
1998	64	0,02	0,51	2,23	3368,0 ^{a)}
1999	119	1,80	0,63	2,13	31,5
2000	114	1,19	0,84	2,08	45,2
2001	68	0,64	0,83	2,01	78,3
2002	99	1,58	0,86	2,18	37,4
2003	91	1,17	1,06	2,72	73,4
2004	113	2,40	0,87	2,46	30,2
2005	148	1,40	0,70	2,09	38,9
2006	133	3,54	1,10	2,92	26,9
2007	143	0,80	0,46	1,96	60,0
2008	81	1,38	0,61	2,54	55,6

^{a)}Nicht in Abbildung 20 enthalten

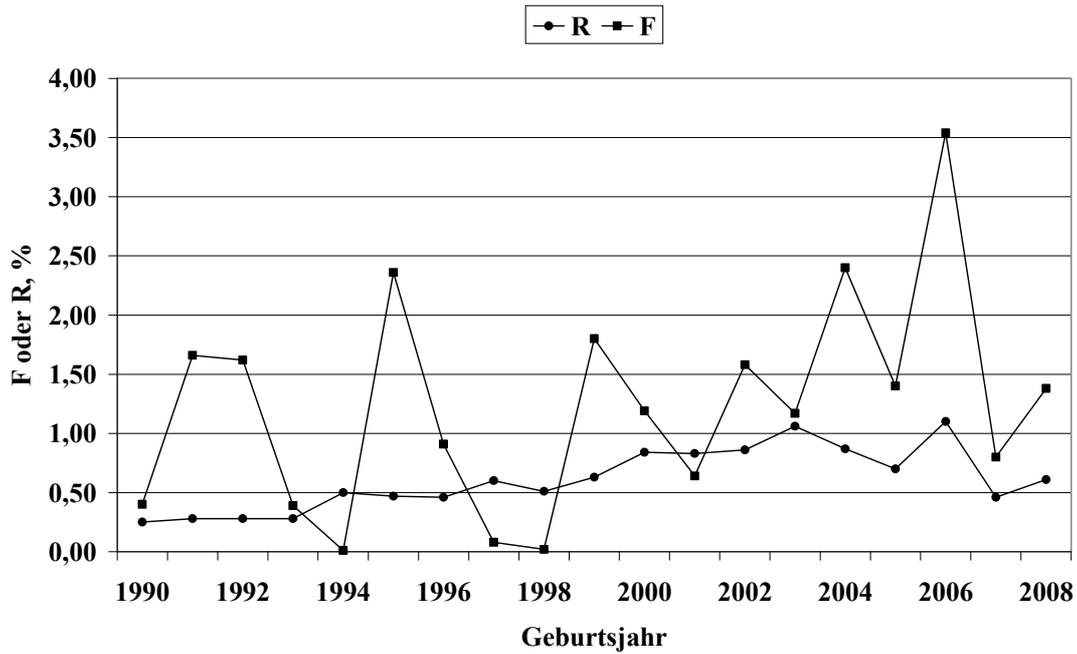


Abbildung 19: Du - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr

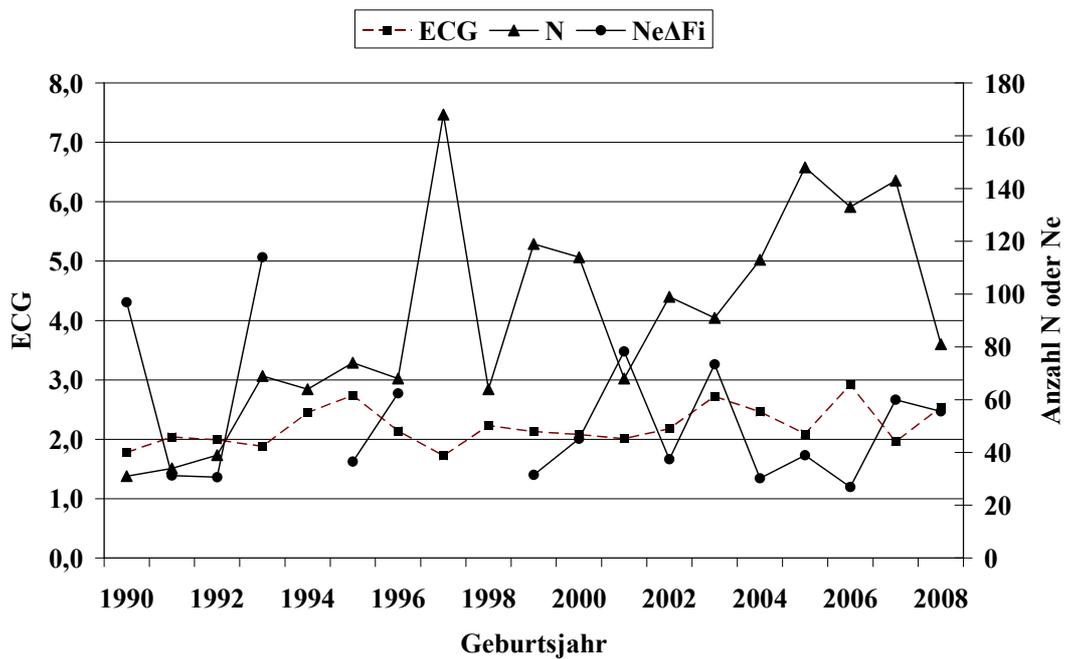


Abbildung 20: Du - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$)

Tabelle 64: Du - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔFi ($Ne_{\Delta Fi}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen

Referenzpopulation: ECG >2 und Geburtsjahr >	N	$Ne_{\Delta Fi}$	SD, $Ne_{\Delta Fi}$	Ne_{Reg_ECG}
1999	577	48,9	13,09	18,6
2001	464	47,8	13,06	17,7
2003	337	43,9	11,45	17,0
2005	182	45,7	8,94	18,0

Tabelle 65: Du - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log-Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsjahr

Referenzpopulation	N	Regressionsmodell	
		Ne_{Reg_Geb}	Ne_{LogReg_Geb}
>2003	1405	0	0,15
Alle	1072	0,38	0,39

Tabelle 66: Du - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation $t-1$ nach t ($Ne_{Ft,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen

Vollständige Generationen	N	F, %	R, %	$Ne_{Ft,t-1}$
0	1405	0	0,15	
1	1072	0,38	0,39	132,2
2	513	1,37	0,84	50,2
3	195	4,52	1,35	15,6
4	32	10,28	1,64	8,2

Die Rasse Duroc ist mit insgesamt 3217 Daten in 5 Daten liefernden Herdbuchorganisationen vertreten. In den Geburtsjahren 1995 bis 2006 konnten pro Jahr zwischen 64 und 168 Daten ausgewertet werden (Tabelle 63).

Die Anzahl rückverfolgbare äquivalent kompletter Generationen (ECG) und maximaler Generationen (MG) liegt im gesamten Datensatz bei durchschnittlich 1,47 bzw. 2,64 Generationen (Tabelle 58) auf einem niedrigeren Niveau. Auch in den aktuellen Jahren ist ein ECG zwischen 2,92 (2006) und 1,96 (2007) Generationen zu beobachten (Tabelle 63, Abbildung 20). Diese geringe Anzahl rückverfolgbare Generationen macht deutlich, dass eine systematische züchterische Bearbeitung der Rasse Duroc in Deutschland bisher kaum erfolgt ist.

Die Pedigree-Vollständigkeit schwankt zwischen den Jahren 1998/99 bis 2008/09 in der 1. Generation zwischen 84% und 92%. In der 2. Generation sinken diese Werte auf 57% bzw. 67%. Das Generationsintervall wird im gesamten Datensatz auf 2,11 und im Referenzdatensatz (Geburtsdatum >2003) auf 2,23 Jahre geschätzt (Tabelle 61).

Die N_e , berechnet nach der Formel von HILL (1979) (N_{eHILL}), wird in den Generationen 2004/05 und 2005/06 auf 27,6 bzw. 11,8 Tiere geschätzt. Die N_e mit der Berechnungsbasis „individuelle Inzuchtsteigerung“ ($N_{e\Delta Fi}$) liegt mit Werten zwischen 73 und 27 Tieren in den Jahren 2003 bis 2008 im Vergleich zu N_{eHILL} erkennbar höher (Tabelle 62).

Bei Betrachtung der Referenzpopulationen mit Tieren aus den unterschiedlichen Geburtsjahren >2003 oder >2005 und einer ECG von mindestens 2 Generationen berechnet sich eine $N_{e\Delta Fi}$ von 44 bzw. 46 Tieren. Die regressive Berechnung der N_e mit Hilfe der Anzahl ECG erreicht mit 17 bzw. 18 Tieren in den beiden genannten Referenzdatensätzen deutlich geringere Werte (Tabelle 64).

Eine Interpretation der N_e , berechnet mit Hilfe einer Regression der F auf das Geburtsdatum, ist aufgrund des flachen bzw. zum Teil negativen Kurvenverlaufs der Inzuchtentwicklung für den gesamten Datensatz und den Referenzdatensatz nicht sinnvoll.

Betrachtet man die durchschnittliche Inzuchtentwicklung in Abhängigkeit der verfügbaren vollständigen Generationen (Tabelle 66), so ist zunächst von Generation 0 auf 1 eine schwache Inzuchtsteigerung zu beobachten. Aufgrund der heterogenen Zusammensetzung der Tiere der beiden CG 0 und 1 (Basistiere, immigrierte Tiere) ist eine Interpretation dieser Werte kaum möglich. Beim Übergang von Generation 1 auf 2 ist ein Inzuchtzuwachs von 1% festzustellen. Bei Berücksichtigung dieser Inzuchtsteigerung ergibt sich ein $N_{e_{F_{t,t-1}}}$ von 50 Tieren. Die geringe Anzahl Tiere in späteren Generationen erlaubt keine Interpretation der $N_{e_{F_{t,t-1}}}$ -Werte.

6.1.7 Rasse : Hampshire (Ha, 08)

Tabelle 67: Ha - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation

Organisation	N (nach Korrektur 0, I)	N (nach Korrektur 0-III)
LfL Bayern	46	265
Verbund SZV Baden-Württemberg	125	
Mitteldeutscher SZV	3	

Tabelle 68: Ha - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG)

N	F, %	R, %	ECG	CG	MG
265	0	1,24	0,87	0,67	1,20

Tabelle 69: Ha - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983)

Generation	Geburtsjahr						alle
	1998/99	2000/01	2002/03	2004/05	2006/07	2008/09	
N	12	12	10	4			265
1	0,17	0,58	1,00	1,00			0,52
2	0,06	0,17	0,70	1,00			0,24
3	0,06	0,07	0,13	0,56			0,08
4	0,02	0,03	0,00	0,06			0,02
5	0,01	0,02	0,00	0,00			0,01
6	0,00	0,01	0,00	0,00			0,00

Tabelle 70: Ha - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	5	2,39	1,32	0,59
Vater : Tochter	9	3,17	1,69	0,56
Mutter : Sohn	1	4,30	4,30	4,30
Mutter : Tochter	11	2,29	1,20	0,36
Total	26	2,69	1,43	0,28
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	17	3,11	1,31	0,32
Vater : Tochter	26	2,92	1,49	0,29
Mutter : Sohn	15	2,30	1,25	0,32
Mutter : Tochter	28	2,29	1,29	0,24
Total	86	2,64	1,37	0,15

Tabelle 71: Ha - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn				
Vater : Tochter				
Mutter : Sohn				
Mutter : Tochter				
Total				
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn				
Vater : Tochter				
Mutter : Sohn				
Mutter : Tochter				
Total				

Tabelle 72: Ha - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen

Periode	Väter	Nachkommen je Vater	Mütter	Nachkommen je Mutter	N_{eHILL}
1999- 2000					
2000- 2001					
2001- 2002					
2002- 2003					
2003- 2004					
2004- 2005					
2005- 2006					

Keine Daten

Tabelle 73: Ha - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr

Geburtsjahr	N	F, %	R, %	ECG	$Ne_{\Delta F_i}$
1990	11	0,00	2,31	2,36	0,0
1991	9	0,00	1,97	2,15	0,0
1992	6	0,00	2,40	2,65	0,0
1993	5	0,00	1,76	1,63	0,0
1994	2	0,00	1,38	2,28	0,0
1995	2	0,20	2,15	3,08	531,7 ^{a)}
1996	1	0,00	1,36	1,34	0,0
1997	2	0,00	1,55	2,13	0,0
1998	1	0,00	2,02	2,84	0,0
1999		0,00	2,10		
2000	1			3,45	0,0
2001					
2002		0,00	1,78		
2003	6	0,00	1,70	2,21	0,0
2004	1	0,00	1,84	2,00	0,0
2005	3	0,00	2,31	2,83	0,0
2006					
2007					
2008					

^{a)} Nicht in Abbildung 21 und Abbildung 22 enthalten

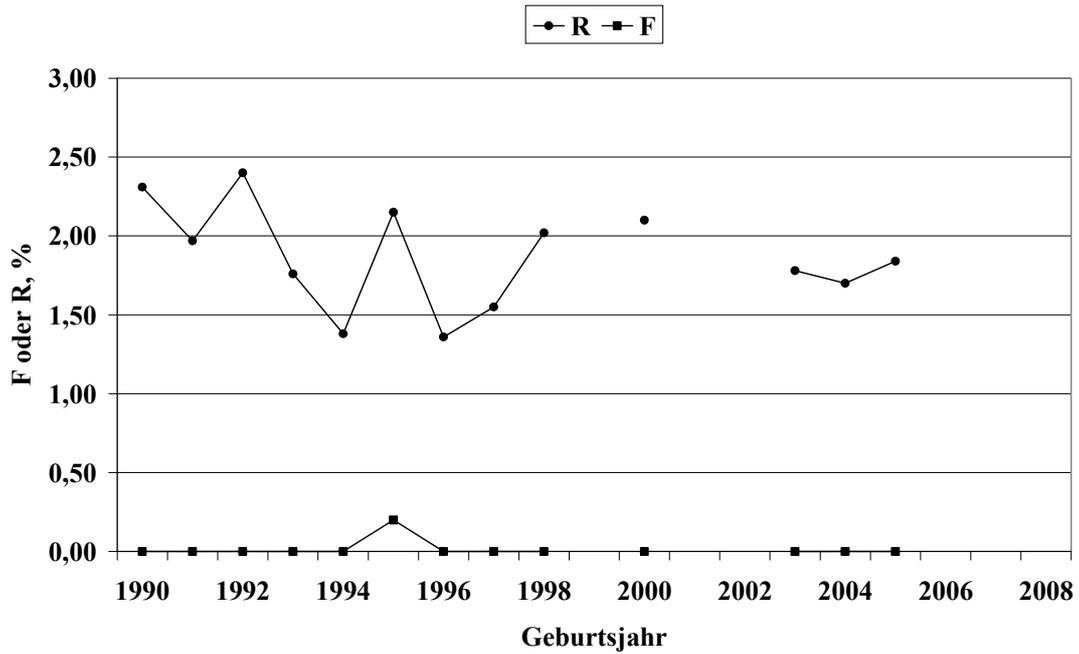


Abbildung 21: *Ha* - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr

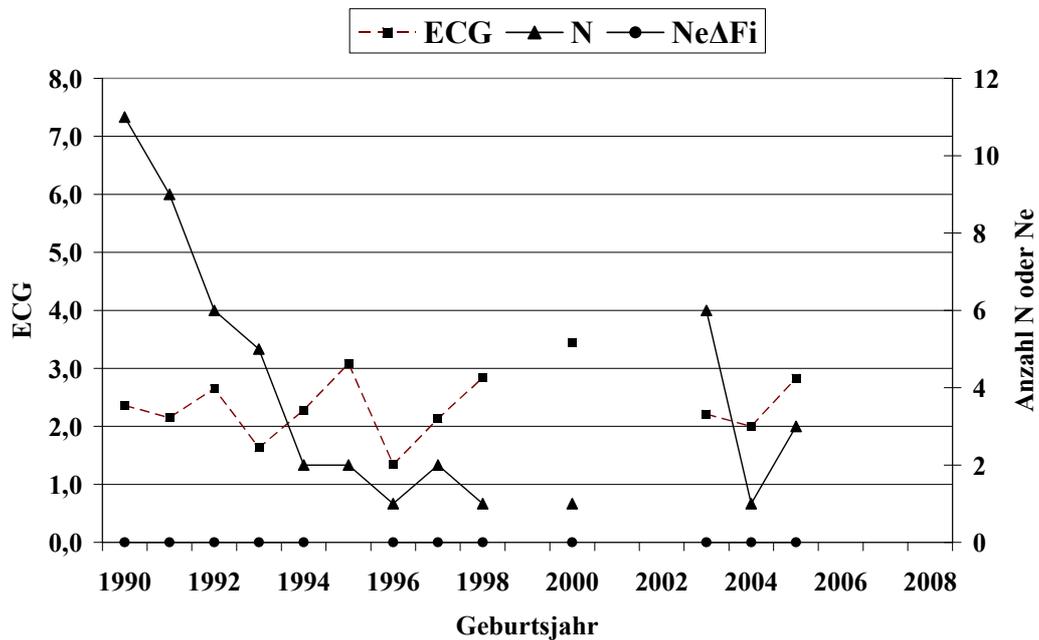


Abbildung 22: *Ha* - Anzahl Beobachtungen (*N*), äquivalent komplette Generationen (*ECG*) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔFi (*Ne* ΔFi)

Tabelle 74: Ha - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔFi ($Ne_{\Delta Fi}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen

Referenzpopulation: ECG >2 und Geburtsjahr >	N	$Ne_{\Delta Fi}$	SD, $Ne_{\Delta Fi}$	Ne_{Reg_ECG}
1999				
2001				
2003				
2005				

Tabelle 75: Ha - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log-Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum

Referenzpopulation	N	Regressionsmodell	
		Ne_{Reg_Geb}	Ne_{LogReg_Geb}
>2003			
Alle			

Tabelle 76: Ha - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation $t-1$ nach t ($Ne_{Ft,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen

Vollständige Generationen	N	F, %	R, %	$Ne_{Ft,t-1}$
0				
1				
2				
3				
4				

Ab dem Jahr 2005 gibt es in den berücksichtigten Herdbuchorganisationen keine Tiere der Rasse Hampshire mehr; eine Interpretation der aufgeführten, historischen Populationskennzahlen ist im Hinblick des Gefährdungsstatus somit ohne Bedeutung.

