

Endbericht

Erfassungsprojekt Erhebung von Populationsdaten  
tiergenetischer Ressourcen in Deutschland:  
Tierart Rind  
(07BE001)

vorgelegt durch:



Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.



Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft  
Institut für Tierzucht



Arbeitsgemeinschaft Deutscher  
Rinderzüchter e.V.

Verden/Grub/Bonn im Juli 2010

Auftraggeberin:



Bundesanstalt für  
Landwirtschaft und Ernährung

# Inhalt

<b>1</b>	<b>Zusammenfassung</b> .....	3
1.1	Motivation und Zielsetzung .....	3
1.2	Projektorganisation und Aufgaben.....	3
1.3	Projektablauf - LfL.....	5
1.4	Projektablauf - vit.....	6
1.5	Vorträge und Publikationen .....	9
<b>2</b>	<b>Dokumentation der Methoden</b> .....	10
2.1	Generationsintervall .....	10
2.2	Pedigree Completeness Index (PCI) .....	10
2.3	Coancestry und Inzucht.....	11
2.4	Effektive Populationsgröße.....	11
2.5	Basistier -, Ahnen - und Rassebeiträge .....	12
2.6	Effektive Anzahl Basistiere und effektive Anzahl Ahnen .....	13
2.7	Literaturverzeichnis.....	15
2.8	Dokumentation des Programmablaufs – LfL.....	17
2.9	Dokumentation des Monitorings der einzelnen Rassen – LfL.....	25
2.10	Dokumentation des Programmablaufs - vit.....	31
2.11	Dokumentation des Monitorings der einzelnen Rassen – vit.....	46
<b>3</b>	<b>Gesamtstatusbericht</b> .....	50
3.1	Einleitung und Problemstellung .....	50
3.2	Kurzbeschreibung der an der Bietergemeinschaft beteiligten Organisationen .....	51
3.3	Aufgaben .....	51
3.4	Verwendete Parameter und Methoden .....	52
3.5	Datengrundlage .....	53
3.6	Erstellte Datensätze für das Monitoring.....	53
3.7	Ergebnisse .....	54
3.8	Bewertung der Ergebnisse der einzelnen Rassen.....	59
3.9	Bewertung des entwickelten Routineverfahrens für ein genetisches Monitoring....	63
<b>4</b>	<b>Gesamtbewertung des Projektes</b> .....	65
4.1	Datenbeschaffung LfL.....	65
4.2	Datenbeschaffung vit.....	65
4.3	Parameterwahl .....	66
4.4	Infrastruktur LfL .....	67
4.5	Infrastruktur vit .....	68
4.6	Einteilung in Gefährdungsklassen.....	68
4.7	Ableitung von Zuchtstrategien anhand der berechneten Ergebnisse .....	69
4.8	Abgrenzung des entwickelten Verfahrens zu anderen Anwendungen.....	70
4.9	Einschätzung eines zukünftigen Monitorings .....	72
4.10	Ausblick .....	76
4.11	Literaturverzeichnis.....	77
<b>5</b>	<b>Statusberichte der einzelnen Rassen .....</b>	<b>Fehler! Textmarke nicht definiert.</b>

# **1 Zusammenfassung**

## **1.1 Motivation und Zielsetzung**

In der Neufassung des deutschen Tierzuchtgesetzes aus dem Jahr 2006 ist eine regelmäßige Erfassung tiergenetischer Ressourcen und eine Bewertung der Situation im Hinblick auf die Gefährdung gesetzlich vorgeschrieben. Die für eine solche Bewertung notwendigen Maßzahlen sind lt. § 9 TierZG mittels eines regelmäßigen Monitorings zu erfassen. Im Rahmen eines vom Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) initiierten und durch die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) betreuten Projektes wurden Konzepte für ein solches Monitoring bei der Tierart Rind erarbeitet. In der Folge wurden Statusberichte über die genetische Struktur der heimischen Rinderrassen erstellt. Dazu war es erforderlich, eine möglichst vollständige Erhebung relevanter Daten dieser Rassen durchzuführen. Die aus den erhobenen Daten ermittelten Ergebnisse und Zusammenfassungen müssen im Sinne des Nationalen Fachprogramms für die Zentrale Dokumentation Tiergenetischer Ressourcen (TGRDEU) bereitgestellt und für die Behörden des Bundes und der Länder, für die Tierzuchtorganisationen, Fachgremien und für die interessierte Öffentlichkeit zugänglich gemacht werden.

Im Rahmen des Projektes wurde in zwei aufeinanderfolgenden Jahren ein genetisches Monitoring von 22 Rinderpopulationen erstellt. Ziel war es, ein möglichst automatisierbares Verfahren zu entwickeln, so dass auch in Zukunft ein routinemäßiges Monitoring schnell und unkompliziert durchgeführt werden kann.

## **1.2 Projektorganisation und Aufgaben**

Die beiden Rechenstellen LfL-ITZ in Grub und die vit in Verden haben unter der Projektkoordination der ADR in Bonn für ihren im November 2007 eingereichten Projektantrag den Zuschlag bekommen, das Projekt beginnend ab dem 14. März 2008 zu bearbeiten. Hierbei übernimmt die ADR die Rolle des Bindeglieds und Ansprechpartners für die BLE, den Zuchtverbänden als Besitzer der Daten sowie den beiden Rechenstellen LfL-ITZ und vit als datenverarbeitende Stellen. Die beiden Rechenstellen wiederum sind für die Entwicklerarbeiten und die Datenanalyse verantwortlich. Dabei wurden die 22 zu bearbeitenden Rassen anhand ihrer regionalen Herkunft bzw. anhand der verantwortlichen Zuchtwertschätzstelle auf die beiden Rechenstellen aufgeteilt.

Die Projektaufgaben und die Zeitplanung sind im Projektantrag beschrieben und wurden im Rahmen des Genehmigungsverfahrens konkretisiert. In beiden Rechenstellen sollte ein gemeinsam abgestimmtes Verfahren entwickelt werden, das dann auf die jeweils zugeteilten Rinderrassen angewendet werden sollte. Hierbei ist anzumerken, dass entgegen des Ausschreibungsinhaltes keine Einzeltierdaten an die Auftraggeberin ausgehändigt wurden, was auch vertraglich zwischen den Partnern fixiert wurde. Im Laufe der zwei Projektjahre wurden

mehrere Arbeitstreffen durchgeführt, bei denen regelmäßig auch Vertreter aus Zucht und Besamung eingeladen wurden, um eine nötige Transparenz zu gewährleisten.

Arbeitstreffen mit Schwerpunkten:

*Arbeitstreffen am 29.04.2008 in Bonn (mit Vertretern der BLE)*

- Abstimmung der zu untersuchenden und anzuwendenden Methoden
- Zeitplanung
- Klärung von Detailfragen mit der BLE
- Abstimmung des Dienstleistungsvertrages

*Arbeitstreffen am 10.10.2008 in Kassel*

- Vorstellung des Entwicklungsstandes
- Bericht und Diskussion erster Ergebnisse aus Testpopulationen (DSN, Gelbvieh)
- Abstimmung des Verfahrens
- Festlegung von drei Rassen je Rechenstelle für den Zwischenbericht

*Arbeitstreffen am 11.02.2009 in Bonn (mit Vertretern der BLE)*

Dieses Treffen wurde entsprechend den Vorgaben des Dienstleistungsvertrages durchgeführt. Demnach sind der Auftraggeberin unter Beteiligung des IBV spätestens ein Jahr nach Zuschlagserteilung erste Ergebnisse zu präsentieren.

- Vorstellung erster Monitoringberichte an Vertreter der BLE durch LfL-ITZ und vit
- Diskussion von Detailfragen zur Auswahl der Monitoring-Ausgangspopulation
- Anforderungen der BLE an den Zwischenbericht
- Zeitplan für zweites Projektjahr

*Arbeitstreffen am 15.04.2010 in Bonn (mit Vertretern der BLE)*

- Vorstellung der Ergebnisse aus dem zweiten Testlauf für alle Rassen durch LfL-ITZ und vit
- Gesamtbewertung des entwickelten Monitoringverfahrens durch die beiden Rechenstellen
- Anforderungen der BLE an den Endbericht

### **1.3 Projektablauf - LfL**

#### *Durchgeführte Arbeiten im 1. Projektjahr*

Die Arbeit an der LfL bestand zu Beginn des Projektes in einer ausführlichen Literatursichtung. Geeignete Parameter zur Beschreibung der genetischen Diversität einer Population auf Basis von Pedigreeinformationen wurden gemeinsam mit dem vit ausgewählt. Weiterhin wurden für die gewählten Populationsparameter verschiedene Methoden evaluiert. Dafür wurden im ITZ der LfL die Rasse Gelbvieh als erste Testrasse gewählt, da die Populationsgröße eine schnelle aber gesicherte Berechnung zuließ. Weiterhin lagen für diese Rasse aktuelle Daten aus der Zuchtwertschätzung vor, und ein guter Kontakt zur Zuchtleitung für etwaige Rückfragen war gegeben. Es erfolgte eine mit dem vit abgestimmte Auswahl der Methoden. Somit wurde sichergestellt, dass beide Rechenstellen jeden Populationsparameter nach derselben Methode berechnen. Die verwendeten Methoden sind ausnahmslos gut dokumentiert und wurden bereits erfolgreich mit realen Datensätzen von verschiedenen Autoren erprobt.

Wichtiger Bestandteil des ersten Projektjahres war die Festlegung der Datenbasis zur Berechnung der Diversitätskennzahlen. Hierbei wurden von LfL und vit unterschiedliche Herangehensweisen bezüglich der Berechnung der Pedigreevollständigkeit zur Bildung der aktuellen Zuchtpopulation getestet. Nach einem Vergleich der Ergebnisse einigte man sich im Beisein von Vertretern der BLE auf die Methode der LfL zur Datensatzerstellung. Darauf aufbauend wurden bei der LfL die nötigen Programmstrukturen geschaffen. Eine genaue Beschreibung der Programmabläufe findet sich in der Dokumentation.

Für die einleitenden Kapitel des Statusberichtes jeder einzelnen Rasse wurden Informationen gesammelt und die Textbausteine für die spätere Verarbeitung im Bericht fertig gestellt. Weiterhin wurden aktuelle Daten für die drei Rassen Gelbvieh, Hinterwälder und Braunvieh vom zentralen Zuchtwertschätz-Pedigree Deutschland/Österreich ausgezogen bzw. im Fall von den Hinterwäldern bei der zuständigen Stelle in Baden-Württemberg angefordert. Die drei erwähnten Rassen wurden für die Vorstellung im Zwischenbericht bearbeitet. Es konnten so die bereits geschaffenen Programmstrukturen und der Programmablauf getestet werden. Es wurden bewusst Rassen unterschiedlicher Populationsgröße und unterschiedlicher züchterischer Bearbeitung (intensives Zuchtprogramm basierend auf künstlicher Besamung vs. Extensivzucht mit Natursprung) für die Erprobung des Verfahrens ausgewählt. Der Zwischenbericht wurde zum Ende des ersten Projektjahres vorgelegt.

#### *Durchgeführte Arbeiten im 2. Projektjahr*

Nach dem erfolgreichen ersten Testlauf für die drei Rassen Gelbvieh, Braunvieh und Hinterwälder, deren Statusberichte im Zwischenbericht enthalten sind, wurden auch für die verbleibenden Rassen die ersten Testläufe durchgeführt. Rasseabhängige Abweichungen vom Standardablauf sind in der Dokumentation näher ausgeführt. Voraussetzung für eine Bearbeitung aller Rassen war die Beschaffung der notwendigen Daten. Für die Rassen

Gelbvieh Fleisch und Hinterwälder Fleisch, die von der LfL zu bearbeiten waren, konnten keine Daten beschafft werden, da diese Zuchtrichtungen in keinem gesonderten Herdbuch geführt werden. Eine Abgrenzung zwischen Doppelnutzung und reiner Fleischnutzung ist bei diesen beiden Rassen somit nicht durchführbar.

Die Fertigstellung des ersten Testlaufs für alle zu bearbeitenden Rassen erfolgte im Herbst 2009. Die entstandenen Berichte wurden nach Rücksprache mit der BLE und mit dem Hinweis, dass es sich um nicht zu veröffentlichende Ergebnisse handelt an die betreuenden Rassevertreter geschickt, um eine Rückmeldung der Verbände im zweiten Testlauf mit aufnehmen zu können. Es konnten so teilweise wichtige zusätzliche Informationen z.B. über Einkreuzungswellen, wichtige Foundertiere oder das aktuelle Zuchtgeschehen für den zweiten Testlauf gewonnen werden.

Daten für den zweiten Testlauf wurden im Herbst 2009 angefordert bzw. bereitgestellt. Außerdem wurden Informationen der einleitenden Kapitel bezüglich des Zuchtprogramms etc. aktualisiert. Die Durchführung des zweiten Testlaufs endete mit dem Jahr 2009. Für die Endfassungen der Statusberichte wurden zum Ende des zweiten Projektjahres noch Details überarbeitet. Bilder von rassetypischen Tieren bzw. Herden für die Titelseite und das Kapitel Rassebeschreibung wurden von den Rassevertretern angefordert bzw. von Mitarbeitern der LfL zur Verfügung gestellt. Zum Ende des zweiten Projektjahres wurden die Statusberichte den Zuchtverbänden zugänglich gemacht. Der Endbericht wurde verfasst und der BLE bzw. dem BMELV zur Bewertung vorgelegt.

#### **1.4 Projektablauf - vit**

##### *Durchgeführte Arbeiten im 1. Projektjahr*

Zur allgemeinen Beschreibung der Historie und Zuchtsituation der Rassen wurde eine Literatursichtung durchgeführt, dabei wurde hauptsächlich auf folgende Informationsquellen zurückgegriffen:

- vit-Jahresberichte
- Informationen aus dem Internet der Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V. bzw. des Informationssystems Genetische Ressourcen
- Informationen durch die für die jeweiligen Rassen zuständigen Zuchtorganisationen
- Informationsmaterial der zuständigen Ministerien
- Informationsmaterial von Vereinen zur Erhaltung und Förderung der jeweiligen Rassen (bei bereits gefährdeten Rassen)
- VIEH (Informationsportal)
- aid infodienst e.V.
- Jahresbericht 2007 des BDF e.V., Bonn

Zur Erarbeitung der theoretischen Grundlagen und der genetisch statistischen Methoden des Monitoringverfahrens wurde die entsprechende nationale und internationale Literatur gesichtet. Eine Übersicht über die wichtigsten relevanten Literaturquellen ist in der Dokumentation der Methoden gegeben.

Die Auswahl der anzuwendenden genetisch statistischen Methoden orientierte sich an entsprechenden Untersuchungen in anderen Rinderpopulationen. Die relevanten Methoden wurden von den Projektpartnern bei den Arbeitstreffen vorgestellt, diskutiert und gegenseitig abgestimmt. Auf Basis dieser Methodenbeschreibungen und Absprachen wurden entsprechende Programme zur Datenextraktion, Datenprüfung, Datenaufbereitung und Datenauswertung entwickelt und in weitestgehend automatisierten Jobstreams organisiert.