6.1.8 Rasse: Schwäbisch-Hällisches (SH, 09)

Tabelle 77: SH - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation

Organisation	N (nach Korrektur 0, I)	N (nach Korrektur 0-III)
LfL Bayern	358	2314
ZV Schwäbisch Hällisch	1620	
Verbund SZV Baden-Württemberg	1118	

Tabelle 78: SH - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG)

N	F, %	R, %	ECG	CG	MG
2314	4,07	4,63	3,68	1,71	8,93

Tabelle 79: SH - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983)

Generation	Geburtsjahr						alle
	1998/99	2000/01	2002/03	2004/05	2006/07	2008/09	
N	234	217	209	223	230	32	2038
1	0,98	0,99	0,96	0,99	0,95	0,94	0,86
2	0,76	0,88	0,91	0,95	0,95	0,94	0,73
3	0,61	0,69	0,73	0,89	0,89	0,91	0,60
4	0,55	0,59	0,55	0,73	0,78	0,79	0,47
5	0,45	0,51	0,45	0,51	0,64	0,70	0,35
6	0,32	0,40	0,37	0,40	0,46	0,57	0,25

Tabelle 80: SH - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	167	2,22	1,07	0,083
Vater : Tochter	702	2,23	1,18	0,045
Mutter : Sohn	168	2,12	1,15	0,089
Mutter : Tochter	692	2,25	1,26	0,048
Total	1729	2,23	1,20	0,029
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	236	2,19	1,05	0,068
Vater : Tochter	1563	2,18	1,14	0,029
Mutter : Sohn	241	2,11	1,13	0,073
Mutter : Tochter	1565	2,23	1,26	0,032
Total	3605	2,20	1,19	0,020

Tabelle 81: SH - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	34	1,96	1,31	0,224
Vater : Tochter	127	2,36	1,57	0,269
Mutter : Sohn	33	1,78	0,71	0,123
Mutter : Tochter	125	1,97	0,94	0,161
Total	319	2,10	1,26	0,071
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	59	1,89	1,19	0,156
Vater : Tochter	394	2,24	1,37	0,178
Mutter : Sohn	61	1,91	0,96	0,126
Mutter : Tochter	406	2,17	1,11	0,145
Total	920	2,16	1,23	0,040

Tabelle 82: SH - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen

Periode	Väter	Nachkommen je Vater	Mütter	Nachkommen je Mutter	N_{eHILL}
1999- 2000	16	6,25	40	1,73	23,4
2000- 2001	14	7,36	48	1,67	28,2
2001- 2002	21	4,67	54	1,89	28,7
2002- 2003	25	3,16	51	1,98	36,0
2003- 2004	22	3,50	45	1,76	58,0
2004- 2005	19	3,63	33	1,70	39,1
2005- 2006	7	2,00	15	1,73	22,6

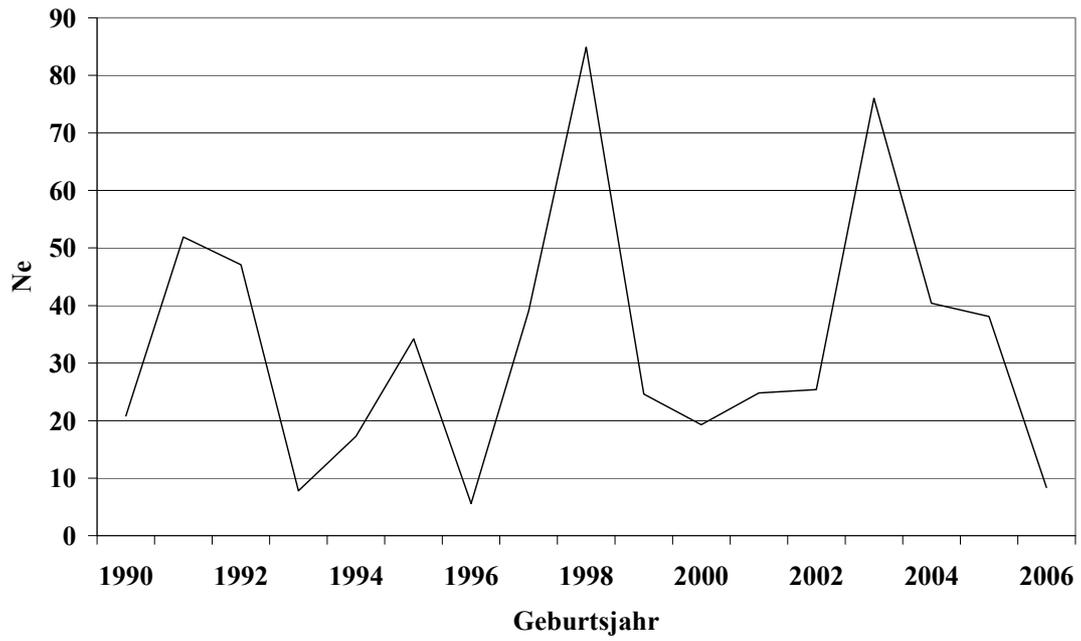


Abbildung 23: SH - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren

Tabelle 83: SH - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus $Ne_{\Delta F_i}$, getrennt nach Geburtsjahr

Geburtsjahr	N	F, %	R, %	ECG	$Ne_{\Delta F_i}$
1990	79	4,25	4,00	3,13	24,7
1991	67	2,39	3,59	2,60	33,3
1992	71	2,14	3,63	3,02	47,0
1993	79	4,12	4,40	3,60	31,1
1994	64	5,30	4,89	3,89	26,8
1995	63	3,30	5,09	3,55	38,2
1996	68	3,63	4,81	3,58	35,1
1997	106	3,80	4,85	3,80	36,4
1998	134	6,10	5,69	4,07	24,7
1999	100	3,43	5,57	4,14	45,2
2000	112	4,43	5,91	4,32	36,9
2001	105	7,10	6,61	5,07	27,9
2002	101	6,15	6,16	4,62	28,7
2003	108	4,56	5,60	4,61	38,9
2004	109	5,04	5,94	5,07	39,6
2005	114	6,57	6,02	5,68	34,7
2006	103	6,23	6,27	6,18	40,5
2007	127	4,84	4,99	5,52	45,9
2008	32	6,20	5,48	6,27	41,4

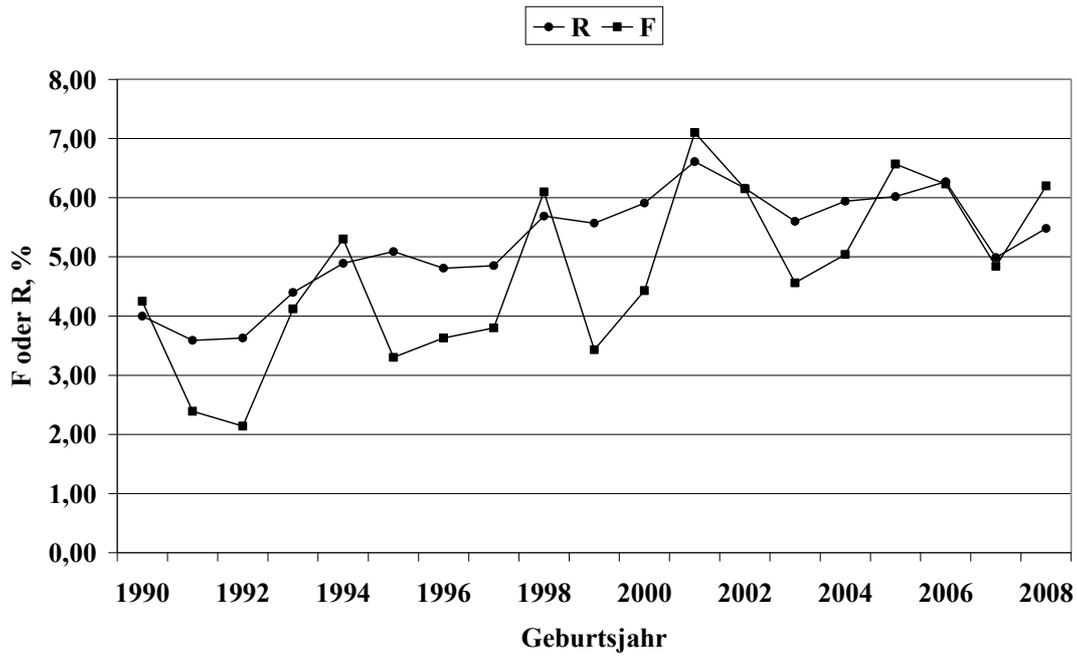


Abbildung 24: SH - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr

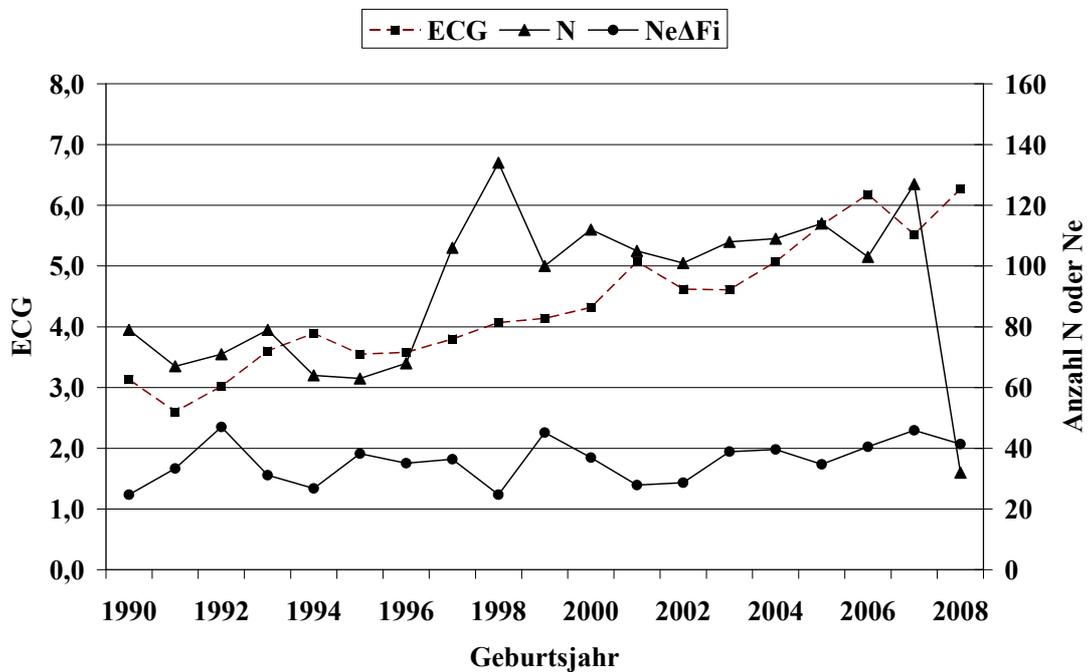


Abbildung 25: SH - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔFi ($Ne\Delta Fi$)

Tabelle 84: SH - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen

Referenzpopulation: ECG >2 und Geburtsjahr >	N	$Ne_{\Delta F_i}$	SD, $Ne_{\Delta F_i}$	Ne_{Reg_ECG}
1999	883	37,7	7,23	23,0
2001	675	40,3	6,20	21,8
2003	473	43,0	5,67	18,8
2005	257	47,9	6,69	16,2

Tabelle 85: SH - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log-Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum

Referenzpopulation	N	Regressionsmodell	
		Ne_{Reg_Geb}	Ne_{LogReg_Geb}
>2003	485	211,7	166,6
Alle	2314	425,9	417,0

Tabelle 86: SH - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation $t-1$ nach t ($Ne_{F_t,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen

Vollständige Generationen	N	F, %	R, %	$Ne_{F_t,t-1}$
0	417	0	1,21	
1	586	1,35	4,06	37
2	697	4,78	5,55	14,3
3	488	7,92	6,35	15,1
4	124	11,24	6,77	13,8

Die Rasse Schwäbisch Hällisches ist mit insgesamt 2314 Daten in drei Herdbuchorganisationen im nennenswerten Umfang vertreten. In den Geburtsjahren 1997 bis 2007 konnten pro Jahr zwischen 100 und 134 Daten ausgewertet werden (Tabelle 83). Im Jahr 2008 wurden bisher nur 32 Tiere eingetragen.

Die Anzahl rückverfolgbare äquivalent kompletter Generationen (ECG) und maximaler Generationen (MG) liegt im gesamten Datensatz mit durchschnittlich 3,68 bzw. 8,93 Generationen auf einem hohen Niveau (Tabelle 78). In aktuellen Jahren ist ein ECG zwischen 5,52 (2007) und 6,27 (2008) Generationen zu beobachten (Tabelle 83, Abbildung 25).

Die Pedigree-Vollständigkeit schwankt zwischen den Jahren 1998/99 bis 2008/09 in der 1. Generation zwischen 94% und 99% und in der 2. Generation zwischen 76% und 88%.

Das Generationsintervall wird im gesamten Datensatz auf 2,23 und im Referenzdatensatz (Geburtsdatum >2003) auf 2,10 Jahre geschätzt (Tabelle 81).

Die N_e , berechnet nach der Formel von HILL (1979) (N_{eHILL}), wird in den Generationen 2003/04 und 2004/05 auf 58 bzw. 39 Tiere geschätzt. In der Generation 2005/06 beträgt N_{eHILL} nur noch 23 Tiere. Die N_e mit der Berechnungsbasis „individuelle Inzuchtsteigerung“ ($N_{e\Delta Fi}$) liegt mit Werten zwischen 35 und 46 Tieren in den Jahren 2003 bis 2008 im Vergleich zu N_{eHILL} auf ähnlichem Niveau. Die zeitliche Entwicklung dieses Parameters ist relativ konstant (Abbildung 25).

Bei Betrachtung der Referenzpopulationen mit Tieren aus den unterschiedlichen Geburtsjahren >2003 oder >2005 und einer ECG von mindestens 2 Generationen berechnet sich eine $N_{e\Delta Fi}$ von 43 bzw. 48 Tieren. Die regressive Berechnung der N_e mit Hilfe der Anzahl ECG erreicht mit 19 bzw. 16 Tieren in den beiden genannten Referenzdatensätzen deutlich geringere Werte (Tabelle 84). Eine Interpretation der N_e , berechnet mit Hilfe einer Regression der F auf das Geburtsdatum, ist aufgrund des flachen bzw. zum Teil negativen Kurvenverlaufs der Inzuchtentwicklung für den gesamten Datensatz und den Referenzdatensatz nicht sinnvoll.

Betrachtet man die durchschnittliche Inzuchtentwicklung in Abhängigkeit der verfügbaren vollständigen Generationen (Tabelle 86), so ist zunächst von Generation 0 auf 1 eine Inzuchtsteigerung von 1,35% zu beobachten. Aufgrund der heterogenen Zusammensetzung der Tiere der beiden CG 0 und 1 (Basistiere, immigrierte Tiere) ist eine Interpretation dieser Werte kaum möglich. Nach der 1. Generation ist ein Inzuchtzuwachs je CG zwischen 3,1 und 3,4% festzustellen. Bei Berücksichtigung dieser Inzuchtsteigerungen ergeben sich im Vergleich zu den übrigen N_e Schätzungen vergleichsweise niedrige $N_{eF_{t,t-1}}$ zwischen 14 bis 15 Tieren.

6.1.9 Rasse: Leicoma (Lc, 10)

Tabelle 87: Lc - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation

Organisation	N (nach Korrektur 0, I)	N (nach Korrektur 0-III)
Verbund SZV Baden-Württemberg	268	1287
Mitteldeutscher SZV	591	

Tabelle 88: Lc - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG)

N	F, %	R, %	ECG	CG	MG
1287	0,07	0,81	1,07	0,83	1,30

Tabelle 89: Lc - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983)

Generation	Geburtsjahr						alle
	1998/99	2000/01	2002/03	2004/05	2006/07	2008/09	
N	2	47	234	414	474	77	1287
1		0,02	0,12	0,67	0,96	1,00	0,66
2				0,18	0,53	0,62	0,29
3					0,21	0,31	0,10
4					0,03	0,10	0,02
5							
6							

Tabelle 90: Lc - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	16	1,94	0,76	0,19
Vater : Tochter	76	1,73	0,64	0,07
Mutter : Sohn	9	1,55	0,70	0,23
Mutter : Tochter	76	1,87	0,87	0,10
Total	177	1,80	0,76	0,06
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	36	1,78	0,65	0,11
Vater : Tochter	289	2,19	0,90	0,05
Mutter : Sohn	33	1,77	0,83	0,14
Mutter : Tochter	397	1,77	0,79	0,04
Total	755	1,93	0,85	0,03

Tabelle 91: Lc - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	15	1,93	0,78	0,20
Vater : Tochter	76	1,73	0,64	0,16
Mutter : Sohn	9	1,55	0,70	0,18
Mutter : Tochter	76	1,87	0,87	0,23
Total	176	1,79	0,76	0,06
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	34	1,79	0,66	0,11
Vater : Tochter	288	2,19	0,90	0,16
Mutter : Sohn	32	1,78	0,84	0,14
Mutter : Tochter	397	1,77	0,79	0,14
Total	751	1,93	0,85	0,03

Tabelle 92: Lc - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen

Periode	Väter	Nachkommen je Vater	Mütter	Nachkommen je Mutter	N_{eHILL}
1999- 2000					
2000- 2001					
2001- 2002					
2002- 2003	4	9,25	12	2,50	8,8
2003- 2004	13	5,08	13	1,77	8,4
2004- 2005	19	2,84	30	1,73	42,9
2005- 2006	10	2,50	22	1,77	31,0

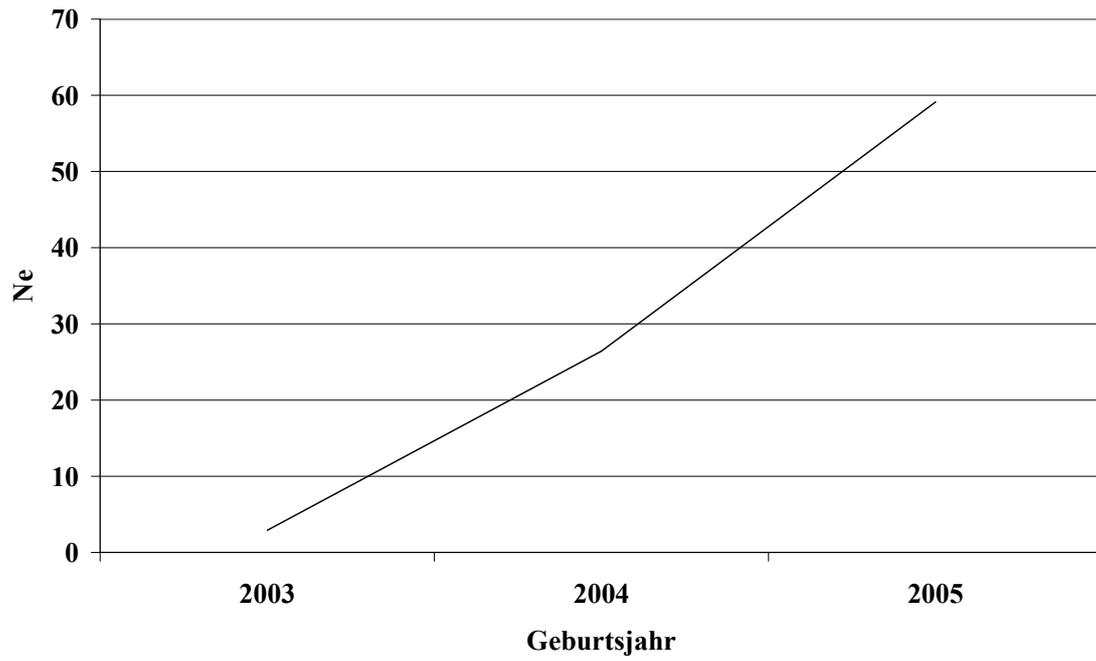


Abbildung 26: N_e - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren

Tabelle 93: Lc - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus $Ne_{\Delta F_i}$, getrennt nach Geburtsjahr

Geburtsjahr	N	F, %	R, %	ECG	$Ne_{\Delta F_i}$
1990					
1991					
1992					
1993					
1994					
1995					
1996					
1997					
1998					
1999					
2000					
2001	1	0	0,48	1	0
2002	10	0	0,55	1	0
2003	18	0	0,76	0,97	0
2004	87	0	1,1	1,15	0
2005	192	0	0,99	1,32	0
2006	241	0,16	1,26	1,62	198,4
2007	217	0,23	1,15	1,98	213,1
2008	77	0,08	1,02	2,03	637,5

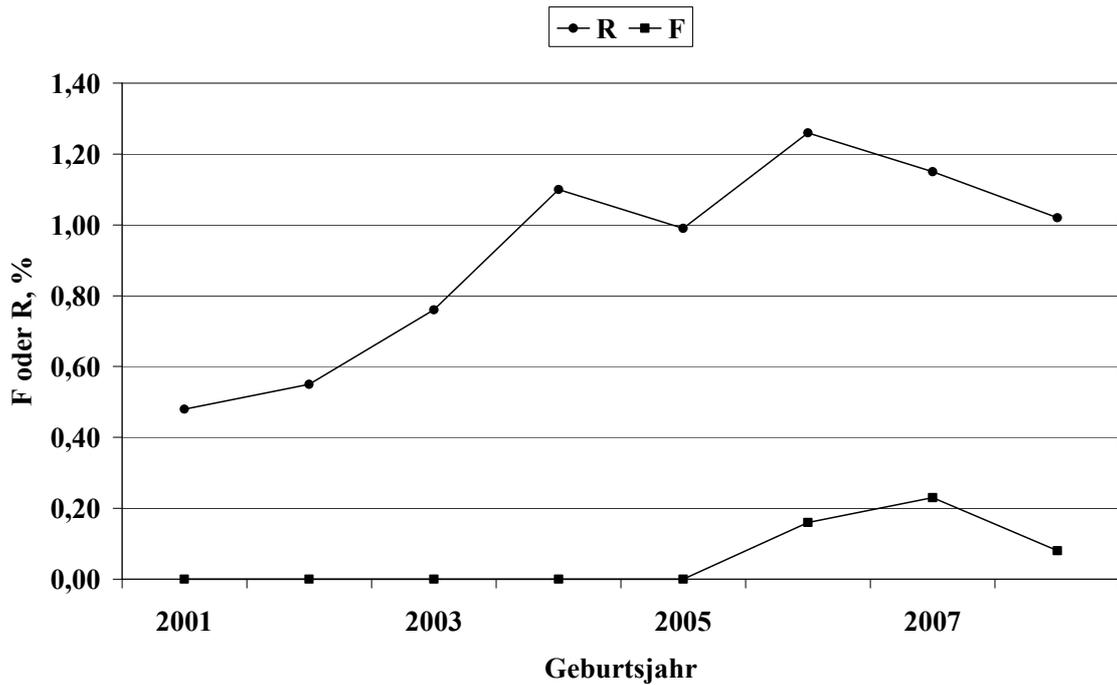


Abbildung 27: LC - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr

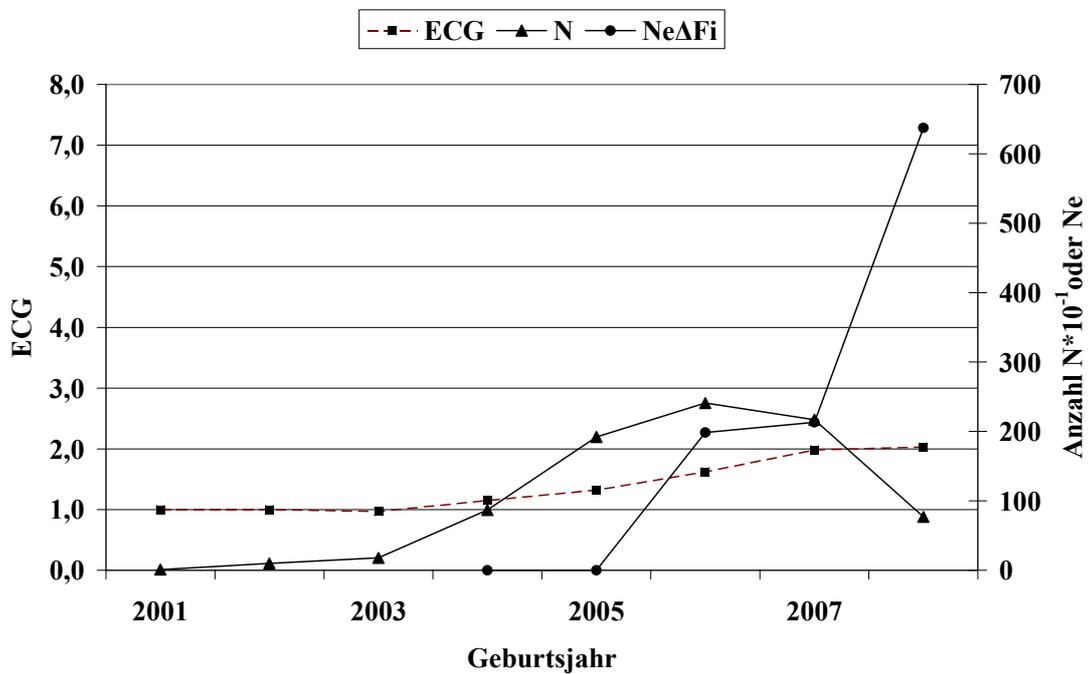


Abbildung 28: Lc - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔFi ($Ne\Delta Fi$)