Für das genetische Monitoring werden als Datengrundlage zunächst alle Tiere einer vorgegebenen Rasse, die seit 1990 in Deutschland geboren sind, sowie deren Ahnen bis 1950 zurück aus der HB-Zentraldatei extrahiert. Im 1. Projektjahr wurden noch keine externen Abstammungsinformationen zusätzlich verwendet und in die vit-Datengrundlage eingemischt.

Die Entwicklung des Verfahrens (Programme und Jobstream) erfolgte hauptsächlich mit den Daten für die Rasse „Deutsches Schwarzbuntes Niederungsrind“ (DSN). Die Rasse wurde aufgrund ihrer aktuellen Populationsgröße und der verfügbaren Informationsstruktur ausgewählt.

Nach Optimierung des Programmablaufs wurde das Verfahren an den Rassen Holstein Rotbunt (als Vertreter einer großen Zuchtpopulation) und an den Uckermärkern (als Vertreter einer kleinen „synthetischen“ Fleischrinderrasse) getestet. Die ursprüngliche Intension, möglichst viele Programmvorgaben über alle Rassen konstant zu halten, war nicht praktikabel. Dazu ist die Datenstruktur in diesen Rassen bedingt durch die individuellen Zuchthistorien zu unterschiedlich. Daher mussten die einzelnen Programme für die jeweiligen Rassen in größerem Ausmaß speziell angepasst werden. Die Anzahl nötiger Steuerungsparameter, um die Abläufe zu automatisieren, erhöhte sich dadurch beträchtlich.

Mit einer Dokumentation der fachlichen Grundlagen des Monitoringverfahrens wurde begonnen. Parallel zur Einrichtung des Monitorings wurde eine Verfahrenablaufdokumentation erstellt. In ihr sind alle Monitoringschritte, Programme und Linuxscripte ausführlich beschrieben.

Zum Ende des Projektjahres wurde dem Projektgeber ein Zwischenbericht vorgelegt.

### *Durchgeführte Arbeiten im 2. Projektjahr*

Nach Vorstellung und Diskussion der ersten Monitoringberichte mit Projektpartner LfL und dem Projektgeber BLE mussten einzelne Verfahrensschritte, hauptsächlich zur Auswahl der Monitoring-Ausgangspopulation abgestimmt werden. Hierzu wurde auch die AG TGRDEU kontaktiert. Die Programme wurden entsprechend des abgestimmten Beschlusses angepasst. Generell wurden die bestehenden Programme bezüglich Funktionalität und Performance optimiert. Programme zur Analyse effektiver Founder und effektiver Founderbeiträge

wurden ergänzt. Die Statusberichte für die einzelnen Rassen wurden ebenfalls entsprechend erweitert.

Die beschreibenden Kapitel des Monitoringberichtes wurden für alle Rassen aktualisiert und erweitert.

Daten für den 2. Testlauf wurden für alle Rassen vollständig neu aus der HB-Zentraldatei abgezogen und transferiert. Für die Rasse Limpurger wurden die Daten durch eine Zulieferung der LfL ergänzt und abgeglichen. Im Gegenzug wurden der LfL Abstammungsdaten für Pinzgauer und Fleckvieh-Fleisch übermittelt.

Auf diesem Datenstand (Zuchtwertschätzung Dezember 2009) wurden für alle Rassen die Auswertungen neu durchgeführt und die Monitoringberichte erstellt.

Die Projektdokumentation und der Projektendbericht wurden verfasst und zusammen mit den Statusberichten der einzelnen Rassen dem Projektgeber BLE zur Bewertung vorgelegt. Zuvor wurde den Zuchtverbänden ein zusammenfassender Bericht zur Verfügung gestellt.



### **1.5 Vorträge und Publikationen**

Köhn, F., Edel, C., Emmerling, R., Götz, K.-U., 2009. An unified approach for monitoring of genetic resources in German cattle breeds. Vortrag bei der EVT-Jahrestagung, 24.-28. August 2009, Barcelona, Spanien.

Köhn, F., Edel, C., Emmerling, R., Götz, K.-U., 2009. Monitoring genetischer Ressourcen beim Rind: Gelbvieh und Hinterwälder. Vortrag bei der DGfZ/GfT- Gemeinschaftstagung, 16./17. September 2009, Gießen.

Köhn, F., 2009. Monitoring tiergenetischer Ressourcen beim Rind. Vortrag bei der Bayerischen Genreserve, 06. Oktober 2009, Grub.

Köhn, F., 2010. Monitoring der genetischen Vielfalt beim Rind - Ein bundesweites Projekt. Vortrag beim Fachkolloquium der LfL mit Staatsminister Brunner, 04. März 2010, Grub.

Köhn, F., 2010. Monitoring der genetischen Vielfalt bayerischer Rinderrassen. Vortrag beim FÜAK-Seminar "Rinderzucht aktuell", 13./14. April 2010, Schernfeld.

Köhn, F., Edel, C., Emmerling, R., Götz, K.-U., 2010. Monitoring of genetic resources in German cattle breeds using pedigree information. Eingereicht in Animal.

Rensing, S., Reinhardt, F., 2009. Kreuzungszucht und Inzucht bei Milchviehrassen. Vortrag bei RUW, 29. Januar 2010, Lindlar.

Reinhardt, F., 2009. Inzuchtstatus beim Deutschen Schwarzbunten Niederungsrind (DSN, Genreserve). Vortrag bei RBB, April 2009, Groß-Kreutz.

Reinhardt, F., 2009. Inzuchtentwicklung und effektive Populationsgröße in der deutschen HF-Population. Vortrag bei DHV-Zuchtausschuss, Mai 2009, Münster.

## 2 Dokumentation der Methoden

### 2.1 Generationsintervall

Das Generationsintervall berechnet sich aus dem durchschnittlichen Alter der Elterntiere bei Geburt der wiederum zur Zucht verwendeten Nachkommen. Für die in den Berichten dargestellten Grafiken und Schätzwerte wurde für jeden Nachkommenegeburtjahrgang das Alter der Eltern berechnet und über die Mittelwerte der vier Vererbungspfade (Bulle-Bulle, Bulle-Kuh, Kuh-Bulle, Kuh-Kuh) ein jahrgangsspezifisches Generationsintervall berechnet (siehe grafische Darstellung in den Berichten).

Zur Charakterisierung des aktuellen Zustands der Population wurden die berechneten Generationsintervalle der 4 Vererbungspfade anschließend über die Geburtsjahrgänge 1970 bis 2000 gemittelt. Es sei an dieser Stelle darauf hingewiesen, dass die berechneten Werte für das Generationsintervall in den einzelnen Vererbungspfaden stark voneinander abweichen können. Das hat sowohl biologische Gründe als auch Gründe, die das Zuchtmanagement und Zuchtprogramm betreffen.

Für die Berechnung der effektiven Populationsgröße ( $N_e$ ) wurde das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

### 2.2 Pedigree Completeness Index (PCI)

Eine die Vollständigkeit des zu analysierenden Pedigrees charakterisierende Größe ist ein wichtiges Hilfsmittel für die spätere Interpretation der Ergebnisse. Reale Pedigrees von Nutztierpopulationen weisen im Normalfall eine Vielzahl von „losen“ Ästen auf, d.h. Ahneninformationen lassen sich nicht bis zu einer definierten Basis zurückverfolgen. Sind Pfade (Vaterpfad oder Mutterpfad) unvollständig aufgrund in dieser Hinsicht fehlender Informationen, kann dies dazu führen, dass der Inzuchtanstieg unterschätzt wird, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen kann.

In unseren Analysen wurde die Vollständigkeit des Pedigrees mit einem Pedigree Completeness Index (PCI) charakterisiert. Dieser wurde nach der Methode von MacCluer berechnet (MacCluer *et al.*, 1983).

Der PCI für jedes Tier wird anhand des proportionalen Anteils bekannter Vorfahren in jeder zurückliegenden Generation berechnet. Der PCI eines Tieres berechnet sich wie folgt:

$$PCI = \frac{2C_s C_d}{C_s + C_d},$$

wobei  $C_s$  und  $C_d$  die Beiträge des Vater - und Mutterpfades sind. Sie berechnen sich aus:

$$C = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d a_i,$$

wobei  $a_i$  der Anteil der bekannten Ahnen in Generation  $i$  ist und  $d$  die Anzahl der berücksichtigten Generationen (Sorensen *et al.*, 2005).

### **2.3 Coancestry und Inzucht**

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres gibt die Wahrscheinlichkeit an, mit der zwei Allele eines zufälligen Locus herkunftsgleich sind (Kräusslich, 1994). Er berechnet sich aus dem Verwandtschaftskoeffizienten (Coancestry) der Elterntiere, der die Wahrscheinlichkeit angibt, mit der zwei zufällig gezogene Allele dieser zwei Tiere (eines von jedem Tier) herkunftsgleich (identical by descent, ibd) sind. Über die Aufstellung der Verwandtschaftsmatrix lässt sich die jeweilige Coancestry zwischen zwei Tieren leicht ablesen.

Für die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten wurde ein hocheffizienter rekursiver Algorithmus verwendet (Aguilar and Misztal, 2008). Für jedes Tier wurde der Inzuchtkoeffizient mit folgender Formel berechnet:

$$F_x = 0,5R_{sd}$$

wobei  $R_{sd}$  die Coancestry zwischen dem Vater (sire) und der Mutter (dam) ist. Die Berechnung von  $R_{sd}$  ist rekursiv, d.h. es werden jeweils über den Vater- bzw. Mutterpfad rekursiv nach hinten gemeinsame Ahnen der beiden Eltern gesucht und der Verwandtschaftskoeffizient (Coancestry) zwischen dem Vater und der Mutter berechnet.

### **2.4 Effektive Populationsgröße**

Die  $N_e$  gibt die Anzahl von Zuchttieren einer idealisierten Population, die den berechneten Inzuchtzuwachs der untersuchten Population erreichen würde (Falconer and Mackay, 1996). Die idealisierte Population ist gekennzeichnet durch eine unendliche Populationsgröße, Zufallspaarung, einer Varianz der Familiengröße, die im Wesentlichen der Poissonverteilung entspricht und der Abwesenheit von Selektion, Mutation und Migration.

Die effektive Populationsgröße  $N_e$  ist ein Maß für den Inzuchtanstieg in der untersuchten Population. Sie kann sowohl über die Coancestry als auch über die Inzuchtkoeffizienten berechnet werden. Dabei gilt allgemein, dass Schätzwerte für den Inzuchtanstieg basierend auf der Coancestry als robuster zu bewerten sind und in der Regel zu verlässlicheren Aussagen führen. In einer Population mit zufälliger Anpaarung eilt die Entwicklung der Coancestry entsprechenden Entwicklungen im Inzuchtkoeffizienten um eine Generation voraus (die durchschnittliche Coancestry einer Generation steht dann in unmittelbarem Zusammenhang mit dem durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten der nächsten Generation). Ergeben sich hier dauerhafte Abweichungen muss dies als Indiz für Abweichungen von der Annahme von Zufallspaarung gewertet werden. Mögliche Ursachen für Abweichungen in die eine oder andere Richtung können regionale Paarungscluster oder etwa gezielte Paarungen im Hinblick auf Vermeidung von Inzucht im Rahmen eines Zuchtprogramms sein. Über den Vergleich beider Größen können also wertvolle zusätzliche Informationen über eine Zuchtpopulation gewonnen werden. Die  $N_e$  gibt die Anzahl von Zuchttieren einer idealisierten Population, die den

berechneten Inzuchtzuwachs der untersuchten Population erreichen würde (Falconer and Mackay, 1996).

Die effektive Populationsgröße kann sowohl auf jährlicher Basis ( $N_a$ ) als auch auf Basis von Generationen ( $N_e$ ) berechnet werden, wobei der üblicherweise im Zusammenhang mit dem Gefährdungsstatus verwendete Parameter der generationseffektiven Populationsgröße entspricht. Für die Ermittlung der  $N_e$  auf Basis der Inzucht als auch auf Basis der Coancestry wurde für das Monitoring folgender Zusammenhang genutzt:

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

wobei  $F_t$  der Koeffizient der Inzucht bzw. Coancestry in Generation bzw. Geburtsjahr  $t$  ist mit  $t=0$  für die Basispopulation.

Es ergibt sich weiter:

$$1 - F_t = \left(1 - \frac{1}{2N_e}\right)^t \quad (\text{Falconer and Mackay, 1996})$$

Die jährliche effektive Populationsgröße  $N_a$  kann nach Pérez-Enciso (1995) über die log-Regression von  $(1-F_t)$  geschätzt werden.

$$y_i = \ln(1 - F_t) = t \ln\left(1 - \frac{1}{2N_a}\right) = t\beta + e_i$$

$$\beta = \ln\left(1 - \frac{1}{2N_a}\right)$$

$$\hat{N}_a = \frac{1}{2(1 - e^{\hat{\beta}})}$$

wobei  $\hat{\beta}$  der Regressionskoeffizient der Regression von  $\ln(1-F_t)$  über die Jahre ist. Die Berechnung der effektiven Populationsgröße bezogen auf eine Generation  $N_e$  erfolgt nach folgender Formel:

$$N_e = \left(1 - \left(1 - \frac{1}{2N_a}\right)^T\right)^{\frac{1}{2}},$$

wobei  $T$  das mittlere Generationsintervall über die 4 Selektionspfade in Jahren ist.

## 2.5 Basistier -, Ahnen - und Rassebeiträge

Es werden im Folgenden die Begriffe Basistiere, Foundertiere und Gründertiere synonym verwendet. Es werden darunter die Tiere verstanden, deren Abstammungen unbekannt sind. Sie bilden demnach die Basis der bekannten Abstammungen und können somit als Gründertiere einer Rasse angesehen werden. Als Ahnen hingegen werden alle Vorfahren eines Tie-

res bezeichnet. Die Gründertiere sind in der Anzahl Ahnen mit inbegriffen. Da es sich bei den vorliegenden Analysen um pedigreebasierte Untersuchungen handelt, können ausschließlich Tiere mit bekannter Ohrmarkennummer in die Untersuchungen integriert werden. Nicht eindeutig identifizierbare Tiere gelten als unbekannt.