Tabelle 94: L_c - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen

Referenzpopulation: ECG >2 und Geburtsjahr >	N	$Ne_{\Delta F_i}$	SD, $Ne_{\Delta F_i}$	Ne_{Reg_ECG}
1999				
2001				
2003	252	228,3	99,6	84,4
2005	210	190,3	82,9	90,7

Tabelle 95: L_c - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log-Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum

Referenzpopulation	N	Regressionsmodell	
		Ne_{Reg_Geb}	Ne_{LogReg_Geb}
>2003	814	555,5	559,6
Alle	1287	26278,8	24773,6

Tabelle 96: L_c - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation $t-1$ nach t ($Ne_{Ft,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen

Vollständige Generationen	N	F, %	R, %	$Ne_{Ft,t-1}$
0	440	0,00	0,24	
1	597	0,00	0,95	
2	216	0,25	1,49	203,2
3	34	1,19	1,42	52,5
4				

Die Rasse Leicoma ist mit insgesamt 1287 Daten seit dem Jahr 2002 in zwei Herdbuchorganisationen (Verbund SZV Baden-Württemberg und Mitteldeutscher SZV) vertreten. In den Geburtsjahren 2005 bis 2008 konnten pro Jahr zwischen 87 und 241 Daten ausgewertet werden (Tabelle 93).

Die Anzahl rückverfolgbarer äquivalent kompletter Generationen (ECG) und maximaler Generationen (MG) liegt im gesamten Datensatz bei durchschnittlich 1,07 bzw. 1,30 Generationen (Tabelle 88). In aktuellen Jahren ist ein ECG zwischen 1,32 (2006) und 1,98 (2008) Generationen zu beobachten (Tabelle 93, Abbildung 28). Die geringe Anzahl eingetragener Jahrgänge ist verantwortlich für diese geringe Anzahl rückverfolgbarer Generationen. Die Pedigree-Vollständigkeit ist nur ab dem Jahr 2006 mit mehr als 2 Generationen interpretationsfähig. Sie schwankt in der 1. Generation zwischen 96% und 100%, in der 2. Generation zwischen 53% und 62%. Das Generationsintervall wird im gesamten Datensatz und im Referenzdatensatz (Geburtsdatum >2003) auf 1,8 Jahre geschätzt (Tabelle 91).

Die N_e , berechnet nach der Formel von HILL (1979) (N_{eHILL}), wird in den Generationen 2004/05 und 2005/06 auf 43 bzw. 31 Tiere geschätzt. Die N_e mit der Berechnungsbasis „individuelle Inzuchtsteigerung“ ($N_{e\Delta Fi}$) liegt mit Werten zwischen 198 und 213 Tieren in den Jahren 2007 und 2008 im Vergleich zu N_{eHILL} deutlich höher. Bei der Interpretation dieses Wertes ist die niedrige Anzahl ECGs zu beachten. Bei Betrachtung der Referenzpopulationen mit Tieren aus den unterschiedlichen Geburtsjahren >2003 oder >2005 und einer ECG von mindestens 2 Generationen berechnet sich eine $N_{e\Delta Fi}$ von 228 bzw. 190 Tieren. Die regressive Berechnung der N_e mit Hilfe der Anzahl ECG erreicht mit 84 bzw. 91 Tieren in den beiden genannten Referenzdatensätzen deutlich geringere Werte (Tabelle 94).

Eine Interpretation der N_e , berechnet mit Hilfe einer Regression der F auf das Geburtsdatum, ist aufgrund des flachen bzw. zum Teil negativen Kurvenverlaufs der Inzuchtentwicklung für den gesamten Datensatz und den Referenzdatensatz nicht sinnvoll.

Betrachtet man die durchschnittliche Inzuchtentwicklung in Abhängigkeit der verfügbaren vollständigen Generationen (Tabelle 96), so ist zunächst von Generation 0 auf 1 keine Inzuchtsteigerung zu beobachten. Aufgrund der heterogenen Zusammensetzung der Tiere der beiden CG 0 und 1 (Basistiere, immigrierte Tiere) ist eine Interpretation dieser Werte kaum möglich. Beim Übergang von Generation 1 nach 2 sowie 2 nach 3 ist ein Inzuchtzuwachs je CG von 0,3 bzw. 0,9% festzustellen. Bei Berücksichtigung dieser Inzuchtsteigerungen ergeben sich im Vergleich zu den übrigen N_e -Schätzungen $N_{eF_{t,t-1}}$ von 203 und 53 Tieren.

6.1.10 Rasse: Rotbunte Husumer (RH, 15)

Tabelle 97: RH - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation

Organisation	N (nach Korrektur 0, I)	N (nach Korrektur 0-III)
HSZV Nord/Ost	306	290

Tabelle 98: RH - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG)

N	F, %	R, %	ECG	CG	MG
290	2,69	5,53	1,53	0,75	2,93

Tabelle 99: RH - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983)

Generation	Geburtsjahr						alle
	1998/99	2000/01	2002/03	2004/05	2006/07	2008/09	
N	22	25	18	52	44	20	290
1	0,43	0,72	0,75	0,76	0,95	1,00	0,64
2	0,26	0,38	0,51	0,65	0,63	0,86	0,40
3	0,07	0,14	0,27	0,51	0,52	0,69	0,26
4	0,00	0,01	0,07	0,27	0,38	0,57	0,15
5	0,00	0,00	0,02	0,06	0,19	0,35	0,06
6	0,00	0,00	0,00	0,01	0,06	0,16	0,02

Tabelle 100: RH - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	20	3,19	1,96	0,44
Vater : Tochter	37	3,42	2,15	0,35
Mutter : Sohn	20	3,36	1,62	0,36
Mutter : Tochter	32	3,51	1,79	0,32
Total	109	3,39	1,90	0,18
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	39	3,28	2,64	0,42
Vater : Tochter	106	3,57	2,43	0,24
Mutter : Sohn	43	2,90	1,48	0,23
Mutter : Tochter	96	3,32	1,60	0,16
Total	284	3,34	2,09	0,12

Tabelle 101: RH - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	11	3,12	2,31	0,70
Vater : Tochter	24	2,96	2,09	0,63
Mutter : Sohn	13	3,72	1,83	0,55
Mutter : Tochter	20	3,14	1,90	0,57
Total	68	3,18	2,00	0,24
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	26	3,57	3,02	0,59
Vater : Tochter	62	3,69	2,76	0,54
Mutter : Sohn	33	2,86	1,55	0,30
Mutter : Tochter	65	3,15	1,59	0,31
Total	186	3,34	2,27	0,17

Tabelle 102: RH - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen

Periode	Väter	Nachkommen je Vater	Mütter	Nachkommen je Mutter	N_{eHILL}
1999- 2000	6	2,50	4	2,25	8,1
2000- 2001	4	2,75	7	1,86	8,9
2001- 2002	3	5,00	8	2,38	2,7
2002- 2003	2	9,50	6	2,33	2,1
2003- 2004	3	7,00	5	2,20	2,1
2004- 2005	6	2,33	11	1,09	23,1
2005- 2006	6	1,50	11	1,09	31,4

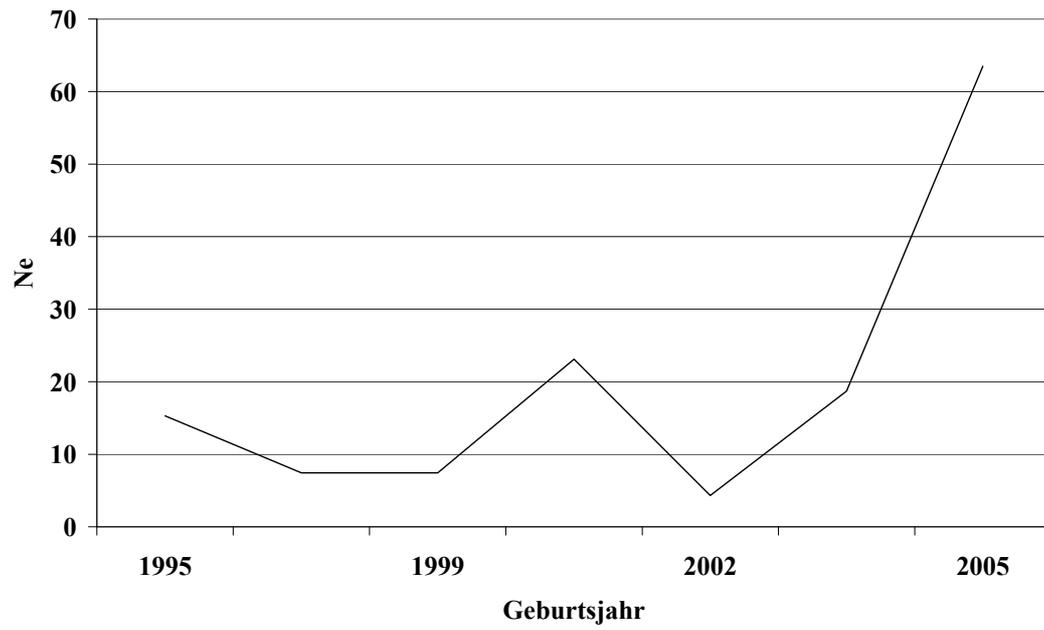


Abbildung 29: RH - Effektive Populationsgröße (Ne_{HILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren

Tabelle 103: RH - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr

Geburtsjahr	N	F, %	R, %	ECG	$Ne_{\Delta F_i}$
1990	1	0,00	5,16	1,00	
1991	1	0,00	3,53	1,00	
1992					
1993	1	0,00	2,55	0,00	
1994	2	0,00	0,97	0,50	
1995	10	0,00	5,37	0,80	
1996	28	0,45	3,64	0,81	
1997	39	0,64	1,64	0,49	
1998	11	2,27	3,66	0,73	
1999	7	7,14	6,44	1,11	1,0
2000	16	1,56	3,97	1,47	15,1
2001	5	12,50	7,01	1,55	2,3
2002	10	14,38	7,00	1,58	2,1
2003	7	12,05	7,97	1,91	3,8
2004	15	2,81	9,39	2,22	21,6
2005	35	4,46	9,27	2,41	15,7
2006	19	3,47	9,89	2,83	26,1
2007	25	1,65	6,98	2,67	50,5
2008	20	2,30	8,66	3,69	57,9

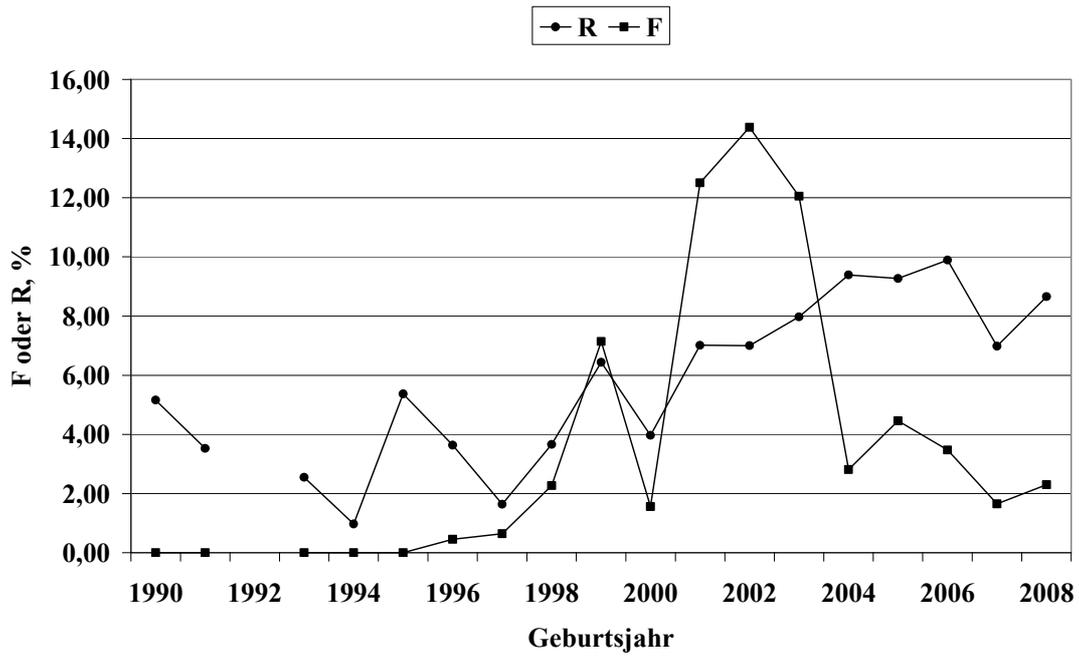


Abbildung 30: RH - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr

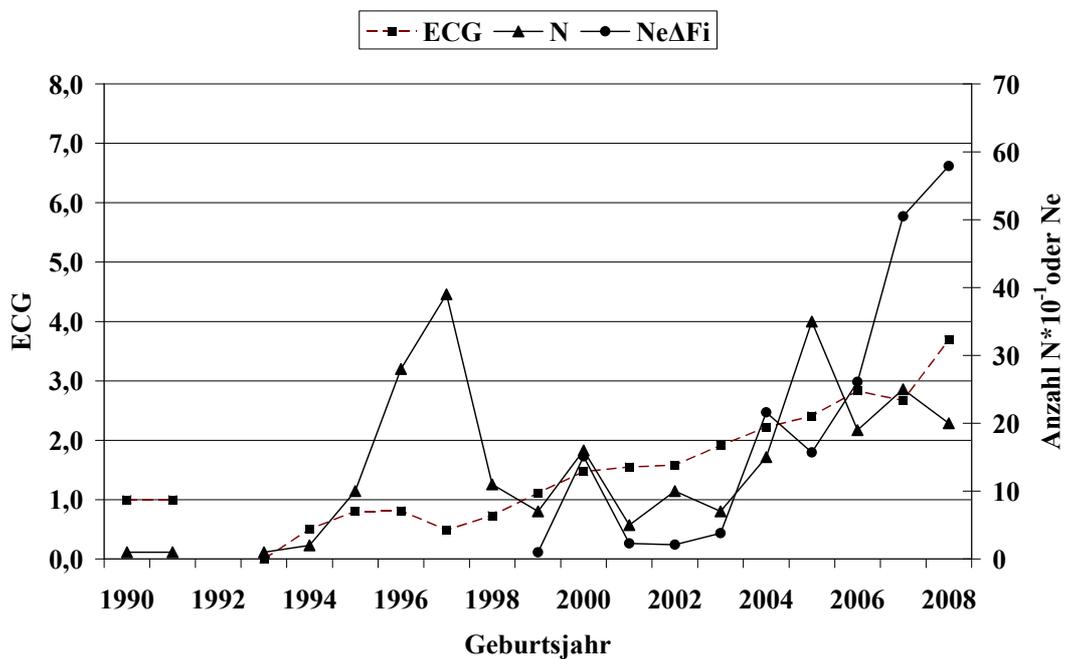


Abbildung 31: RH - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔFi ($Ne\Delta Fi$)

Tabelle 104: RH - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen

Referenzpopulation: ECG >2 und Geburtsjahr >	N	$Ne_{\Delta F_i}$	SD, $Ne_{\Delta F_i}$	Ne_{Reg_ECG}
1999	103	13,3	7,1	38,0
2001	97	16,2	8,2	610,4
2003	88	31,3	8,4	16,2
2005	56	58,2	14,2	16,7

Tabelle 105: RH - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log-Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum

Referenzpopulation	N	Regressionsmodell	
		Ne_{Reg_Geb}	Ne_{LogReg_Geb}
>2003	114	27,0	26,9
Alle	290	431,4	391,9

Tabelle 106: RH - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation $t-1$ nach t ($Ne_{F_t,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen

Vollständige Generationen	N	F, %	R, %	$Ne_{F_t,t-1}$
0	129	0	2,16	
1	107	2,61	6,13	19,1
2	51	9,55	12,32	7,0
3	3	4,69	13,87	
4				

Die Rasse Rotbunte Husumer ist mit 290 Daten nur in der Schweineherdbuchzucht Schleswig-Holstein e.V. (SHZ) bzw. der Rechenstelle Hybridschweinezuchtverband Nord/Ost e.V. (HSZV) geführt. In den Geburtsjahren 1995 bis 2008 konnten pro Jahr zwischen 5 und 39 Daten ausgewertet werden (Tabelle 103).

Die Anzahl rückverfolgbarer äquivalent kompletter Generationen (ECG) und maximaler Generationen (MG) liegt im gesamten Datensatz bei durchschnittlich 1,53 bzw. 2,93 Generationen (Tabelle 98). In aktuellen Jahren ist ein ECG zwischen 2,67 (2007) und 3,69 (2008) Generationen zu beobachten (Tabelle 103, Abbildung 31).

Die Pedigree-Vollständigkeit schwankt zwischen den Jahren 1998/99 bis 2008/09 in der 1. Generation zwischen 43% und 100%, in der 2. Generation zwischen 26% und 86%. Das Generationsintervall wird im gesamten Datensatz auf 3,39 und im Referenzdatensatz (Geburtsdatum >2003) auf 3,18 Jahre geschätzt (Tabelle 101). Dieser Wert ist im Vergleich mit den meisten analysierten Rassen um ca. 1 Jahr höher.

Die N_e , berechnet nach der Formel von HILL (1979) (N_{eHILL}), wird in den Generationen 2004/05 und 2005/06 auf 23 bzw. 31 Tiere geschätzt.

Die N_e mit der Berechnungsbasis „individuelle Inzuchtsteigerung“ ($N_{e\Delta Fi}$), liegt mit Werten zwischen 16 und 58 Tieren in den Jahren 2004 bis 2008. Die zeitliche Entwicklung dieses Parameters ist leicht zunehmend (Abbildung 31).

Bei Betrachtung der Referenzpopulationen mit Tieren aus den unterschiedlichen Geburtsjahren >2003 oder >2005 und einer ECG von mindestens 2 Generationen berechnet sich eine $N_{e\Delta Fi}$ von 31 bzw. 58 Tieren. Die regressive Berechnung der N_e mit Hilfe der Anzahl ECG erreicht mit 16 bzw. 17 Tieren in den beiden genannten Referenzdatensätzen deutlich geringere Werte (Tabelle 104).

Eine Interpretation der N_e , berechnet mit Hilfe einer Regression der F auf das Geburtsdatum, ist aufgrund des flachen bzw. zum Teil negativen Kurvenverlaufs der Inzuchtentwicklung für den gesamten Datensatz und den Referenzdatensatz nicht sinnvoll.

Betrachtet man die durchschnittliche Inzuchtentwicklung in Abhängigkeit der verfügbaren vollständigen Generationen (Tabelle 106), so ist zunächst von Generation 0 auf 1 eine Inzuchtsteigerung von 2,61% zu beobachten. Aufgrund der heterogenen Zusammensetzung der Tiere der beiden CG 0 und 1 (Basistiere, immigrierte Tiere) ist eine Interpretation dieser Werte schwer möglich. Beim Übergang von Generation 1 nach 2 ist ein Inzuchtzuwachs je CG 6,9% festzustellen. Bei Berücksichtigung dieser Inzuchtsteigerungen ergeben sich im Vergleich zu den übrigen N_e Schätzungen vergleichsweise niedrige $N_{eF_{t,t-1}}$ von 7 Tieren.

6.1.11 Rasse: Large White (LW, 12)

Tabelle 107: LW - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation

Organisation	N (nach Korrektur 0, I)	N (nach Korrektur 0-III)
LfL Bayern	5	9391
VS Hessen	1	
Verbund SZV Baden-Württemberg	8796	

Tabelle 108: LW - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG)

N	F, %	R, %	ECG	CG	MG
9391	1,94	2,5	3,95	2,21	9,86

Tabelle 109: LW - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983)

Generation	Geburtsjahr						alle
	1998/99	2000/01	2002/03	2004/05	2006/07	2008/09	
N	650	784	1333	1469	1408	249	9391
1	0,92	0,92	0,93	0,94	0,99	1,00	0,89
2	0,90	0,87	0,86	0,84	0,87	0,91	0,79
3	0,83	0,85	0,70	0,58	0,53	0,58	0,59
4	0,70	0,77	0,64	0,43	0,33	0,35	0,46
5	0,53	0,65	0,58	0,40	0,24	0,25	0,36
6	0,37	0,48	0,48	0,36	0,22	0,21	0,28

Tabelle 110: LW - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	254	2,03	1,08	0,068
Vater : Tochter	1720	1,90	0,92	0,022
Mutter : Sohn	270	2,04	1,04	0,063
Mutter : Tochter	1704	1,99	1,02	0,025
Total	3948	1,96	0,98	0,016
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	2283	1,92	0,95	0,020
Vater : Tochter	4770	1,97	0,96	0,014
Mutter : Sohn	2300	2,09	1,07	0,022
Mutter : Tochter	4962	2,06	0,98	0,014
Total	14315	2,01	0,99	0,008

Tabelle 111: LW - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	46	2,16	1,33	0,196
Vater : Tochter	345	2,14	1,13	0,166
Mutter : Sohn	40	1,97	0,83	0,122
Mutter : Tochter	366	1,99	0,91	0,134
Total	797	2,07	1,03	0,037
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	490	2,21	1,17	0,053
Vater : Tochter	1876	2,10	1,06	0,048
Mutter : Sohn	479	2,15	1,02	0,046
Mutter : Tochter	2202	2,08	0,87	0,039
Total	5047	2,11	0,99	0,014

Tabelle 112: LW - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen

Periode	Väter	Nachkommen je Vater	Mütter	Nachkommen je Mutter	N_{eHILL}
1999- 2000	41	6,83	137	2,00	58,0
2000- 2001	49	5,73	133	2,02	72,5
2001- 2002	60	6,45	135	2,19	12,7
2002- 2003	54	6,39	158	1,94	14,9
2003- 2004	37	4,00	136	1,60	85,3
2004- 2005	33	3,33	86	1,47	73,0
2005- 2006	17	2,59	36	1,28	53,6

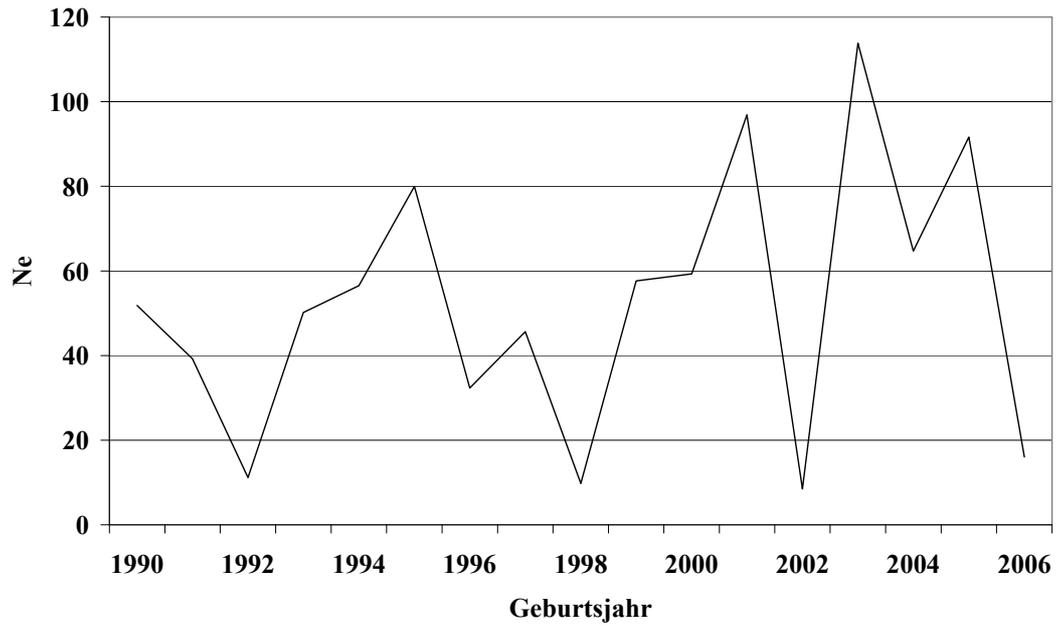


Abbildung 32: LW - Effektive Populationsgröße ($N_{e,HILL}$), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren

Tabelle 113: LW - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr

Geburtsjahr	N	F, %	R, %	ECG	$Ne_{\Delta F_i}$
1990	169	1,28	2,07	3,47	96,3
1991	209	1,89	2,27	3,59	68,2
1992	209	2,02	2,38	3,73	67,2
1993	232	2,23	2,68	3,96	65,9
1994	231	1,87	3,08	4,23	85,7
1995	251	2,46	3,11	4,26	65,7
1996	237	2,54	3,34	4,54	69,0
1997	350	2,40	3,47	4,87	79,9
1998	279	2,34	3,29	5,11	87,3
1999	319	2,57	3,66	5,47	86,1
2000	346	3,07	4,03	5,78	77,0
2001	364	3,78	3,96	6,28	68,9
2002	576	3,12	3,50	5,81	76,2
2003	648	2,47	3,33	5,51	90,3
2004	707	1,78	3,09	5,03	112,2
2005	658	1,04	2,76	4,55	169,7
2006	728	1,99	2,24	4,02	75,6
2007	669	3,09	2,07	3,76	44,2
2008	249	4,16	2,29	4,00	35,6

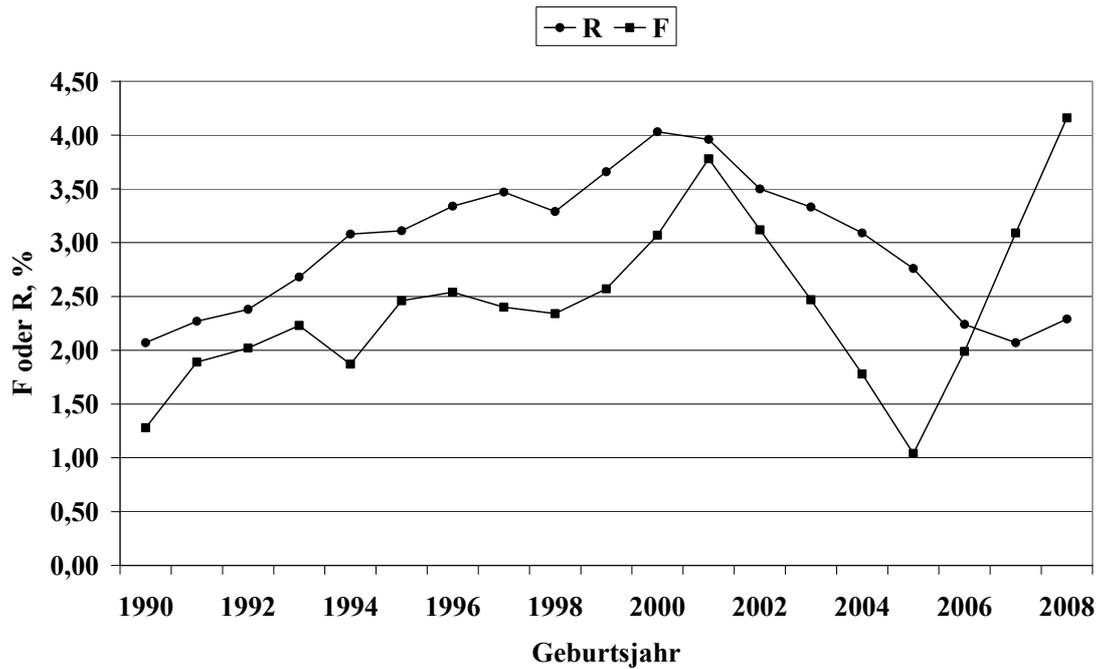


Abbildung 33: LW - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr

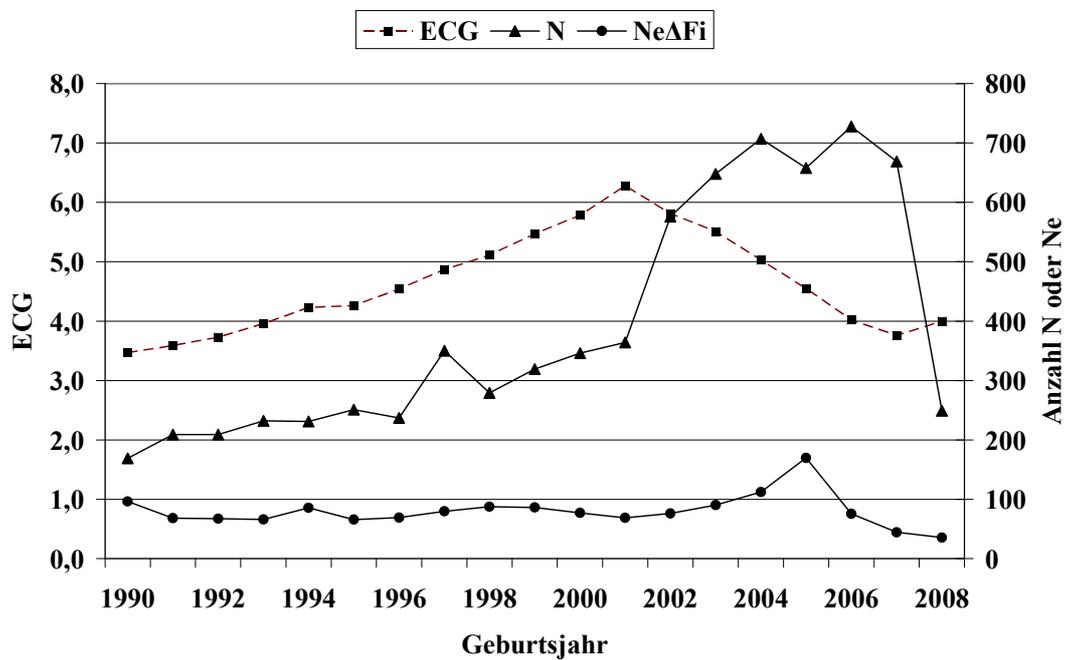


Abbildung 34: LW - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔFi ($Ne\Delta Fi$)

Tabelle 114: LW - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔFi ($Ne_{\Delta Fi}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen

Referenzpopulation: ECG >2 und Geburtsjahr >	N	$Ne_{\Delta Fi}$	SD, $Ne_{\Delta Fi}$	Ne_{Reg_ECG}
1999	4339	70,3	17,5	95,8
2001	3658	69,8	18,6	109,3
2003	2607	64,1	19,0	222,9
2005	1477	43,4	13,4	174,6

Tabelle 115: LW - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log - Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum

Referenzpopulation	N	Regressionsmodell	
		Ne_{Reg_Geb}	Ne_{LogReg_Geb}
>2003	3011	42,7	35,7
Alle	9391	1063,5	1027,2

Tabelle 116: LW - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation $t-1$ nach t ($Ne_{Ft,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen

Vollständige Generationen	N	F, %	R, %	$Ne_{Ft,t-1}$
0	1427	0,00	0,33	
1	1270	2,79	0,83	17,9
2	2841	0,48	2,48	
3	2096	2,95	3,58	306,3
4	1282	3,90	4,19	50,7

Die Rasse Large White ist mit insgesamt 9400 Daten im nennenswerten Umfang nur in HV SZV Baden-Württemberg vertreten. In den Geburtsjahren 1990 bis 2007 konnten pro Jahr zwischen 169 und 728 Daten ausgewertet werden (Tabelle 113). Die Zahl der eingetragenen Tiere hat mit zunehmenden Jahren deutlich zugenommen.

Die Anzahl rückverfolgbarer äquivalent kompletter Generationen (ECG) und maximaler Generationen (MG) liegt im gesamten Datensatz bei durchschnittlich 3,95 bzw. 9,86 Generationen (Tabelle 108). In aktuellen Jahren ist ein ECG zwischen 3,76 (2007) und 4,00 (2008) Generationen zu beobachten (Tabelle 113, Abbildung 34). Die Pedigree-Vollständigkeit liegt zwischen den Jahren 1998/99 bis 2008/09 in der 1. Generation, über 92% und in der 2. Generation zwischen 84% und 91%. Das Generationsintervall wird im gesamten Datensatz bei 2,0 und im Referenzdatensatz (Geburtsdatum >2003) auf 2,1 Jahren geschätzt (Tabelle 111).

Die N_e , berechnet nach der Formel von HILL (1979) (N_{eHILL}) schwankt in den drei jüngsten Generationen zwischen 54 und 85 Tieren.

Die N_e , berechnet mit Hilfe der individuellen Inzuchtsteigerung ($N_{e\Delta Fi}$) liegt mit Werten zwischen 36 und 170 Tieren in den Jahren 2003 bis 2008; die zeitliche Entwicklung ist ab dem Jahr 2005 deutlich negativ. Ursächlich hierfür ist der erkennbare Inzuchtzuwachs in den Jahren 2005 bis 2009 von 2,6% (Abbildung 33, Tabelle 113).

Bei Betrachtung der Referenzpopulationen mit Tieren aus den unterschiedlichen Geburtsjahren >2003 oder >2005 und einer ECG von mindestens 2 Generationen berechnet sich eine $N_{e\Delta Fi}$ von 64 bzw. 43 Tieren. Die regressive Berechnung der N_e mit Hilfe der Anzahl ECG erreicht mit 223 bzw. 175 Tieren in den beiden genannten Referenzdatensätzen deutlich geringere Werte (Tabelle 114).

Eine Interpretation der N_e , berechnet mit Hilfe einer Regression der F auf das Geburtsdatum, ist aufgrund des flachen bzw. zum Teil negativen Kurvenverlaufs der Inzuchtentwicklung für den gesamten Datensatz und den Referenzdatensatz nicht sinnvoll.

Betrachtet man die durchschnittliche Inzuchtentwicklung in Abhängigkeit der verfügbaren und vollständigen Generationen (Tabelle 116), so ist zunächst von Generation 0 auf 1 eine Inzuchtsteigerung von 2,79% zu beobachten. Aufgrund der heterogenen Zusammensetzung der Tiere der beiden CG 0 und 1 (Basistiere, immigrierte Tiere) ist eine Interpretation dieser Werte kaum möglich. Beim Übergang der 1 zur 2. Generation ist die Inzuchtentwicklung negativ; eine Berechnung der N_e demzufolge nicht sinnvoll. Beim Übergang der Generationen 2 auf 3 bzw. 3 auf 4 ergeben sich $N_{eF_{t,t-1}}$ Schätzwerte von 306 bzw. 51 Tieren.

6.1.12 Rasse: Bunte Bentheimer (BB, 13)

Tabelle 117: BB - Anzahl Beobachtungen (N), getrennt nach Organisation

Organisation	N (nach Korrektur 0, I)	N (nach Korrektur 0-III)
LfL Bayern	3	1138
SV Bunte Bentheimer	1037	
Verbund SZV Baden-Württemberg	41	

Tabelle 118: BB - Mittelwerte für Inzucht- (F), Verwandtschaftsgrad (R), Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG), Anzahl kompletter Generationen (CG) und maximale Anzahl Generationen (MG)

N	F, %	R, %	ECG	CG	MG
1138	2,28	4,67	2,83	1,02	5,50

Tabelle 119: BB - Pedigree-Vollständigkeit (MacCLUER et al., 1983)

Generation	Geburtsjahr						alle
	1998/99	2000/01	2002/03	2004/05	2006/07	2008/09	
N	59	89	108	266	247	49	1138
1	0,84	0,62	0,91	0,86	0,87	1,00	0,84
2	0,71	0,51	0,50	0,72	0,72	0,49	0,64
3	0,64	0,45	0,34	0,45	0,56	0,41	0,47
4	0,53	0,36	0,27	0,31	0,35	0,28	0,32
5	0,40	0,31	0,19	0,24	0,25	0,18	0,22
6	0,22	0,22	0,14	0,18	0,19	0,13	0,14

Tabelle 120: BB - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, a) alle Tiere

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	110	3,01	1,75	0,17
Vater : Tochter	194	2,76	1,58	0,11
Mutter : Sohn	83	3,10	1,75	0,19
Mutter : Tochter	114	2,57	1,90	0,18
Total	501	2,83	1,73	0,08
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	180	2,87	1,74	0,13
Vater : Tochter	730	2,81	1,62	0,06
Mutter : Sohn	138	2,92	1,74	0,15
Mutter : Tochter	497	2,50	1,64	0,07
Total	1545	2,73	1,66	0,04

Tabelle 121: BB - Generationsintervalle und Alter bei Geburt der Nachkommen, b) Tiere mit Geburtsdatum >2003

Pfad	N	GI, Jahre	SD	SE
Generationsintervall				
Vater : Sohn	37	3,19	1,63	0,27
Vater : Tochter	60	3,12	1,83	0,30
Mutter : Sohn	31	2,16	0,91	0,15
Mutter : Tochter	39	1,62	0,91	0,15
Total	167	2,61	1,60	0,12
Alter bei Geburt der Nachkommen				
Vater : Sohn	80	2,87	1,59	0,18
Vater : Tochter	390	2,98	1,68	0,19
Mutter : Sohn	64	2,11	1,03	0,12
Mutter : Tochter	277	2,15	1,09	0,12
Total	811	2,62	1,50	0,05

Tabelle 122: BB - Effektive Populationsgröße berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Generationen

Periode	Väter	Nachkommen je Vater	Mütter	Nachkommen je Mutter	Ne _{HILL}
1999- 2000	11	5,73	9	1,33	3,25
2000- 2001	13	6,46	8	2,00	3,03
2001- 2002	14	5,50	19	1,95	10,15
2002- 2003	18	4,61	30	1,90	16,42
2003- 2004	18	2,67	36	1,67	45,02
2004- 2005	15	1,93	27	1,52	48,36
2005- 2006	9	1,89	15	1,27	29,90

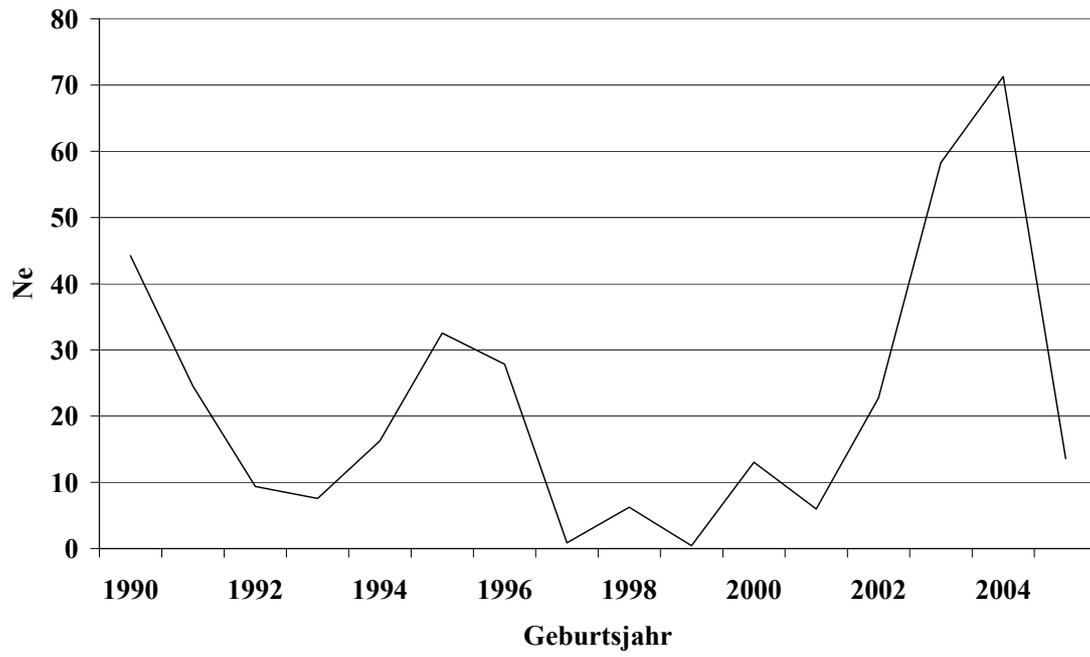


Abbildung 35: BB - Effektive Populationsgröße (N_{eHILL}), berechnet nach der Formel von HILL (1979), getrennt nach Geburtsjahren