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die momentane Zusammensetzung der jeweiligen Population wurden durchschnittliche theoretische Genanteile berechnet. Die symmetrische Verwandtschaftsmatrix (NRM,  $\mathbf{A}$ ) kann berechnet werden über (Henderson, 1976):

$$\mathbf{A}=\mathbf{M}\mathbf{D}\mathbf{M}'$$

$\mathbf{M}$  kann als Inzidenzmatrix oder Matrix von Linearkombinationen der unabhängigen mendelian sampling Terme interpretiert werden. Eine andere Form der Interpretation ist die einer Genflussmatrix. Das Element  $j$  der Zeile  $i$  dieser Matrix gibt die theoretischen Anteile der eigenen Gene ("proportion of genes") an, die jeder einzelne Ahne  $j$  des Tieres  $i$  an das Tier  $i$  weitergegeben hat (Caballero and Toro, 2000). Zur Berechnung durchschnittlicher Genanteile könnte man theoretisch die Matrix  $\mathbf{M}$  auf der Grundlage des Pedigrees berechnen und die relevante Submatrix isolieren. Eine effizientere Art der Berechnung wird von Boichard et al. (1997) beschrieben und diese wurde auch in der vorliegenden Arbeit verwendet. Die Interpretation der Genanteile kann zu Missverständnissen führen. Tatsächlich könnte man meinen, dass sich die Genanteile aller Vorfahren des Tieres  $i$  zu 1 addieren lassen. Da Genanteile aber in der Regel über mehrere Generationen an das Tier weitergegeben werden, führt die Summierung nur dann zu 1, wenn sie über die Vorfahren in der unverwandten Basis durchgeführt wird. Die so berechneten Beiträge der Basistiere stellen also eine direkte Beziehung zwischen den Basistieren und den Tieren der aktuellen Population dar.

In der vorliegenden Arbeit wurden Tiere fremder Rassen grundsätzlich als Basistiere betrachtet. Für die Berechnung der Rassebeiträge mussten lediglich die Beiträge der Basistiere nach Rassezugehörigkeit der Basistiere aufsummiert werden.

Die Berechnung der Ahnenbeiträge folgt ebenfalls dem bei Boichard et al. (1997) beschriebenen Algorithmus. Ahnenbeiträge stellen den Versuch dar, Genanteile über alle Ahnen eines Tieres so zu marginalisieren, dass diese sich tatsächlich über alle Ahnen zu 1 summieren. Der von Boichard et al. (1997) beschriebene Algorithmus stellt dies sicher, ist aber approximativ und führt nicht zu einer vollständig eindeutigen Lösung.

## **2.6 Effektive Anzahl Basistiere und effektive Anzahl Ahnen**

Die effektive Anzahl der Basistiere ( $f_e$ ) ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie in der untersuchten Population. Hat jedes Basistier denselben Beitrag, so ist  $f_e$  gleich der tatsächlichen Anzahl der vorkommenden Basistiere. Hieraus ergibt sich ein direkter Zusammenhang zu den Bedingungen der idealen Population. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Popu-

lation verteilt sind, desto höher ist  $f_e$ . Folgende Formel beschreibt die Berechnung von  $f_e$  (Boichard et al., 1997):

$$f_e = \frac{1}{f \sum_{k=1}^f q_k^2},$$

wobei  $q_k$  der Beitrag von Basistier  $k$  zum Genpool der untersuchten Population ist. Genverluste zwischen Eltern und Nachkommen bleiben bei dieser Methode unberücksichtigt. Die  $f_e$  beschreibt somit im Wesentlichen Driftereignisse oder das Ausmaß von Drift (zufälliger Genverlust) zwischen der Basis und der aktuellen Population. Die effektive Anzahl Basistiere kann deshalb auch als drifteffektive Populationsgröße interpretiert werden.

Die effektive Anzahl von Ahnen ( $f_a$ ) gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet wird die  $f_a$  wie folgt:

$$f_a = \frac{1}{f \sum_{k=1}^f p_k^2},$$

wobei  $p_k$  der erwartete Beitrag eines Ahnen  $k$  zum Genpool der untersuchten Population ist. Es werden lediglich die marginalen Beiträge berücksichtigt, d.h. der Beitrag, der noch durch keinen anderen Ahnen erklärt wurde. Mit dieser Methode werden Imbalancen in den Beiträgen berücksichtigt, und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Nachkommenzahl eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber  $f_e$  berücksichtigt  $f_a$  zusätzlich Driftereignisse von Generation zu Generation (also nicht nur Driftereignisse zwischen Basistieren und den Tieren der aktuellen Population). Folglich ist die  $f_a$  immer kleiner oder maximal gleich der  $f_e$ .

## **2.7 Literaturverzeichnis**

Aguilar I and Misztal I 2008. Technical Note: Recursive Algorithm for Inbreeding Coefficients Assuming Nonzero Inbreeding of Unknown Parents. *J. Dairy Sci.* 91, 1669-1672.

Bijma P; Van Arendonk JAM, Wooliams JA 2001. Predicting rates of inbreeding for livestock improvement schemes. *J. Animal Science* 79, 840-853.

Boichard D, Maignel L, Verrier É 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* 29, 5-23.

Caballero A and Toro MA 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tolls for the management of conserved populations. *Genet. Res. Camb.* 75, 331-343.

Falconer DS and Mackay TFC 1996. *Introduction to quantitative genetics.* Pearson Education Limited, Essex.

Henderson CR 1976. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. *Biometrics* 32, 69-83.

Kräusslich H 1994. *Tierzüchtungslehre.* Eugen Ulmer, Stuttgart.

MacCluer JW, Boyce AJ, Dyke B, Weitkamp LR, Pfenning DW and Parsons CJ 1983. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *J Hered* 74, 394-399.

Meuwissen TH and Sonesson AK 1998: Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding: overlapping generations. *J. Anim Sci.* 1998 76: 2575-2583.

Meuwissen TH 1997. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Anim Sci.* 1997 75: 934-940.

Pirchner F 1979. *Populationsgenetik in der Tierzucht.* 2. Auflage, Verlag Paul Parey, Hamburg u. Berlin. ISBN 3-490-15415-0.

Perez-Enciso M 1995. Use of the uncertain relationship matrix to compute effective population size. *J. Anim. Breed Genet.* 112, 327-332.

Roughsedge T; Brotherstone S and Visscher P 1999. Quantifying genetic contributions to a dairy cattle population using pedigree analysis. *Livestock Production Science* 60, 359-369.

Sonesson AK and Meuwissen TH 2000. Mating schemes for optimum contribution selection with constrained rates of inbreeding. *Genet. Sel. Evol.* 32:231B248.

Sorensen AC, Sorensen MK and Berg P 2005. Inbreeding in Danish Dairy Cattle Breeds. *J. Dairy Sci.* 88, 1865-1872.

Wooliams J 2007. Effective population size: Calculation and use. Vortrag auf der Sitzung des GSA am 17.10.2007 in Celle.



## **2.8 Dokumentation des Programmablaufs – LfL**

### *Datenbasis*

Für die Untersuchungen wurden die jeweils aktuellsten Abstammungsinformationen aus der zentralen Datenbank der gemeinsamen Zuchtwertschätzung für Deutschland und Österreich herangezogen. Diese Pedigrees sind in mehrfacher Hinsicht auf Plausibilität überprüft und stellen einen hohen Qualitätsstandard sicher. Grundlage dieser Daten sind Tiere einer Rasse, die an der Milchleistungsprüfung teilnehmen samt ihrer Abstammungen. Beim Datenauszug wurden alle verfügbaren Daten verwendet, Einschränkungen nach Geburtsjahren erfolgten erst später im Rahmen der eigentlichen Auswertungen.