Tabelle 123: BB - Mittelwerte für: Inzucht-, Verwandtschaftsgrad, äquivalent komplette Generationen (ECG), individuelle Inzuchtsteigerung (ΔF_i), und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$), getrennt nach Geburtsjahr

Geburtsjahr	N	F, %	R, %	ECG	$Ne_{\Delta F_i}$
1990	39	0,40	1,03	0,93	
1991	41	0,46	1,93	1,11	11,9
1992	33	0,38	1,52	1,29	37,8
1993	21	0,89	1,52	1,31	17,7
1994	17	0,74	2,28	1,33	22,6
1995	26	3,37	2,68	1,62	9,4
1996	16	6,45	2,44	1,95	7,4
1997	9	0,17	3,24	2,02	293,4
1998	26	2,22	2,61	1,67	15,1
1999	26	4,33	2,92	2,23	14,2
2000	23	5,67	2,93	2,72	15,0
2001	32	2,61	3,80	2,69	32,1
2002	39	0,00	2,84	1,92	
2003	59	0,23	3,40	2,25	268,9
2004	110	0,95	3,53	2,50	78,5
2005	131	0,84	3,71	3,00	119,1
2006	123	0,71	3,25	2,95	137,5
2007	107	1,31	3,33	3,10	80,2
2008	49	0,00	2,28	2,47	

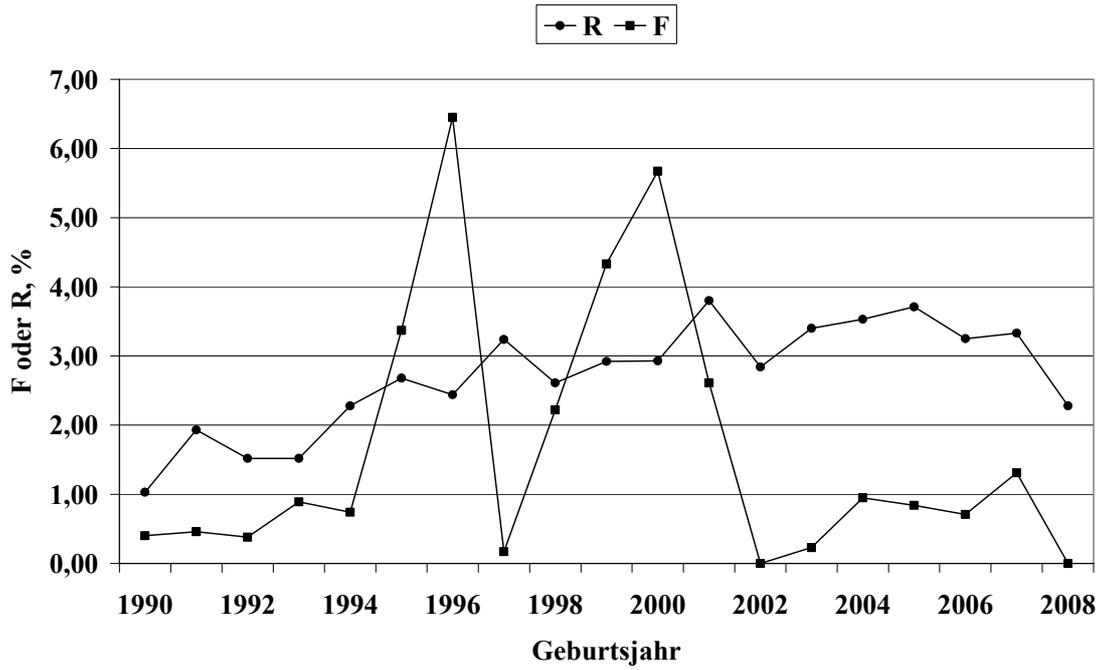


Abbildung 36: BB - Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten in Abhängigkeit vom Geburtsjahr

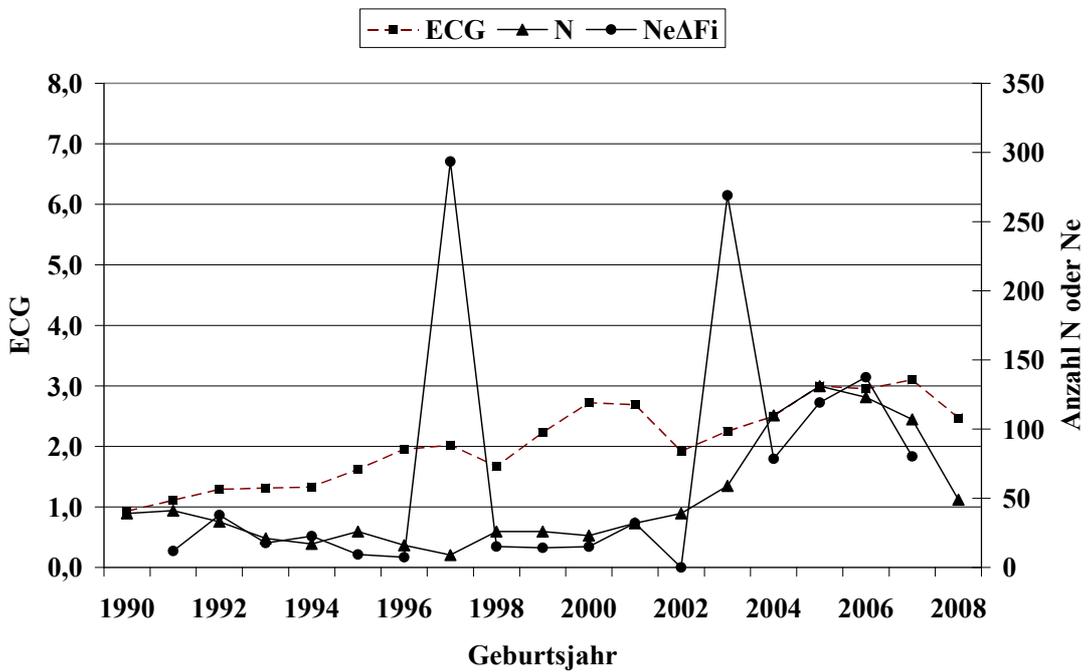


Abbildung 37: BB - Anzahl Beobachtungen (N), äquivalent komplette Generationen (ECG) und effektive Populationsgröße berechnet aus ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$)

Tabelle 124: BB - Effektive Populationsgröße berechnet mit Hilfe von ΔF_i ($Ne_{\Delta F_i}$) und Regression von F auf die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (Ne_{Reg_ECG}) für verschiedene Referenzpopulationen

Referenzpopulation: ECG >2 und Geburtsjahr >	N	$Ne_{\Delta F_i}$	SD, $Ne_{\Delta F_i}$	Ne_{Reg_ECG}
1999	512	77,7	26,15	120,9
2001	467	118,3	28,55	105,1
2003	416	109,1	26,52	119,5
2005	230	128,6	31,29	66,3

Tabelle 125: BB - Effektive Populationsgröße mit Hilfe von linearen (Ne_{Reg_Geb}) und Log-Regressionen (Ne_{LogReg_Geb}) von F auf das Geburtsdatum

Referenzpopulation	N	Regressionsmodell	
		Ne_{Reg_Geb}	Ne_{LogReg_Geb}
>2003	520	244,2	239,3
Alle	1120	1679,9	1589,5

Tabelle 126: BB - Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation $t-1$ nach t ($Ne_{F_t,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen

Vollständige Generationen	N	F, %	R, %	$Ne_{F_t,t-1}$
0	328	0,00	0,97	
1	481	1,27	2,77	39,4
2	268	1,56	4,04	165,8
3	43	3,36	4,20	27,4
4				

Die Bunten Bentheimer kommen mit insgesamt 1120 Tieren überwiegend in der Herdbuchorganisation „Nordschwein“ (SV Bunte Bentheimer) und in sehr geringem Umfang in LfL Bayern und im Verband SZV Baden-Württemberg vor.

Die Anzahl rückverfolgbare äquivalent kompletter Generationen (ECG) und maximaler Generationen (MG) liegt im gesamten Datensatz bei durchschnittlich 2,83 bzw. 5,50 Generationen. In aktuellen Jahren (>2006) ist ein ECG von 2,47 (2008) bis 3,10 (2007) Generationen zu beobachten (Tabelle 123, Abbildung 37).

Die Pedigree-Vollständigkeit schwankt zwischen den Jahren 1998/99 bis 2008/09 in der 1. Generation zwischen 84% und 100%, in der 2. Generation zwischen 49% und 72%.

Das Generationsintervall wird im gesamten Datensatz auf 2,83 und im Referenzdatensatz (Geburtsdatum >2003) auf 2,61 Jahre geschätzt (Tabelle 121).

Die N_e , berechnet nach der Formel von HILL (1979) (N_{eHILL}), wird in den Generationen 2003/04 2004/05 auf 45 bzw. 48 Tiere geschätzt. In der Generation 2005/06 beträgt N_{eHILL} nur noch 30 Tiere.

Die N_e mit der Berechnungsbasis „individuelle Inzuchtsteigerung“ ($N_{e\Delta Fi}$) liegt mit Werten zwischen 79 und 138 Tieren in den Jahren 2004 bis 2007 im Vergleich zu N_{eHILL} deutlich höher. In den Jahren 1990, 2002 und 2008 wird ein ECG <1 (1990) oder ein Inzuchtgrad von 0 geschätzt; eine Berechnung von $N_{e\Delta Fi}$ ist in diesen Fällen nicht möglich.

Bei Betrachtung der Referenzpopulationen mit Tieren aus den unterschiedlichen Geburtsjahren >2003 oder >2005 und einer ECG von mindestens 2 Generationen berechnet sich eine $N_{e\Delta Fi}$ von 109 bzw. 129 Tieren. Die regressive Berechnung der N_e mit Hilfe der Anzahl ECG erbrachte N_e von 120 bzw. 66 Tieren in den beiden genannten Referenzdatensätzen (Tabelle 124).

Eine Interpretation der N_e , berechnet mit Hilfe einer Regression der F auf das Geburtsdatum, ist aufgrund des flachen bzw. zum Teil negativen Kurvenverlaufs der Inzuchtentwicklung für den gesamten Datensatz und den Referenzdatensatz nicht sinnvoll.

Betrachtet man die durchschnittliche Inzuchtentwicklung in Abhängigkeit der verfügbaren vollständigen Generationen (Tabelle 126), so ist zunächst von Generation 0 auf 1 eine Inzuchtsteigerung von 1,27% zu beobachten. Aufgrund der heterogenen Zusammensetzung der Tiere der beiden CG 0 und 1 (Basistiere, immigrierte Tiere) ist eine Interpretation dieser Werte kaum möglich. Nach der 1. Generation ist ein Inzuchtzuwachs je CG zwischen 0,3 und 1,8% festzustellen. Bei Berücksichtigung dieser Inzuchtsteigerungen ergeben sich $N_{eF_{t,t-1}}$ Schätzergebnisse zwischen 27 und 166 Tieren.

6.2 Diskussion

6.2.1 Qualität der Daten

Alle am Projekt beteiligten Organisationen lieferten die benötigten Daten in der, hinsichtlich Datenformat und Satzaufbau geforderten Art und Weise, so dass ein Einlesen der Daten größtenteils problemlos möglich war. Schwierigkeiten ergaben sich bei der unterschiedlichen Definition des Datentyps einiger Datenfelder (z. B. Herdbuchnummer als Zahl oder Name) oder durch fehlende Schlüsselfelder der Tieridentifikation, so dass eine Nachbearbeitung notwendig war. Besondere, kompliziert zu lösende Schwierigkeiten wurden durch die z. T. übliche Umcodierung von importierten Tieren verursacht. Die Konsistenz von historischen Abstammungsdaten wurde in Absprache mit den Verbänden teils mit heuristischen Methoden (siehe Kapitel 5) hergestellt, die in Einzelfällen zu einem „Gleichmachen“ von in Wirklichkeit unterschiedlichen Tieren geführt hat. Der umgekehrte Fall, d. h. gleiche Tiere werden als unterschiedliche Tiere behandelt, kann ebenfalls nicht ausgeschlossen werden. Die Konsequenzen dieser möglichen Fehlereinschätzungen hinsichtlich der Inzuchtberechnungen in aktuellen Generationen werden allerdings als gering erachtet. Darüber hinaus wurde angeregt, in Zukunft auf eine Änderung der ursprünglichen Identifikationsangaben von importierten Tieren zu verzichten, so dass eine eindeutige Identifizierung aller Herdbuchtiere über die Verbände in Zukunft gegeben ist. Als zweites Problem ist die zum Teil fehlende Konsistenz eingetragener Geburtsdaten zu erwähnen. Insbesondere bei kleineren Populationen hat dies zu einem beachtlichen Anteil nicht berücksichtigter Tiere geführt. Eine Überarbeitung dieser Daten wurde insbesondere für die Rasse der Roten Husumer angeregt.

6.2.2 Verfügbare Abstammungsinformationen bzw. Pedigreetiefe

Die Interpretation der berechneten effektiven Populationsgrößen ist in jedem der herangezogenen Verfahren abhängig von der Informationsdichte der eingetragenen Vorfahren. Bei Betrachtung dieser Pedigreetiefe sind zwischen den 12 analysierten Schweinepopulationen erhebliche Unterschiede festzustellen. Die Anzahl äquivalent kompletter Generationen (ECG) variiert in den Referenzpopulationen (Geburtsdatum 2005-2007) von ausreichend tief (ECG > 4,5) (Schwäbisch Hällisches, Piétrain) bis sehr flach (ECG < 2,5) (Leicoma, Duroc) (Tabelle 127). Ursache hierfür ist der unterschiedlich lange Zeitraum rückverfolgbarer Eintragungen (Leicoma), der Anteil immigrierter Tiere ohne Abstammungsinformationen und der Anteil fehlerhafter Eintragungen. Es ist zu erwarten, dass sich dieses Problem in Zukunft durch neue Dateneinträge abschwächt. Ob ein nachträglicher Eintrag historischer Daten insbesondere bei der Rasse Leicoma möglich ist, bleibt zu klären.

Tabelle 127: Äquivalent komplette Generationen (ECG) der verschiedenen Rassen

Jahr	2004	2005	2006	2007	2008	Ø
Rasse						
Deutsche Landrasse	4,65	4,23	3,53	3,85	4,37	4,13
Deutsches Edelschwein	3,87	3,57	3,66	3,62	4,08	3,76
Angler Sattelschwein	4,24	3,79	4,52	5,02	4,08	4,33
Piértrain	4,43	4,38	4,39	4,83	4,97	4,60
Duroc	2,46	2,09	2,92	1,96	2,54	2,39
Schwäbisch Hällisches	5,07	5,68	6,18	5,52	6,27	5,74
Leicoma	0,97	1,15	1,32	1,62	1,98	1,41
Large White	5,03	4,55	4,02	3,76	4,00	4,27
Bunte Bentheimer	2,50	3,00	2,95	3,10	2,47	2,80
Rote Husumer	2,22	2,41	2,83	2,67	3,69	2,76

Die Rassen Hampshire und Belgische Landrasse besitzen derzeit in den deutschen Herdbuchverbänden keine Bedeutung mehr, so dass eine Diskussion der Ergebnisse sich erübrigt. Die Rasse Duroc besteht vermutlich zu einem großen Teil aus importierten Tieren ausländischer Zuchtregionen; auf eine Beurteilung des Gefährdungsstatus wird demzufolge verzichtet.

6.2.3 Effektive Populationsgröße und Einteilung in Gefährungsklassen

Die effektiven Populationsgrößen wurden mit verschiedenen Methoden geschätzt. Eine Beurteilung der Aussagekraft ist aufgrund der Unkenntnis der wahren N_e in letzter Konsequenz nicht möglich. Die im Folgenden durchgeführte vergleichende Betrachtung und Beurteilung der geschätzten effektiven Populationsgrößen hat demzufolge einen mehr oder minder heuristischen Charakter.

6.2.3.1 Schätzung der N_e mittels Regressionsmethoden

Eine Ableitung der N_e mittels Regressionsmethoden mit der individuellen Inzucht als abhängige Variable und dem Geburtsjahr oder der Generation als Prädiktor sind ein sinnvolles Werkzeug zur Abschätzung der N_e in Referenzpopulationen mit einheitlicher Anpaarungsstrategie.

Bei allen vorliegenden Rassen wurde jedoch deutlich, dass die geschätzten Regressionskoeffizienten kaum geeignet sind, die effektiven Populationsgrößen zu bestimmen. Die Inzuchtverläufe in Abhängigkeit des Geburtsjahres oder Generationsfolge sind in einigen Rassen sehr flach oder negativ, so dass extrem überschätzte oder nicht definierte effektive Populationsgrößen geschätzt wurden. Ein flacher oder negativer zeitlicher Verlauf der Inzucht kann durch spezielle Zuchtstrategien, wie zum Beispiel die gezielte Vermeidung von Inzucht oder die Migration von Tieren erklärt werden. Bei Kenntnis dieser Ursachen ist die Definition einer möglichst aktuellen, hinsichtlich der Zuchtstrategie homogenen Referenzpopulation ratsam. In den vorliegenden realen Schweinepopulationen wurden mehrere Referenzpopulationen u. a. mit begrenztem Geburtsdatum >2003 oder >2005 definiert. Die mittels Regressionsverfahren abgeleiteten effektiven Populationsgrößen sind jedoch auch in diesen Datensätzen aufgrund der absoluten Höhe kaum geeignet, eine Einteilung der Rassen in Gefährdungsklassen vorzunehmen.

6.2.3.2 Schätzung der N_e mittels Veränderungen der Inzucht bei Betrachtung aufeinander folgender Generationen

In der vorliegenden Untersuchung erfolgte eine Einteilung innerhalb der Generationen entweder auf der Basis der verfügbaren und vollständigen Generationen oder auf der Basis äquivalent kompletter Generationen. Eine Interpretation der Inzuchtsteigerungen ist aufgrund der realisierten Selektionsentscheidung schwierig. Zudem sind importierte Tiere häufig mit keiner oder nur einer Vorfahrengeneration in die Herdbücher der Schweinezuchtorganisationen eingetragen worden. Demzufolge ist die Inzuchtveränderung von Generationsklasse 0 nach 1 nicht als zeitliche Veränderung der Inzucht von der Basisgeneration zur 1. Generation zu interpretieren. Inzuchtveränderungen in späteren Generationsklassen sind hiervon vermutlich weniger betroffen. Jedoch ist insbesondere in kleineren Populationen die Anzahl Tiere in höheren Generationsklassen relativ gering. Demzufolge sind die in Tabelle 128 zu beobachtenden Schwankungen vermutlich durch die zu erwartenden hohen Standardfehler zu erklären. Darüber hinaus ist die Definition der aktuellen Generation auf Basis der beschriebenen Einteilung abhängig von der Pedigreetiefe. Zur Einstufung der Rassen in Gefährdungsklassen ist demzufolge eine kaum zu realisierende Festlegung der aktuellen Generation notwendig.

Zusammenfassend bleibt festzuhalten, dass eine Einstufung in Gefährdungsklassen mit Hilfe der $N_{e_{Ft,t-1}}$ aufgrund der genannten Probleme in vorliegendem Datensatz nicht ratsam erscheint.

Tabelle 128: Effektive Populationsgröße, berechnet über die Steigerung der Inzucht F von Generation $t-1$ nach t ($Ne_{F,t,t-1}$) bei Berücksichtigung von vollständig informativen Generationen

Rasse	Generation von – nach			
	0-1	1-2	2-3	3-4
Deutsche Landrasse	304,1	125,8	111,9	61,6
Deutsches Edelschwein	526,6	215,2	93,9	41,0
Angler Sattelschwein	341,0	32,5	36,8	54,9
Piértrain	276,7	112,0	89,9	85,1
Duroc	132,2	50,2	15,6	8,2
Schwäbisch Hällisches	37,0	14,3	15,1	13,8
Leicoma	-*)	203,2	52,5	-
Large White	17,9	-*)	306,3	50,7
Bunte Bentheimer	39,4	165,8	27,4	-
Rote Husumer	-*)	19,1	7,0	-

*) negative Veränderung der Inzucht

6.2.3.3 Schätzung der Ne mittels der zensusbasierten Methode HILL (1979)

GUTTIERREZ (2008) untersuchte mit Hilfe von simulierten Populationen mit unterschiedlicher Struktur (u. a. Varianz der Familiengröße, Bildung von Subpopulationen, überlappende Generationen) die Effizienz unterschiedlicher Methoden zur Schätzung der effektiven Populationsgröße. Er kommt zu dem Schluss, dass die mit Hilfe der Methode HILL berechneten Ne , kaum geeignet sind, die wahre Ne zu beschreiben. Dieses Ergebnis findet seine Bestätigung in den Untersuchungen von CERVANTES et al. (2009) mit Daten aus einer realen Mäusepopulation, die in verschiedene Subpopulationen aufgeteilt wurde. Im Gegensatz dazu scheint den Autoren die Verwendung der Methode HILL in Populationen, deren Selektionsstrategie auf eine minimale Inzuchtsteigerung ausgerichtet ist, womit die Bildung von Teilpopulationen vermieden wird, zuverlässige Ergebnisse zu liefern. Bei Nichtberücksichtigung von Teilpopulationsbildungen wird die Ne mit Hilfe der Methode HILL überschätzt. Darüber hinaus ignoriert die Formel von HILL die Tatsache, dass Tiere mit der höchsten Anzahl selektierter Geschwister vermutlich auch die meisten selektierten Nachkommen besitzen.

Im vorliegenden Datenmaterial ist die Zuverlässigkeit der Methode HILL in der Schätzung der wahren Ne nicht zu beurteilen. Allerdings ist zu vermuten, dass in einigen Populationen Inzucht zur Bildung von Teilpopulationen geführt hat. Bei Betrachtung der N_{eHILL} der jüngsten Generationen mit Geburtsdatum 2004/05 bzw. 2005/06 ist in allen Populationen eine Reduktion der Ne festzustellen (Tabelle 129). Vermutlich wird sich jedoch die Anzahl Eltern aus der Generation 2005/06 noch durch neue, bisher nicht erfolgte Herdbucheintragungen erhöhen. Aus diesem Grund scheint die Generation 2004/05 am besten zur Charakterisierung der wahren Ne geeignet.

Tabelle 129: Effektive Populationsgrößen, berechnet nach der Formel von HILL (1979)

Generation	2002/03	2003/04	2004/05	2005/06
Deutsche Landrasse	358,2	378,4	363,1	335,1
Deutsches Edelschwein	229,9	248,1	297,3	162,9
Angler Sattelschwein	44,3	38,0	37,3	29,9
Piértrain	615,1	612,5	604,1	331,0
Duroc	43,8	37,9	27,6	11,8
Schwäbisch Hällisches	36,0	58,0	39,1	22,6
Leicoma	8,8	8,4	42,9	31,0
Large White	14,9	85,3	73,0	53,6
Bunte Bentheimer	16,4	45,0	48,4	29,9
Rote Husumer	2,1	2,1	23,1	31,4

Legt man die berechneten Ne aus der Generation 2004/05 sowie die vom Nationalen Fachprogramm zur Erhaltung und Nachhaltigen Nutzung Tiergenetischer Ressourcen in Deutschland“ (TGRDEU, 2006) festgelegten Grenzwerte zu Grunde, so ergibt sich die in Tabelle 130 enthaltene Einstufung in die entsprechenden Gefährdungsklassen.

Tabelle 130: Einteilung in Gefährdungsklassen nach der Methode HILL (1979)

Beschreibung	Abkürzung	Grenze: Ne	Rasse
Phänotypische Erhaltungspopulation	PERH	<50	Angler Sattelschwein
			Schwäbisch Hällisches
			(Duroc)
			Leicoma
			Bunte Bentheimer
			Rote Husumer
Erhaltungspopulation	ERH	>50 - ≤200	Large White
Beobachtungspopulation	BEO	>200 - ≤1000	Deutsche Landrasse
			Deutsches Edelschwein
			Pietrain

6.2.3.4 Schätzung der effektiven Ne mittels individueller Inzuchtsteigerung ($Ne_{\Delta Fi}$)

Die realisierte effektive Populationsgröße (Ne) beschreibt die Abstammungsgeschichte der untersuchten Population. Änderung der Zuchtpolitik, genetische Drift, Selektion, Migration und Mutation, überlappende Generationen sowie unterschiedliche Bedeutungen von Vorfahren sind Effekte, welche indirekt bei der Berechnung der realisierten $Ne_{\Delta Fi}$ berücksichtigt werden.

FALCONER und MACKAY (1996) zeigen, dass in einer idealen Population der Inzuchtwachstum ΔF je Generation konstant ist, während die Inzucht je Generation ansteigt. In einer idealen Population ist ΔF per Definition unabhängig von der Pedigreetiefe. Die durchschnittliche Inzucht hingegen steigt in nichtlinearer Form mit zunehmender Pedigreetiefe an. Nach einer gewissen Stabilisierungsphase ist die individuell berechnete Inzuchtsteigerung somit unabhängig von der Pedigreetiefe. GUTIERREZ et al. (2009) unterlegt die theoretisch überlegene Aussagekraft der realisierten Ne zur Abschätzung der wahren Ne mit Hilfe simulierter Daten. Die Abschätzung der wahren Ne mit Hilfe der realisierten $Ne_{\Delta Fi}$ ist auch bei Berücksichtigung unterschiedlicher Populationsstrukturen mit vergleichsweise hoher Genauigkeit möglich.

Betrachtet man die verschiedenen zeitlichen Verläufe der realisierten $Ne_{\Delta Fi}$ in der jeweiligen rassenspezifischen Ergebnisdarstellung, so ist anzunehmen, dass bei Rassen mit einer Pedigreetiefe von mehr als 3,5 ECG diese Stabilisierungsphase in den Geburtsjahren >2003 erreicht ist. Dies gilt uneingeschränkt für die Rasse DL, DE, Pi, SH und LW.

Tabelle 131: Effektive Populationsgrößen, berechnet nach der Formel von HILL (Ne_{Hill}) und individueller Inzuchtsteigerung ($Ne_{\Delta Fi}$)

Generation / Referenzpopulation	2004/05	>2003		>2005	
	Ne_{Hill}	$Ne_{\Delta Fi}$	$\sigma Ne_{\Delta Fi}$	$Ne_{\Delta Fi}$	$\sigma Ne_{\Delta Fi}$
Deutsche Landrasse	363,1	291,2	51,1	347,5	57,1
Deutsches Edelschwein	297,3	304,2	51,6	318,6	56,1
Angler Sattelschwein	37,3	73,4	24,2	75,8	27,4
Pietrain	604,1	281,0	43,4	278,3	39,9
Duroc	27,6	43,9	11,5	45,7	8,9
Schwäbisch Hällisches	39,1	43,0	5,7	47,9	6,7
Leicoma	42,9	228,3	99,6	190,3	82,9
Large White	73,0	64,1	19,0	43,4	13,4
Bunte Bentheimer	48,4	109,1	26,5	128,6	31,3
Rote Husumer	23,1	31,3	8,4	58,2	14,2

Mit Ausnahme der Rasse Pi stimmen bei diesen Rassen die geschätzten effektiven Populationsgrößen Ne_{Hill} und $Ne_{\Delta Fi}$ weitestgehend überein (Tabelle 131). Die Bildung von Teilpopulationen ist eine mögliche Erklärung der Abweichungen beider Methoden bei der Rasse Pi. In dieser Situation wird die effektive Populationsgröße vermutlich bei Anwendung der Methode Hill überschätzt.

Bei den Rassen AS und BB liegen die Schätzwerte der Methode HILL im Vergleich zur realisierten Ne auf einem deutlich niedrigeren Niveau.

Bei Betrachtung der Inzuchtverläufe in Abhängigkeit des Geburtsjahres (Abbildung 10) ist bei der Rasse AS ein flacher, teilweise negativer Verlauf zu beobachten. Offensichtlich gibt es bei dieser Rasse Selektionsstrategien, die Inzucht in aktuellen Generationen zu begrenzen. Diese Beobachtung findet bei Berechnung der Ne_{HILL} , die in aktuellen Jahren absinkt (Tabelle 32), keine Berücksichtigung. Die realisierte $Ne_{\Delta Fi}$ bleibt hingegen - mit Ausnahme des Geburtsjahres 2004 mit vergleichsweise hoher Inzucht (Abbildung 10) - auf relativ konstant hohem Niveau.

Ähnliche Gründe könnten auch zur Erklärung der N_e -Unterschiede bei der Rasse BB herangezogen werden. Auffällig sind bei dieser Rasse die sehr niedrigen Inzuchtkoeffizienten in aktuellen Generationen, die sich spekulativ ebenfalls durch eine gezielte Vermeidung von Inzucht oder Einkreuzung fremder Linien erklären lassen.

Die Interpretation der realisierten N_e bei der Rasse Rote Husumer ist aufgrund der geringen Pedigreetiefe ($ECG < 3$) auch in aktuellen Jahren problematisch. Ursache dieser geringen Informationsdichte könnten zum Teil inkonsistente Geburtsdaten sein, die zu einem Ausschluss einiger wichtiger Tiere geführt hat. Eine Überarbeitung der Herdbuchdaten wurde bei dieser Rasse angeregt.

Eine Interpretation der $N_{e\Delta Fi}$ ist bei der Rasse Leicoma aufgrund der derzeit verfügbaren geringen Pedigreetiefe nicht möglich.

Eine Einteilung in Gefährdungsklassen auf der Basis der $N_{e\Delta Fi}$ enthält Tabelle 132. Im Gegensatz zu Tabelle 131 sind die Rassen AS und BB der Klasse Erhaltungspopulation und nicht mehr der Klasse phänotypische Erhaltungspopulation zuzuordnen.

Tabelle 132: Einteilung in Gefährdungsklassen nach der Methode $N_{e\Delta Fi}$

Beschreibung	Abkürzung	Grenze: N_e	Rasse
Phänotypische Erhaltungspopulation	PERH	<50	Schwäbisch Hällisches
			Rote Husumer
Erhaltungspopulation	ERH	>50 - ≤200	Large White
			Angler Sattelschwein
			Bunte Bentheimer
Beobachtungspopulation	BEO	>200 - ≤1000	Deutsche Landrasse
			Deutsches Edelschwein
			Pietrain
			(Leicoma)

Die Vorteile der Methode $N_{e\Delta Fi}$ gegenüber der Methode HILL wurden in Kapitel 4 und 6.2 erläutert. Eine Einteilung der Rassen in die Gefährdungsklassen erscheint bei Verfügbarkeit einer ausreichenden Pedigreetiefe von zum Beispiel 3,0 in aktuellen Generationen gerechtfertigt. Eine abschließende Bewertung des Verfahrens bedarf allerdings weiterer Diskussion.

7 Vollständigkeitserklärung

Vertragsgemäß ist die Vollständigkeit seitens der Auftraggeberin wie folgt definiert:

Vollständigkeit liegt vor, wenn sämtliche vorhandenen Daten gemäß der vorgegeben Datenstruktur vom Auftragnehmer erfasst und im Sinne des vorliegenden Auftrages bearbeitet werden. Die Auftraggeberin behält sich vor, eine ausreichende Datengrundlage wie folgt zu definieren: Der Vertrag ist erfüllt, wenn die erhobenen Daten der relevanten Schweinerassen gemäß den nachfolgenden Vorgaben bei der Auftraggeberin vorgelegt werden. Eine vollständige Erfassung ist anzustreben. ‚Relevant‘ sind die von der Auftraggeberin im Vertrag aufgeführten Schweinerassen.

- I. Von sämtlichen in Herdbüchern eingetragenen Zuchttieren der im Vertrag aufgeführten Schweinerassen sind mindestens 85 % zu erfassen.
- II. Die zum Zeitpunkt der Erhebung in deutschen Herdbüchern eingetragenen Zuchttiere der Rasse „Deutsches Edelschwein“ und „Deutsche Landrasse“ sind mindestens zu 80 % zu erfassen und an die Auftraggeberin zu melden.
- III. Für die zahlenmäßig schwachen Rassen „rotbuntes Husumer Schwein“, „Buntes Bentheimer Schwein“, „Angler Sattelschwein“, „Deutsches Sattelschwein“ und „Schwäbisch-Hällisches Schwein“ ist eine Totalerfassung anzustreben. Sofern dies nicht möglich ist, sind die Hindernisgründe im Bericht ausdrücklich zu erläutern.

Alle drei genannten Anforderungen konnten mehr als erfüllt werden. Da alle relevanten Herdbuchzuchtorganisationen mit den in ihren Herdbüchern elektronisch geführten Rassen erhoben wurden, kann bei allen geforderten Rassen von einer 100 % igen Erfassung ausgegangen werden.

8 Prognose über den finanziellen und personellen Aufwand künftiger Erhebungen

Mit dem abgeschlossenen Projekt konnte die Grundlage für eine systematische Erhebung und Auswertung von Abstammungsdaten zum Zwecke der Berechnung von Inzuchtgrad und effektiver Populationsgröße sowie zur Beurteilung der Gefährdung verschiedener Rassen geschaffen werden.

Es konnten wertvolle Impulse zur Optimierung der Datendokumentation in den Verbänden gegeben werden. Hierauf aufbauend ist zu erwarten, dass sich der Aufwand für die Erhebung, Zusammenführung und Auswertung der Daten für den o. g. Zweck mittel- und langfristig deutlich verringern wird. Dennoch ist davon auszugehen, dass vergleichbare Erhebungen noch mit nennenswertem Aufwand für die Analyse und Bereinigung der Datensätze verbunden sein werden, solange die einzelnen Verbände eigenständig agieren und über keine gemeinsame Herdbuchführung verfügen.

So dürfte unter Nutzung des mit diesem Projekt geschaffenen Instrumentariums und Wissens künftig mindestens mit folgendem Zeitbedarf je Erhebung zu rechnen sein:

*Die folgenden Kalkulationen liegen der Auftraggeberin vor,
werden jedoch aufgrund möglicher künftiger
wettbewerblicher Verfahren nicht veröffentlicht.*

9 Zusammenfassung

Aufgabe des Projektes war es, deutschlandweit je einen Datenbestand für die einzelnen Schweinerassen zu gewinnen und dafür jeweils die effektive Populationsgröße sowie den Inzuchtgrad zu berechnen. Hierfür wurde ein geeignetes, wiederholbares Verfahren entwickelt und dokumentiert. Auf dieser Grundlage war der Gefährdungsstatus zu bewerten.

In einem ersten Schritt galt es, alle Schweinezuchtverbände für eine Projektbeteiligung zu gewinnen und eine erste Datenlieferung aus den Verbänden zu erhalten. Diese Datenlieferung bildete die Grundlage für eine eingehende Analyse und für die Formulierung konkreter Mindestanforderungen an die Datenqualität, als Voraussetzung für die Berechnung der effektiven Populationsgröße und des Inzuchtgrades.

Anhand eines entsprechenden Fehlerprotokolls wurden die Verbände aufgefordert, ihre Datenführung zu überprüfen und ggf. zu korrigieren sowie die vorgegebene Schnittstelle (Datenstrukturbeschreibung) korrekt zu bedienen.

Auf der Grundlage eines Treffens mit den Verbänden sowie mit Hilfe mehrerer Rundschreiben und letztlich mit einer Vielzahl von Telefonaten konnte eine zweite Datenlieferung aus allen Verbänden für alle Rassen (eingetragene Zuchttiere) erreicht werden. Auftragsgemäß wurden nur elektronisch erfasste Daten übermittelt.

Die systematische Bereinigung und Auswertung der übermittelten Daten wurde mit Hilfe einer MS-SQL Server Datenbank durch das Bonner Institut für Tierwissenschaften realisiert. In verschiedenen Korrekturschritten wurden alle doppelten und nicht plausiblen Datensätze von der Auswertung ausgeschlossen.

Die Bewertung des Gefährdungsgrades der einzelnen Rassen erfolgte gemäß den Vorgaben des IBV. Zur Berechnung der effektiven Populationsgröße wurden zwei Methoden, Berechnung nach der Formel von HILL (N_{eHill}) und mittels individueller Inzuchtsteigerung ($N_{e\Delta Fi}$), herangezogen und miteinander verglichen. Dabei erwies sich die Methode $N_{e\Delta Fi}$ vorteilhafter gegenüber der Methode HILL (vgl. Kapitel 4 und 6.2). Auf Grundlage dieser Methode wurden die untersuchten Rassepopulationen wie folgt eingestuft:

- Deutsche Landrasse = Beobachtungspopulation (BEO)
- Deutsches Edelschwein = Beobachtungspopulation (BEO)
- Bunte Bentheimer = Erhaltungspopulation (ERH)
- Schwäbisch-Hällische-Rasse = Phänotypische Erhaltungspopulation (PERH)
- Deutsches- /Angler Sattelschwein = Erhaltungspopulation (ERH)
- Rotbunte Husumer = Phänotypische Erhaltungspopulation (PERH)
- Leicoma = Beobachtungspopulation (BEO)

Der Einfachheit halber sind auch die in den Verbänden geführten sonstigen Rassen (Pi, Du, Ha, LB) in die Auswertung einbezogen worden.

Um eine abschließende Bewertung des Verfahrens und der Einstufung der Rassen vornehmen zu können, wird eine Diskussion im Expertenkreis als für erforderlich erachtet. Die verschiedenen Arbeitsschritte wurden nachvollziehbar dokumentiert, so dass weiter jährliche Erhebungen vergleichbar möglich sind.

Auftragsgemäß wurde der erhobene Datenbestand mit Satzbeschreibung (im Original und in bereinigter Form) sowie der vorliegende Abschlussbericht erstellt und der Auftraggeberin mit einer einmonatigen Fristverlängerung (s. Schreiben vom 22.06.2009) termingerecht zum 31.08.2009 (Datenbestand) bzw. 14.09.2009 (Abschlußbericht) übermittelt.

Bonn, 14.09.2009

Ort, Datum

Dr. Jens Ingwersen

10 Anhang

10.1 Projektpartner

Schweinezuchtverband bzw. Rechenstelle	Anschrift	Ansprechpartner/in
Erzeugergemeinschaft und Züchtervereinigung für Zucht- und Hybridschweine in Bayern w.V. (EGZH)	Haydnstr. 11, 80336 München	Herr König
Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) (Rechenstelle für EGZH)	Institut für Tierzucht, Prof.-Dürrwaechter-Platz 1, 85586 Poing-Grub	Herr Dr. Jörg Dodenhoff
Schweinezuchtverband Baden-Württemberg e.V.	Im Wolfer 10, 70599 Stuttgart-Plieningen	Herr Andreas Schnaidt
Züchtervereinigung Schwäbisch-Hällisches Schwein e.V.	Haller Str. 20, 74549 Wolpertshausen	Herr Christoph Zimmer
Mitteldeutscher Schweinezuchtverband e.V. (MSZV)	August-Bebel-Straße 6, 09577 Niederwiesa OT Lichtenwalde	Frau Maritta Michel
Verband der Schweinezüchter Hessen (VSH)	Am Fleckenberg 12, 65549 Limburg/Lahn	Herr Horz
Verband für Schweineproduktion Rheinland-Pfalz-Saar e.V. (VSR)	Burgenlandstraße 7, 55543 Bad Kreuznach	Frau Brigitte Meckenstock
Landesverband Rheinischer Schweinezüchter e.V. (LRS)	Dechant - Kreiten - Straße 1a, 53340 Meckenheim	Herr Hubert Eping
Verein zur Erhaltung des Bunten Bentheimer Schweines e.V. (Züchtervereinigung „Nordschwein“)	Burenegge 5, 26936 Stadland	Herr Jörg Tweitmann
Niedersächsische Erzeugergemeinschaft für Zuchtschweine eG (NEZ)	Europaplatz 14-16, 26123 Oldenburg	Herr Dr. Helmut Neufeldt
Hybridschweinezuchtverband Nord/Ost e.V. (HSZV)	Basedower Str. 86, 17139 Malchin	Frau Annegret Walter
Schweineherdbuchzucht Schleswig-Holstein e.V. (SHZ)	Rendsburger Str. 178, 24537 Neumünster	Herr Dr. Bielfeldt