Von der LfL sind folgende Rassen auszuwerten:

- Ansbach-Triesdorfer
- Braunvieh
- Fleckvieh
- Fleckvieh Fleisch
- Gelbvieh
- Gelbvieh Fleisch
- Hinterwälder
- Hinterwälder Fleisch
- Murnau-Werdenfelser
- Original Braunvieh
- Pinzgauer
- Pinzgauer Fleisch
- Vorderwälder

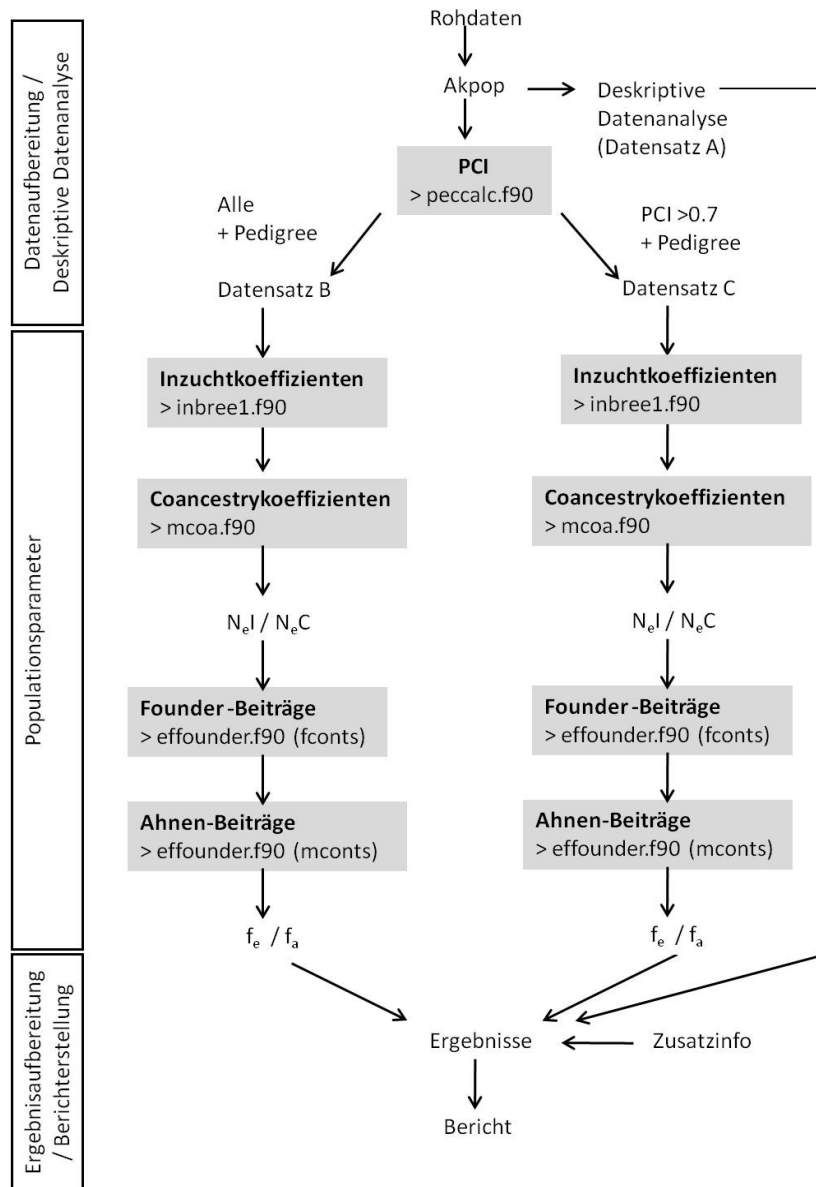
Bei den fleischbetonten Rassen (Pinzgauer Fleisch, Fleckvieh Fleisch) wurden die Abstammungen aus der Fleisch-Zuchtwertschätzung des Projektpartners vit in Verden zur Verfügung gestellt und mit Abstammungen aus der zentralen Datenbank für die Milch-Zuchtwertschätzung von der LfL ergänzt.

Waren für die zu untersuchende Rasse keine Daten in der zentralen Datenbank vorhanden (Ansbach-Triesdorfer, Hinterwälder, Original Braunvieh, Vorderwälder) wurden Daten direkt vom zuständigen Zuchtverband angefordert. Zusätzlich zu den aus der Datenbank ausgezogenen Daten wurden bei einigen Rassen Einzeltiere (wichtige Founder) nachgetragen, wenn Kenntnis über diese Tiere beim Zuchtverband vorlag.

Die aus der zentralen Datenbank der gemeinsamen Zuchtwertschätzung ausgezogenen Daten enthielten u.a. folgende Angaben, die für das Monitoring genutzt wurden:

- ID Tier (15-stellige ISO-Nummer)
- ID Vater (15-stellige ISO-Nummer)
- ID Mutter (15-stellige ISO-Nummer)
- Geburtsdatum (YYYYMMDD)
- Rasse
- Geschlecht
- Herkunft der Daten (Staaten-Code)
- Herkunft der Daten (Bundesland-Code)
- Name

Dieselben Anforderungen an den Informationsgehalt der Dateien wurden auch an datenliefernde Zuchtverbände gestellt.



**Abbildung 1.** Schematischer Überblick über den Ablauf des Monitorings am Institut für Tierzucht der LfL

### *Systemvoraussetzungen*

Alle Rassen bis auf Fleckvieh und Braunvieh wurden auf einem AMD Athlon 64 X2 Dual-Core Rechner (1 Prozessor 5600+, 2,90 GHz, 2,75 GB RAM) unter Windows mit R analysiert. Die Berechnungen für Fleckvieh und Braunvieh wurden aufgrund der Dateigrößen auf einem Dual-Quad-Core Rechner (2 Prozessoren E5405, 2,0 GHz, 16 GB RAM) unter Linux durchgeführt. Die Übersetzung in LaTeX-Code mittels Sweave erfolgte bei Fleckvieh und Braunvieh ebenfalls unter Linux auf dem oben aufgeführten Rechner. Für alle Rassen erfolgte die Zusammenführung der Textbausteine und das endgültige Kompilieren mittels LaTeX unter Windows.

### *Verzeichnisstruktur*

In dem vorliegenden Projekt wurden alle Verzeichnisse auf der lokalen Festplatte des Arbeitsplatz-PCs erstellt. Eine Übertragung des Ablaufs auf Linuxrechner ist für eine Routine geplant und mit relativ wenig Arbeits- und Zeitaufwand umzusetzen.

Es wurde für jede Rasse ein eigenes Verzeichnis erstellt. Innerhalb der Rasseverzeichnisse war die Verzeichnisstruktur immer gleich. Die Unterverzeichnisse lauten:

<b>../Rasse/Jahr/Daten</b>	enthält das Rohpedigree sowie die in den R-Läufen erstellten .Rdata-Datensätze
<b>../Rasse/Jahr/Literatur</b>	enthält Informationen über Zuchtprogramm, Zuchtziel etc.
<b>../Rasse/Jahr/R</b>	enthält die R-Programme
<b>../Rasse/Jahr/Sweave</b>	enthält alle nötigen Dateien für die Erstellung des Berichtes, der fertige Bericht im .pdf-Format wird ebenfalls in dieses Verzeichnis gespeichert

Bausteine des Berichtes, die für jede Rasse gleich sind, wie das Kapitel Erbfehler (Erbfehler.tex) oder die Spezifikationen für das Format und Layout des Dokumentes (Header.tex) werden unter dem Verzeichnis **../Vorlagen** gespeichert. Weiterhin gibt es ein zentrales Verzeichnis (**../Fotos**), in dem die Fotos für die Titelseite und das Kapitel Rassebeschreibung gespeichert sind.