10.2 Daten nach Geburtsjahr

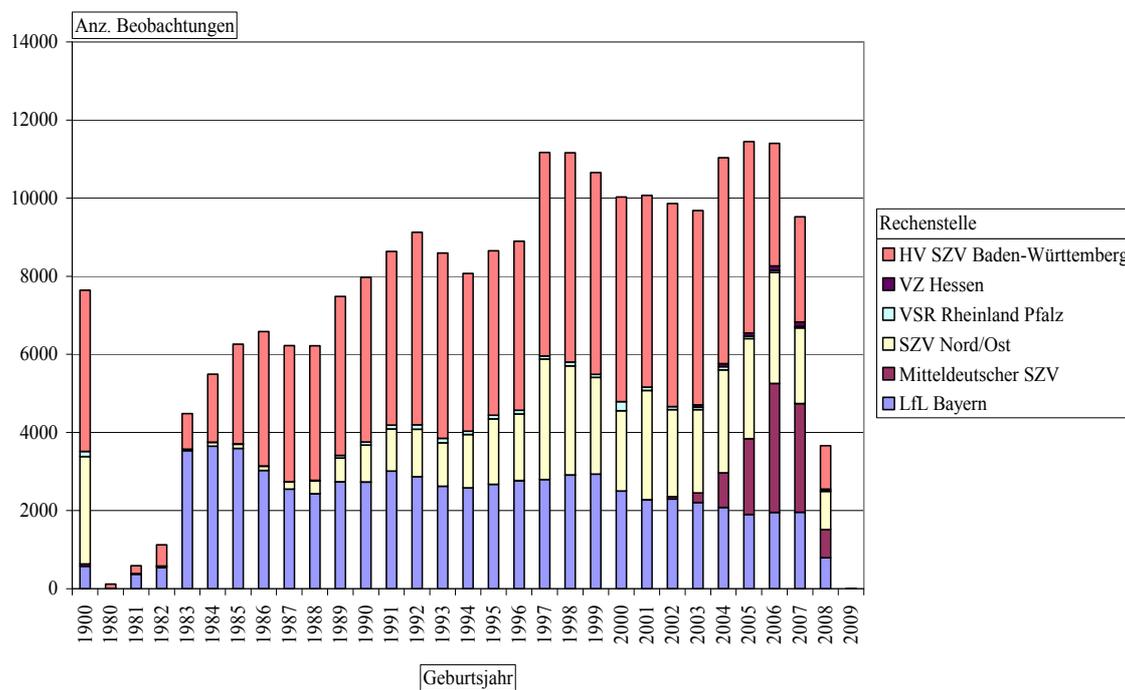


Abbildung 38: Anzahl Beobachtungen der Rasse Deutsche Landrasse, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle

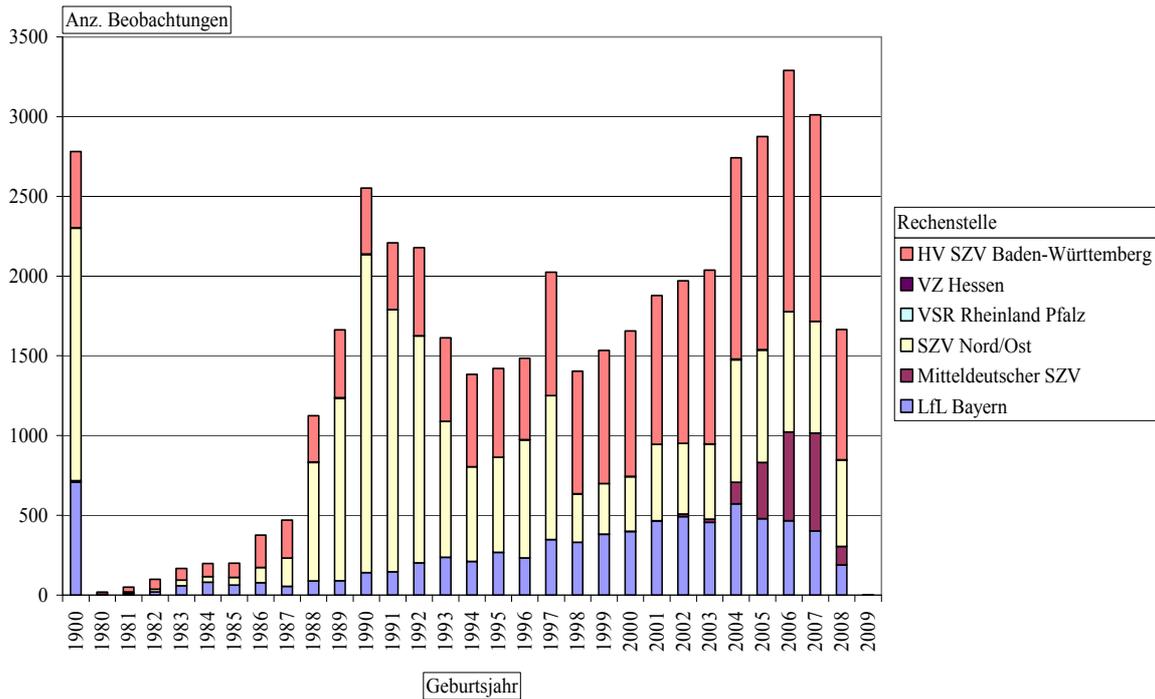


Abbildung 39: Anzahl Beobachtungen der Rasse Deutsches Edelschwein, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle

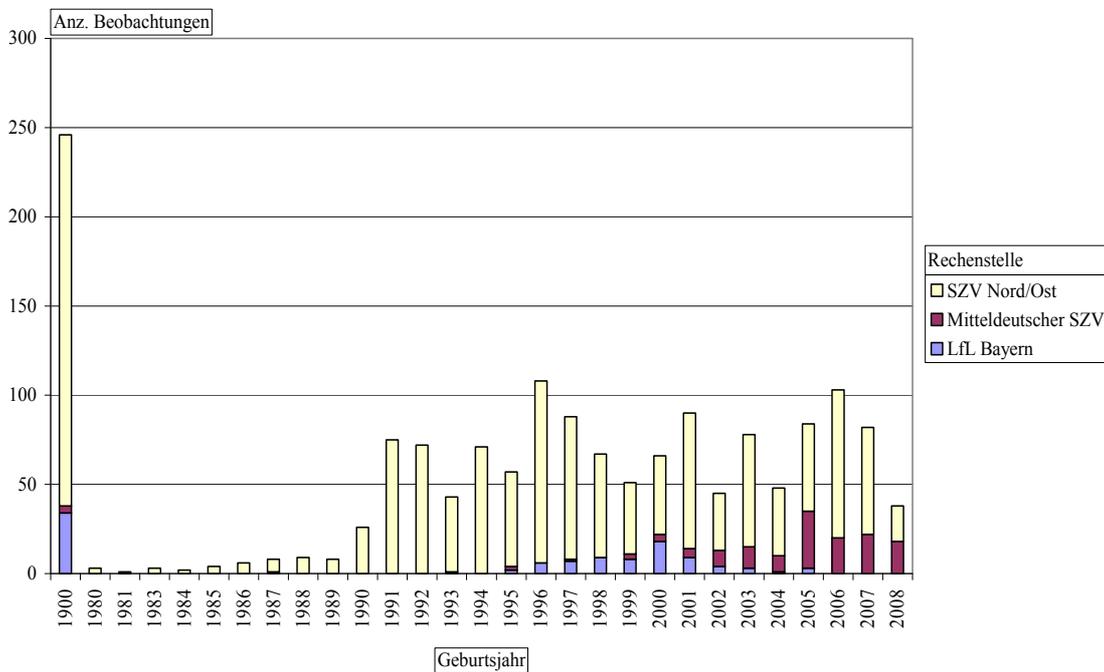


Abbildung 40: Anzahl Beobachtungen der Rasse Angler/Deutsches Sattelschwein, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle

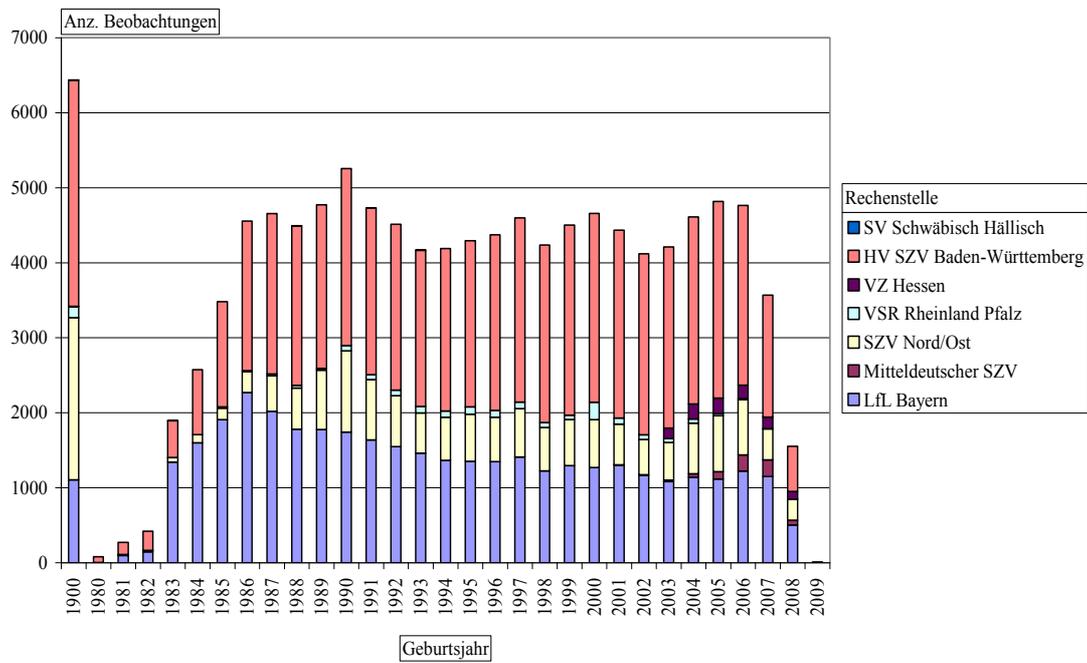


Abbildung 41: Anzahl Beobachtungen der Rasse Pietrain, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle

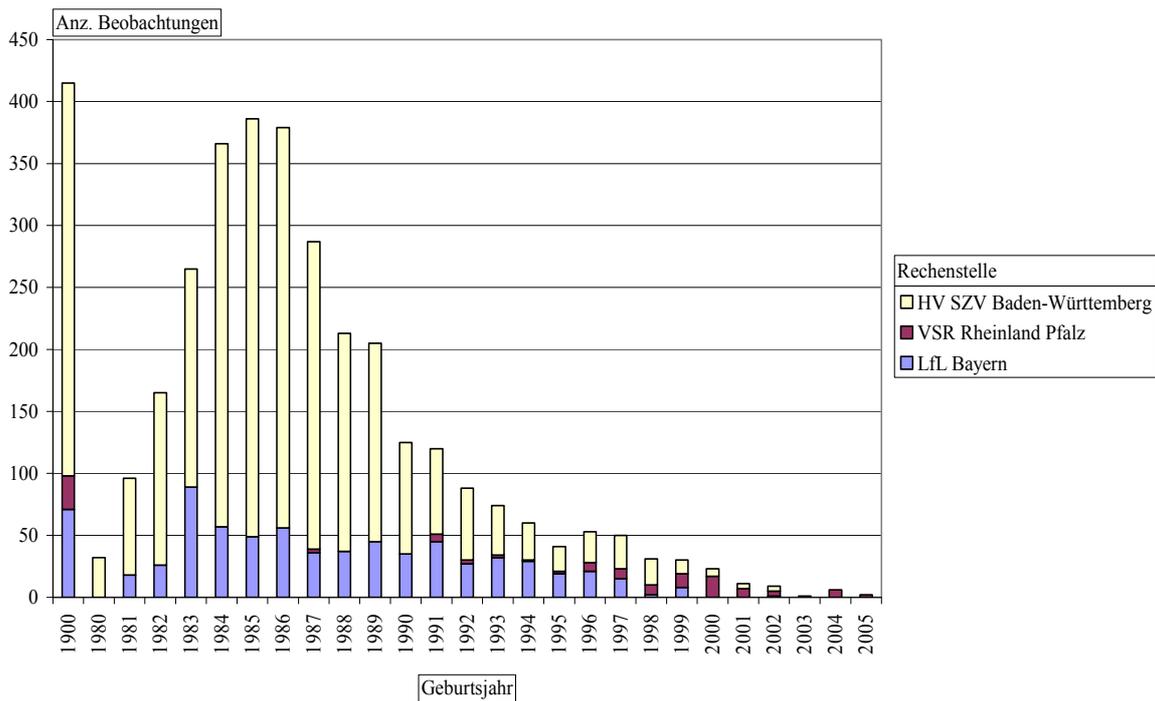


Abbildung 42: Anzahl Beobachtungen der Rasse Belgische Landrasse, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle

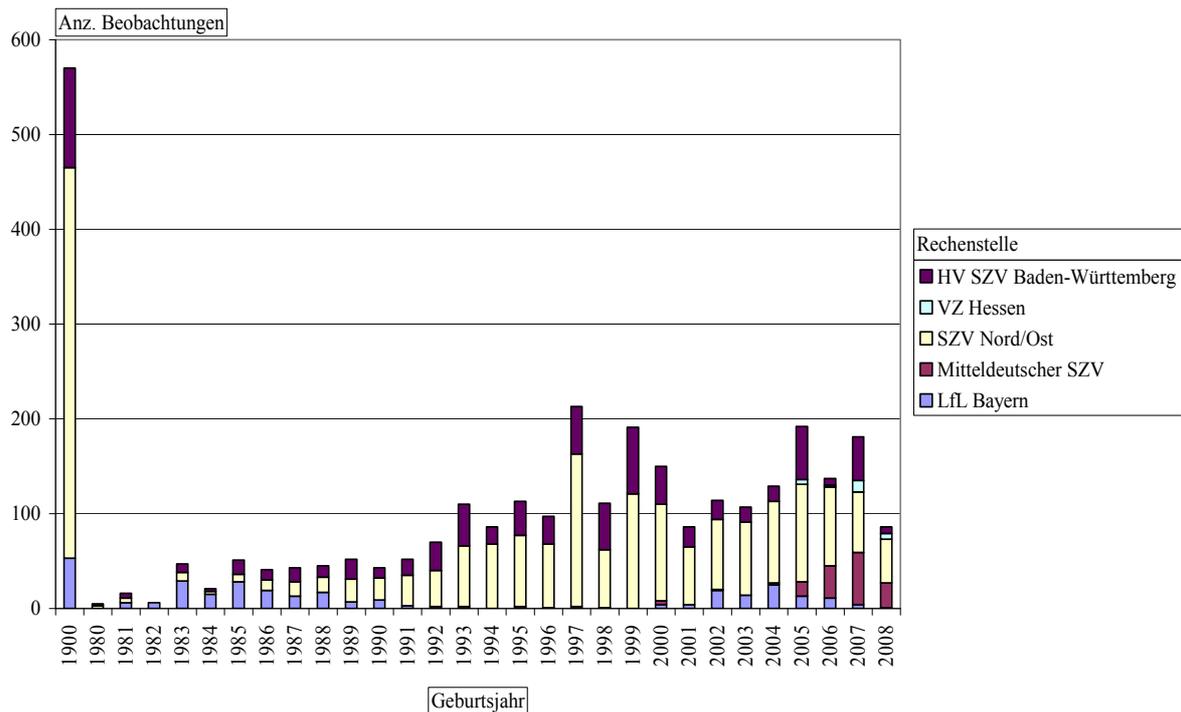


Abbildung 43: Anzahl Beobachtungen der Rasse Duroc, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle

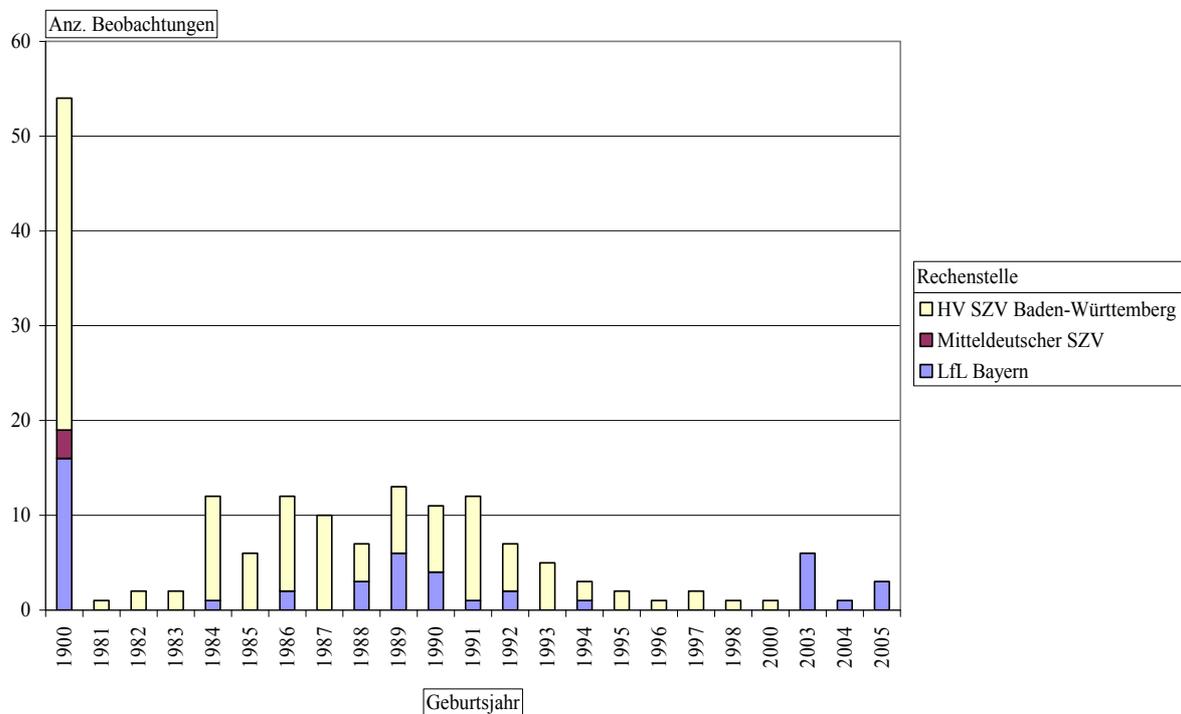


Abbildung 44: Anzahl Beobachtungen der Rasse Hampshire, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle

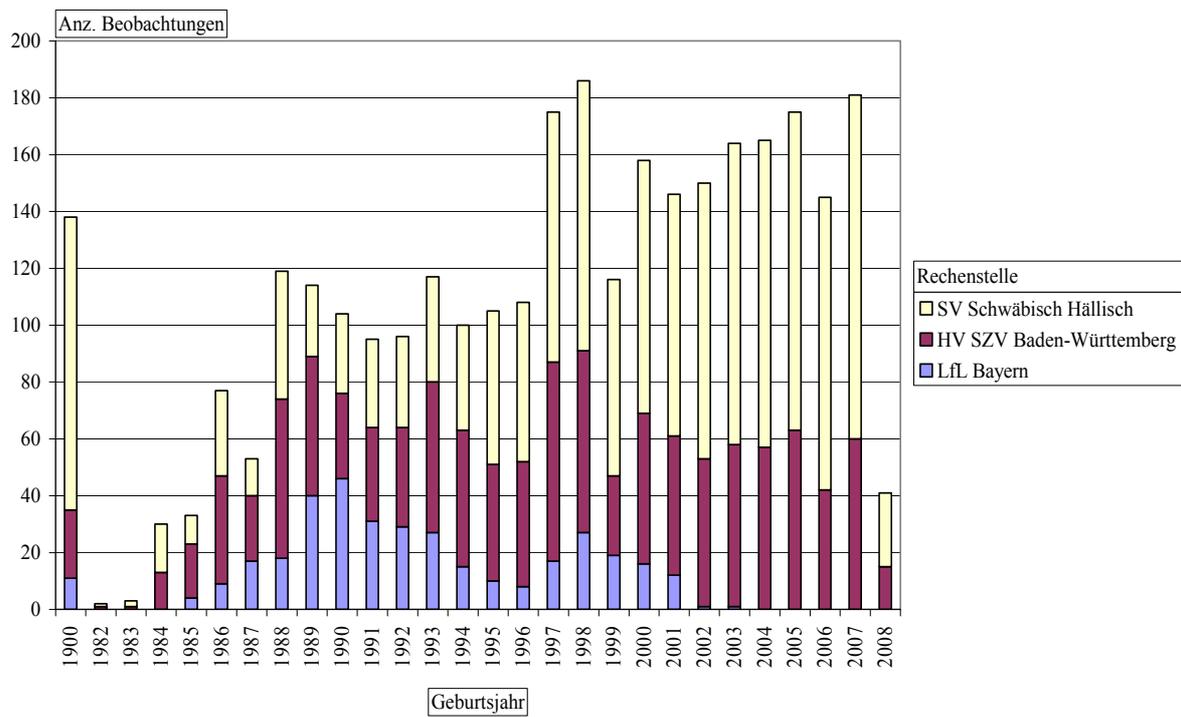


Abbildung 45: Anzahl Beobachtungen der Rasse Schwäbisch Hällisch, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle

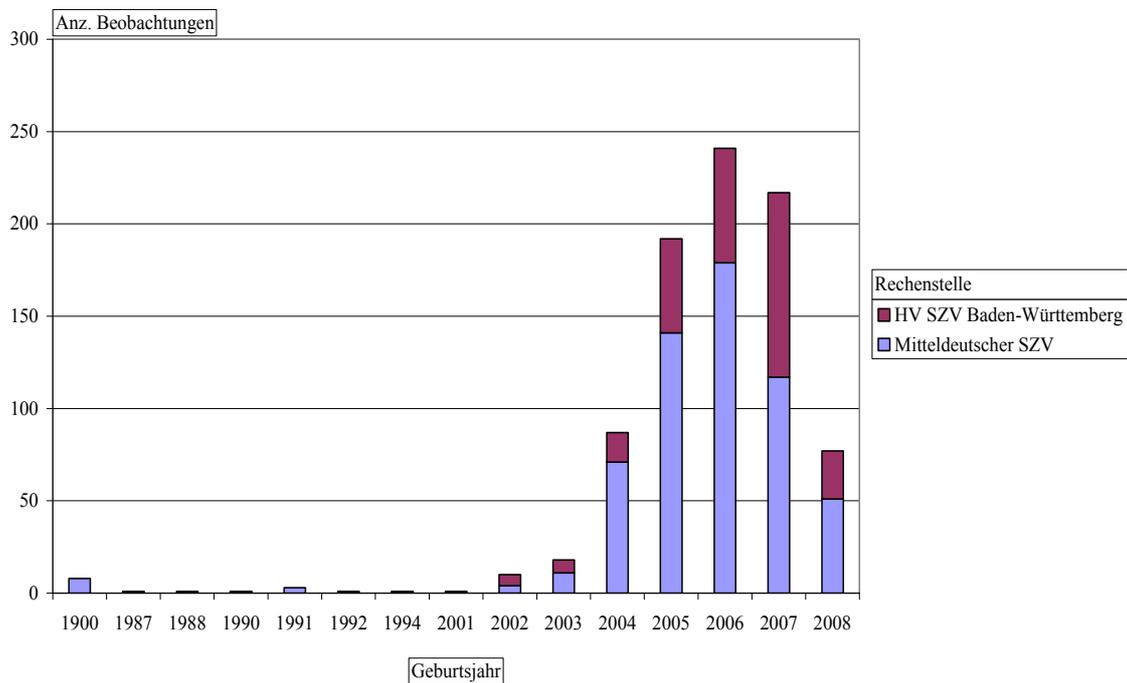


Abbildung 46: Anzahl Beobachtungen der Rasse Leicoma, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle

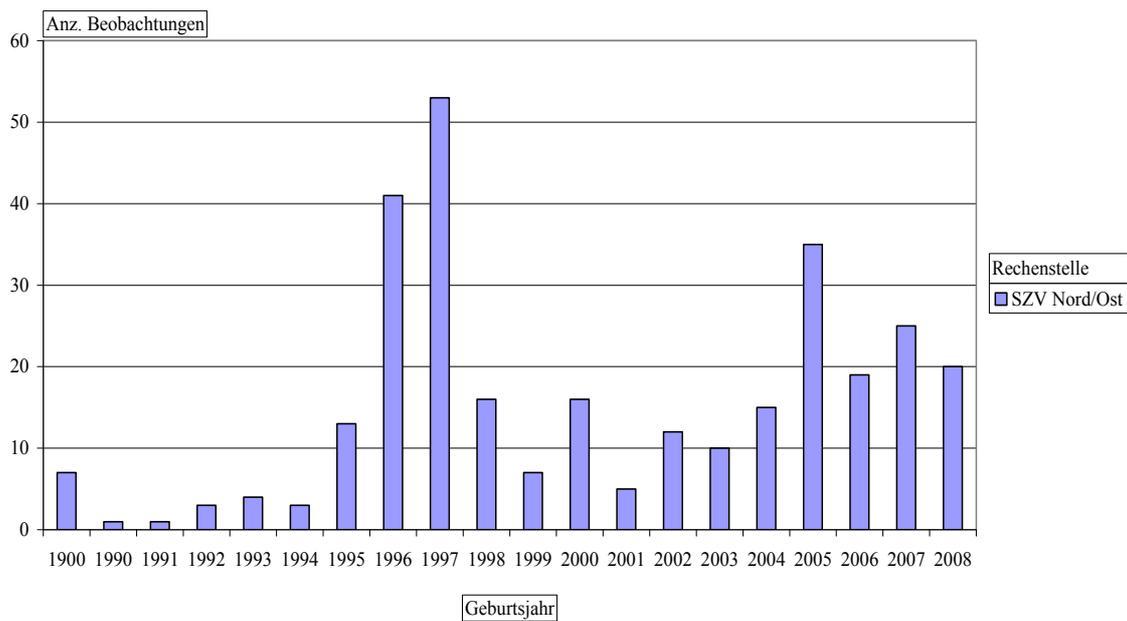


Abbildung 47: Anzahl Beobachtungen der Rasse Rote Husumer, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle

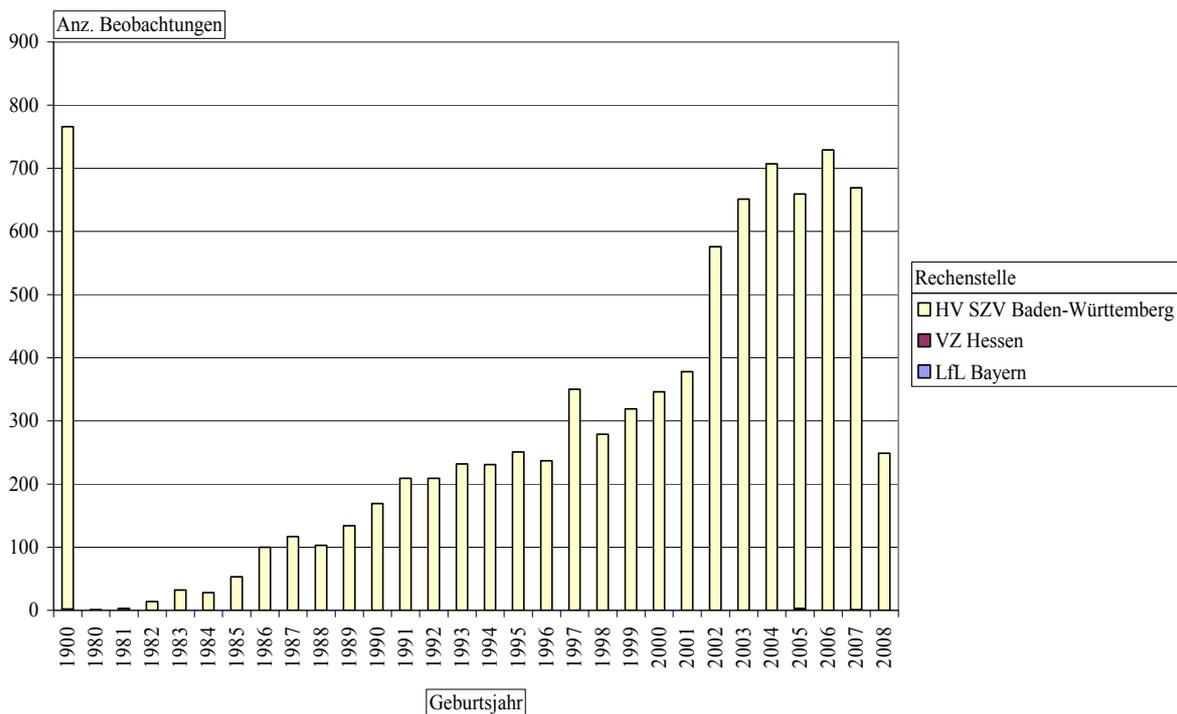


Abbildung 48: Anzahl Beobachtungen der Rasse Large White, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle

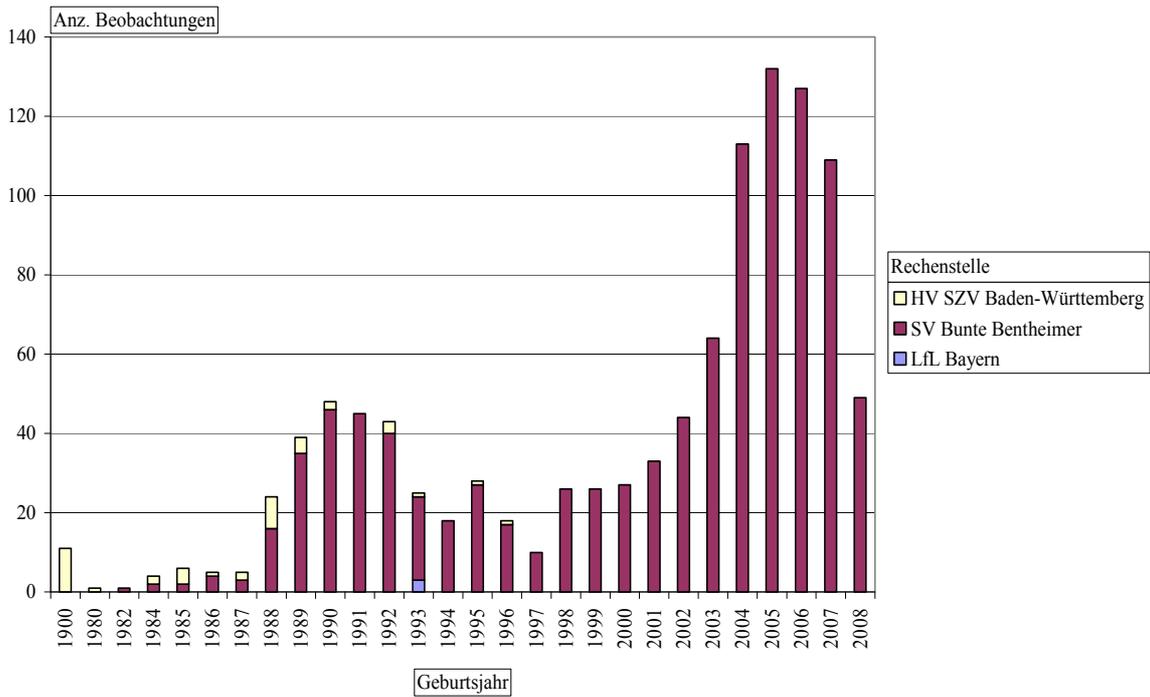


Abbildung 49: Anzahl Beobachtungen der Rasse Bunte Bentheimer, getrennt nach Geburtsjahr (1900 = fehlender Wert) und Rechenstelle

10.3 Fragebogen zur Fehleranalyse nach 1. Datenimport

Auf den folgenden Seiten ist der gesamte Antwortbogen für Fragen zum „Monitoring tiergenetischer Ressourcen“ abgebildet. Die Beantwortung der Fragen diente zur Klärung fehlerhafter Datensätze aus der ersten Datenlieferung und gleichzeitig als Verständnisgrundlage für die zweite Datenlieferung. Der Antwortbogen wurde an alle beteiligten Organisationen zirkuliert.

BEANTWORTUNGSBOGEN
für Fragen zum "Monitoring genetischer Ressourcen"

Daten: <<<Organisationsname>>>

1. Fragen zum Feld: Herdbuch-Nummer

Grundsatz: Datensätze ohne plausible Herdbuchnummer können nicht bearbeitet werden.

Frage 1a): Sind Ziffern ohne führende Nullen denen mit führenden Nullen gleich zusetzen (Beispiel: 7 = 007)?

Antwort: Ja

Nein

Bemerkung:

Frage 1b): Gibt es Herdbuchnummern, die als Platzhalter („Dummy Nr.“) für unsichere Identifikationen dienen (z.B. 9999)

Antwort: Ja

Welche Nummern sind Dummyangaben?

Nein

Bemerkung:

2. Fragen: Primärschlüssel

Frage 2a) Es wurden Tiere mit identischem Primärschlüssel, aber ungleicher Abstammung festgestellt; wie ist dies zu bewerten?

Antwort: Darf nicht vorkommen

Einzelfallprüfung

Abstammung als fehlend („missing“) deklarieren

kann vorkommen

Begründung:

Handelt es sich identische Tiere (J/N)?

Frage 2b) Es wurden Tiere festgestellt, die aufgrund des Geschlechts, der Rasse und der Mutter sowie der Spitznummer identisch sind, jedoch eine unterschiedliche Herdbuchnummer aufweisen; Möglicherweise handelt es sich um eine Umkodierung der Herdbuchnummer. Wie ist hiermit zu verfahren?

Antwort: Darf nicht vorkommen

Einzelfallprüfung

kann vorkommen

Begründung:

Handelt es sich um identische Tiere (J/N) ?

Frage 2c) Es wurden Tiere mit identischem Primärschlüssel aber unterschiedlicher, vorhandener Spitzenummer festgestellt; wie ist hiermit zu verfahren?

Antwort: Darf nicht vorkommen

Einzelfallprüfung (E) oder ignorieren (I)

kann vorkommen

Begründung:

Handelt es sich um identische Tiere (J/N)?

Frage 2d) Es wurden Tiere mit identischem Primärschlüssel aber unterschiedlichen Geburtsdaten festgestellt. Handelt es sich um identische Tiere?

Antwort: Ja

Welches Geburtsdatum soll verwendet werden?

Nein

Erklärung:

Frage 2e): Es wurden Tiere mit identischen Primärschlüssel, festgestellt, aber die Abstammung liegt bei einem Tier vor, beim zweiten ist diese Information nicht vorhanden. Wie ist hiermit zu verfahren?

Antwort: Darf nicht vorkommen

Einzelfallprüfung (E) oder ignorieren (I)

kann vorkommen

Erklärung:

Handelt es sich um identische Tiere (J/N)?

3. Fragen: Primärschlüssel und Verbandsnummer

Grundsatz: Verbandsnummer ist teil des Primärschlüssels

Frage 3a): Es wurden Tiere ohne Verbandsnummerangabe festgestellt. Wie ist damit zu verfahren? Kann generell davon ausgegangen werden, dass diese Tiere im datenliefernden Verband geboren wurden und gehalten werden?

Antwort: Ja

Nein

Bemerkung:

Frage 3b): Es wurden Eltern ohne Verbandsnummerangabe festgestellt. Wie ist damit zu verfahren? Kann generell davon ausgegangen werden, dass diese Tiere im gleichen Verband wie ihr Nachkomme geboren wurden und gehalten werden?

Antwort: Ja

Nein

Bemerkung:

Frage 3c): Es wurden Tiere mit identischen Angaben beim Geschlecht, Rasse, Herdbuchnummer sowie gleicher, **bekannter** Abstammung, aber ungleicher Verbandsnummer festgestellt. Wie ist hiermit zu verfahren?

Antwort: Darf nicht vorkommen

Einzelfallprüfung

kann vorkommen

Erklärung:

Handelt es sich um identische Tiere (J/N)?

Frage 3d): Es wurden Tiere mit identischen Angaben beim Geschlecht, Rasse, Herdbuchnummer festgestellt, aber die Verbandsnummer ist unterschiedlich und - im Gegensatz zu 3c - fehlt bei einem Tier die Abstammungsangabe (**Wichtiges Problem !!!**). Wie ist hiermit zu verfahren?

Antwort: Darf nicht vorkommen:
Einzelfallprüfung
kann vorkommen
Handelt es sich um identische Tiere (J/N)?
Erklärung:

4. Fragen: Rasse

Grundsatz: Datensätze ohne plausible Rassenangabe können nicht bearbeitet werden. Es gilt der beigefügte ZDS-Rassencode; die dort noch nicht vorgesehene Rasse "Rotbunte Husumer" erhält den Code ,11' !

Frage 4a): Es wurden Tiere mit einem Rassecode >13 festgestellt, kann generell davon ausgegangen werden, dass es sich um Kreuzungstiere handelt (im Monitoring zu ignorieren)?

Antwort: Ja
Nein
Bemerkung:

Frage 4b): Es wurden Tiere ohne Rassenangabe zu einem oder beiden Eltern festgestellt; kann generell bei einem Rassecode <14 (Reinzucht) davon ausgegangen werden, dass die Rasse der Eltern der Rasse des Nachkommens entspricht?

Antwort: Ja

Nein

Bemerkung:

Frage 4c): Es wurden reinrassige Tiere festgestellt, deren Rassencode nicht mit dem der Eltern bzw. einem Elternteil übereinstimmt; wie sind diese Tiere im Rahmen des Monitorings einzustufen

Antwort: Datensatz ignorieren.

Einzelfallprüfung und ggf. korrigieren

Bemerkung:

5. Fragen: Verschiedenes

Frage 5a: Es wurden Tiere mit einem Code "3" festgestellt. Handelt es sich um Kastraten? (**Grundsatz:** Datensätze ohne plausible Angabe des Geschlechts (Code 1 oder 2) können nicht bearbeitet werden)

Antwort: Ja

Nein

Erklärung

Frage 5b: Es wurden Tiere mit Spitzennummer 999 festgestellt. Wie ist damit zu verfahren? (**Grundsatz:** Spitzennummern müssen real angegeben werden. Wenn keine Spitzennummer vorliegt, ist dies Feld mit "0" zu füllen.)

Antwort: Spitzennummer wird auf fehlend gesetzt
Einzelfallprüfung
Gibt es weitere Dummy-Nummern?
Wenn ja, welche?
Bemerkung:

Frage 5c: Es wurden Tiere mit ungewöhnlich hoher Anzahl eingetragenen Nachkommen festgestellt.

(Sauen > 100 eingetragene Nachkommen)
(Eber > 1.000 eingetragener Nachkommen)
Wie ist das zu erklären?

Antwort: Darf nicht vorkommen;
kann vorkommen
Erklärung:

Frage 5d: Es wurden Tiere festgestellt, deren Herdbuchnummer mit der Nummer eines Elternteils identisch ist. Zudem gibt es identische Mutter- und Vaternummern. Wie ist damit zu verfahren?

Antwort: Einzelfallprüfung und ggf. Korrektur erforderlich
Elternangaben werden als fehlend betrachtet
Erläuterungen:

11 Literatur

- ALVAREZ I., ROYO L.J., GUTIERREZ J.P., FERNANDEZ I., ARRANZ J.J., GOYACHE F., 2008. Relationship between genealogical and microsatellite information characterising losses of genetic variability: empirical evidence from the rare Xalda sheep breed, *Livest. Sci.* 115 (2008) 80–88.
- BAUMUNG R., SÖLKNER J., 2003. Pedigree and marker information requirements to monitor genetic variability, *Genet. Sel. Evol.* 35 (2003) 369–383.
- BOICHARD D., 2002. PEDIG: a FORTRAN package for pedigree analysis suited for large populations, in: *Proc. 7th World Cong. Genet. Appl. to Livest. Prod.*, Montpellier, 19_23 August 2002, INRA, Castanet-Tolosan, France, CD-Rom, comm. No. 28-13.
- CERVANTES, I., GOYACHE, F., MOLINA, A., VALERA, M., GUTIÉRREZ, J.P., 2008. Application of individual increase in inbreeding to estimate effective sizes from real pedigrees. *J. Anim. Breed. Genet.*, 125, 301-310.
- FALCONER DS, MACKAY TFC, 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*, Longman, Harlow.
- GOYACHE F, GUTIÉRREZ JP, FERNÁNDEZ I, GÓMEZ E, ÁLVAREZ I, DÍEZ J, ROYO LJ, 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J Anim Breed Genet* 120: 95-103.
- GUTIÉRREZ JP, ALTARRIBA J, DÍAZ C, QUINTANILLA AR, CAÑÓN J, PIEDRAFITA J, 2003. Genetic analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet Sel Evol* 35:43-64.
- GUTIÉRREZ J.P., GOYACHE F., 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information, *J. Anim. Breed. Genet* 122 (2005) 357–360.
- GUTIÉRREZ JP, CERVANTES I, MOLINA A, VALERA M, GOYACHE F, 2008. Individual increase in inbreeding allows estimating realised effective sizes from pedigrees. *Genet. Sel. Evol.*, 40, 359-378.

GUTIÉRREZ, J.P., CERVANTES, I., GOYACHE, F., 2009. Improving the estimation of realised effective population sizes in farm animals. *J. Anim. Breed. Genet.*, in press.

HILL WG, 1979. A note on effective population size with overlapping generations. *Genetics*, 92: 317-322.

GONZÁLEZ-RECIO O, LÓPEZ DE MATURANA E, GUTIÉRREZ JP, 2007. Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 90, 5744-5752.

MACCLUER J, BOYCE B, DYKE L, WEITZKAMP D, PFENNING A, PARSONS C, 1983. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *J. Hered.* 74: 394-399.

MAIGNEL L, BOICHARD D, VERRIER E, 1996. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bull* 14: 49-54.

PÉREZ-ENCISO M, 1995. Use of the uncertain relationship matrix to compute effective population size, *J. Anim. Breed. Genet.* 112: 333-340.

ROYO L.J.,ALVAREZ I., GUTIERREZ J.P., FERNANDEZ I., GOYACHE F., 2007. Genetic variability in the endangered Asturcon pony assessed using genealogical and molecular information, *Livest. Sci.* 107 (2007) 162–169.

SCHÜLER, L.; SWALVE, H., GÖTZ K.-U, 2001. *Grundlagen der quantitativen Genetik.* UTB Eugen, Ulmer GmbH & Co., Stuttgart.

STRANDÉN, I., VUORI, K., 2006. Relax2: pedigree analysis programme. Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, 13-18 August, 2006.

TGRDEU (2007): www.genres.de/tgrdeu