### *Programmablauf*

Der gesamte Ablauf der Auswertungen, vom Einlesen der Daten bis zum Erstellen des fertigen Berichts wurde komplett in der Programmiersprache R (<http://www.r-project.org>) realisiert. R ist eine Programmumgebung für statistische und graphische Auswertungen, die im wissenschaftlichen Bereich zunehmend an Bedeutung gewinnt. Neben der extremen Mächtigkeit und Flexibilität dieser Programmumgebung trägt hierzu auch bei, dass R ein ‚open-source‘ Projekt ist und sich somit auf Rechnern mit handelsüblichen Betriebssystemen problemlos und kostenfrei installieren lässt. Über das R-Modul Sweave kann eine direkte Über-

setzung von R-Code in LaTeX erfolgen. Tabellen, Grafiken und einzelne Kenngrößen, die bei den Berechnungen anfallen, können somit direkt in eine Berichtsform überführt werden. Über das Textsatzprogramm LaTeX werden schließlich die einzelnen Textbausteine sowie alle Tabellen, Grafiken etc. für jeden Bericht in ein gut lesbares pdf-Format umgewandelt. Einen schematischen Überblick über den Ablauf des Monitorings gibt die Abbildung 1. Hierbei werden Fortran-Subroutinen als fett gedruckte Arbeitsschritte dargestellt. Diese Subroutinen werden direkt aus R aufgerufen. Es können so Datenflüsse zwischen R und Fortran gewährleistet werden, ohne dass das Programm gewechselt werden muss. Der Programmablauf setzt sich aus 5 Einzelprogrammen zusammen.

1. Datenaufbereitung und Erstellen der Datensätze A, B und C
2. Deskriptive Datenanalyse (Datensatz A)
3. Populationsparameter (Datensatz B)
4. Populationsparameter (Datensatz C)
5. Berichterstellung

### *1. Datenaufbereitung*

**Programm: ../Rasse/Jahr/R/Rasse.R**

#### *Input*

- Dateiname: unterschiedlich je nach Herkunft der Datenbestände
- Einlesen des Datenrohbestandes in R aus der zentralen Datenbank für die gemeinsame Zuchtwertschätzung für Deutschland und Österreich.
- Fehlende Werte (0 oder Leerzeichen) werden lt. R-Programmierung auf 'NA' („not available“) gesetzt.

#### *Programmablauf*

- Grundsätzlich werden für die Tiere die Rassecodes des Landeskuratoriums der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern (LKV) verwendet.
- Rassecodes von Tieren, deren Daten nicht aus Bayern stammen (Ländercode 276, Bundesland-Code 09), werden auf den LKV-Code umcodiert.
- Abstammungen von Tieren ohne Geburtsjahr werden auf NA gesetzt.
- Für jedes Tier und jedes Elterntier wird die Staatenkennung (z.B. 276, erste drei Ziffern der ISO-Nummer) als neue Variable eingeführt.
- Fehlende Basistiere werden angelegt.
- Die Rassecodes der Eltern werden als gesonderte Variablen eingeführt.
- Hat ein Tier der untersuchten Rasse Eltern, die beide zu einer Fremdrasse gehören, wird die Rasse des Tieres auf die Vatterrasse umcodiert.

- Abstammungen von Fremdrassetieren werden auf NA gesetzt.
- Bei den Rassecodes des LKV in Bayern werden reinrassige und Kreuzungstiere unterschieden. Kreuzungstiere, die aber einen Elter der untersuchten Rasse aufweisen, werden auf reinrassige Tiere umcodiert.
- Beim definierten Basisjahr 1950 wird das Pedigree abgetrennt. Eltern von Tieren, die 1950 oder früher geboren wurden, werden auf NA gesetzt.
- Auslesen Datensatz A. Der soweit generierte Datensatz A stellt die Grundlage für die deskriptive Datenanalyse dar.
- Definieren der Akpop (aktuellen Population). Dazu werden alle Tiere der untersuchten Rasse, deren Geburtsjahr im definierten Zeitfenster liegt (die letzten 6 vollständig besetzten Geburtsjahrgänge) und die den Ländercode 276 haben, mit einer 1 codiert. Alle übrigen Tiere des Ursprungsdatensatzes werden mit 0 codiert.
- Für die Tiere der Akpop wird ausgehend vom Ursprungsdatensatz das Pedigree aufgebaut.
- Prüfung des fertigen Pedigrees auf Konsistenz der Geburtsjahre und Generieren von Geburtsjahren bei fehlenden Werten. Dazu wird das Geburtsjahr des ältesten Nachkommen verwendet und 3 wird subtrahiert.
- Auslesen Datensatz B. Nach der Erstellung der Akpop samt Pedigree und der Überprüfung der Geburtsjahre steht der Datensatz B der weiteren Analyse zur Verfügung.
- Berechnung des Generationsintervalls auf Basis des Zeitraums 1970 bis 2000.

### *Output*

- Datensatz A für die deskriptive Datenanalyse.  
**../Rasse/Jahr/Daten/Rasse\_descriptive.Rdata**
- Datensatz B für die Berechnung der Populationsparameter und als Ausgangsdatensatz für Datensatz C.  
**../Rasse/Jahr/Daten/Rasse\_prepared.Rdata**
- Mittleres Generationsintervall  
**../Rasse/Jahr/Daten/Rasse\_gi.Rdata**
- Generationsintervall je Vererbungspfad  
**../Rasse/Jahr/Daten/Rasse\_gi.Rdata**

### *2. Deskriptive Datenanalyse (Datensatz A)*

**Programm: ../Rasse/Jahr/R/Rasse\_descr.R**

### *Input*

- Datensatz A  
**../Rasse/Jahr/Rasse\_descriptive.Rdata**

### *Programmablauf*

- Definieren des Zeitfensters für die Analyse (letzte 10 vollständig besetzten Geburtsjahrgänge).
- Berechnung der Anzahl Tiere je Geburtsjahrgang, Anzahl der Mütter und Väter dieser Tiere, minimale, maximale und mittlere Anzahl Nachkommen je Vater der Tiere des jeweiligen Geburtsjahrgangs.
- Berechnung der absoluten und prozentualen Anzahl der Väter je Geburtsjahrgang aufgeteilt nach Rasse der Väter.
- Berechnung der Anzahl Nachkommen und Anzahl Väter aufgeteilt nach Herkunftsland der Väter (aus Länderkennung, erste 3 Stellen der ISO-Nummer).
- Einsatzlänge der Mütter und Väter als Zuchttiere.

### *Output*

- Ausschreiben aller relevanten R-Objekte für den Bericht.  
**../Rasse/Jahr/Sweave/Rasse\_analyse.Rdata**

### *3. Populationsparameter (Datensatz B)*

**Programm: ../Rasse/Jahr/R/Rasse\_ohne\_PCI.R**

### *Input*

- Datensatz B  
**../Rasse/Jahr/Daten/Rasse\_prepared.Rdata**

### *Programmablauf*

- Die Berechnung der Populationsparameter Pedigree Completeness Index, Inzuchtkoeffizienten, Coancestrykoeffizienten, sowie der Ahnen- und Founderbeiträge erfolgt über Fortran-Subroutinen, die direkt aus R aufgerufen werden. Die Ergebnisse dieser Berechnungen werden wiederum direkt an R zurückgemeldet.
- Berechnung des Pedigree Completeness Index (PCI) für alle Tiere der Akpop, Pedigreetiefe 2 Generationen.
- Berechnung der Inzuchtkoeffizienten.
- Laden des Generationsintervalls.
- Berechnung der effektiven Populationsgröße aus Inzuchtkoeffizienten.
- Berechnung der Coancestrykoeffizienten, bei mittelgroßen und großen Populationen über Sample: 20 Wiederholungen mit Stichprobengröße von 200 Tieren, bei kleinen Populationen Berechnung unter Berücksichtigung aller Tiere (Hinterwälder, Murnau-Werdenfelser, Pinzgauer (nur deutsche Tiere), Original Braunvieh).

- Berechnung der effektiven Populationsgröße aus Coancestrykoeffizienten.
- Berechnung der tatsächlichen Anzahl Founder.
- Berechnung der Founderbeiträge (Beitrag, den jeder Founder an der Akpop hat).
- Berechnung der Rasseanteile der Foundertiere an der Akpop.
- Berechnung der effektiven Anzahl Founder.
- Berechnung der effektiven Anzahl Ahnen. Berechnung der marginalisierten Ahnenbeiträge für die Geburtsjahrgänge 1950 bis kleinstes Geburtsjahr der Akpop -1.
- Abzug der Anzahl Nachkommen der wichtigsten Ahnen.

#### *Output*

- Ausschreiben aller relevanten R-Objekte für den Bericht.  
**../Rasse/Jahr/Sweave/Rasse\_poppar\_ohnePCI.Rdata**

#### *4. Populationsparameter (Datensatz C)*

**Programm: ../Rasse/Jahr/R/Rasse\_mit\_PCI.R**

#### *Input*

- Datensatz B  
**../Rasse/Jahr/Daten/Rasse\_prepared.Rdata**

#### *Programmablauf*

- Berechnung des Anteils Tiere mit einem  $PCI \geq 0,7$ ,  $0,8$ ,  $0,9$  und  $1,0$  für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen (Berechnung im Loop), für alle Tiere und nur für Tiere in der Akpop.
- Berechnung des PCI für Tiere der Akpop, Pedigreetiefe 8 Generationen.
- Erstellen von Datensatz C: Abzug aller Tiere der Akpop mit  $PCI \geq 0,7$ , Aufbau des Pedigrees aus Datensatz B.
- Verwendung des neuen Datensatzes C für alle weiteren Berechnungen.
- Berechnung der Anzahl von Tiere in Datensatz B und Datensatz C.
- Berechnung des PCI für alle Tiere der Akpop, Pedigreetiefe 2 Generationen.
- Berechnung der Inzuchtkoeffizienten.
- Laden des Generationsintervalls.
- Berechnung der effektiven Populationsgröße aus Inzuchtkoeffizienten.
- Berechnung der Coancestrykoeffizienten, bei mittelgroßen und großen Populationen über Sample: 20 Wiederholungen mit Stichprobengröße von 200 Tieren, bei kleinen Populationen Berechnung unter Hereinnahme aller Tiere (Hinterwälder, Murnau-Werdenfelser, Pinzgauer (nur deutsche Tiere), Original Braunvieh).

- Berechnung der effektiven Populationsgröße aus Coancestrykoeffizienten.
- Berechnung der tatsächlichen Anzahl Founder.
- Berechnung der Founderbeiträge (Beitrag, den jeder Founder an der Akpop hat).
- Berechnung der Rasseanteile der Foundertiere an der Akpop.
- Berechnung der Rasseanteile der Foundertiere im Verlauf vom 1980 bis zum letzten Geburtsjahrgang der Akpop, aktuelle Population umfasst nur ein Geburtsjahr je Berechnungsrunde und verschiebt sich mit jeder Runde um ein Jahr weiter.
- Berechnung der effektiven Anzahl Founder.
- Berechnung der effektiven Anzahl Ahnen.
- Berechnung der marginalisierten Ahnenbeiträge für die Geburtsjahrgänge 1950 bis kleinstes Geburtsjahr der Akpop -1.
- Abzug der Anzahl Nachkommen der wichtigsten Ahnen.

#### *Output*

- Ausschreiben aller relevanten R-Objekte für den Bericht.  
**../Rasse/Jahr/Sweave/Rasse\_poppar\_mitPCI.Rdata**

#### *5. Berichterstellung*

**Programm: ../Rasse/Jahr/Sweave/Rasse.rnw**  
**../Rasse/Jahr/Sweave/Rasse.tex**

#### *Input*

- Alle R-Objekte, die in den Schritten 2. bis 4. abgespeichert wurden.  
**../Rasse/Jahr/Sweave/Rasse\_analyse.Rdata**  
**../Rasse/Jahr/Sweave/Rasse\_poppar\_ohnePCI.Rdata**  
**../Rasse/Jahr/Sweave/Rasse\_poppar\_mitPCI.Rdata**
- Zusätzlich werden in einem R-Lauf aktuelle Zahlen zur Population aus Jahresberichten (ASR-Bericht, ADR-Bericht) gespeichert, die für die Berichterstellung wieder geladen werden.
- In LaTeX-Code vorgefertigte Textbausteine der einleitenden Kapitel.

#### *Programmablauf*

- Der Bericht wird in R mit dem Modul Sweave erstellt. Dieses Modul ermöglicht die Einbindung von R-Objekten zur Erstellung von Tabellen, Grafiken oder Einbindung einzelner Werte in ein im LaTeX-Code geschriebenes Dokument.
- Sweave-Dateien werden im .rnw-Format gespeichert und anschließend mittels R in ein .tex-Dokument übersetzt.



- In einem weiteren Schritt kann die .tex-Datei mittels LaTeX kompiliert werden.
- Der fertige Bericht wird anschließend als .pdf-Datei ausgegeben.
- Feste Textbausteine, wie die Kapitel zur Zuchtgeschichte oder Rassebeschreibung, werden direkt als .tex-Datei gespeichert und über den input-Befehl in das .tex-Dokument eingebunden.

#### *Output*

- Fertiger Bericht im pdf-Format.  
**../Rasse/Jahr/Sweave/Rasse.pdf**

## **2.9 Dokumentation des Monitorings der einzelnen Rassen – LfL**

### **Ansbach-Triesdorfer**

*Rassecode: 01, Zusatz: AT (neu definiert)*

Tiere der Rasse Ansbach-Triesdorfer werden im Fleckvieh-Pedigree geführt. Alle Tiere der Rasse bekommen im Fleckvieh-Pedigree den Zusatz 'TR'. Ein Auszug der im Pedigree als 'TR' gekennzeichneten Tiere wurde vom LKV Bayern bereitgestellt. Ausgehend von diesen Tieren wurde das Pedigree aufgebaut. Genutzt wurde hierfür das Fleckvieh-Pedigree. Informationen darüber, ob alle Foundertiere als reinrassige Ansbach-Triesdorfer betrachtet werden können, konnten nicht erhalten werden. Sollten bereits auf dieser Ebene andere Rassen eingekreuzt worden sein, konnten diese im Monitoring nicht berücksichtigt werden.

Bei einem ersten durchgeführten Testlauf wurden lediglich 71 Tiere als aktuelle Population definiert. Eine sinnvolle und aussagekräftige Bearbeitung dieser Rasse war aufgrund der niedrigen Tierzahl nicht gewährleistet.

### **Braunvieh**

*Rassecode: 02*

Bei der Rasse Braunvieh musste vom dargestellten Ablauf leicht abgewichen werden, da in dieser Rasse in großem Umfang Zuchttiere aus den USA eingesetzt wurden und werden. In den USA wurden ehemals aus Europa importierte Braunvieh-Tiere mit einem Schwerpunkt auf Milchleistung weitergezüchtet. Die amerikanischen Tiere, die unter dem Namen Brown Swiss laufen, werden heute in großem Umfang in die europäische Braunvieh-Population eingekreuzt, um auch hier die Merkmale der Milchleistung zu verbessern. Diese Einkreuzung erfolgt in einem derartigen Ausmaß, dass nicht mehr sinnvoll nach europäischen Braunviehtieren und amerikanischen Brown Swiss-Tieren unterschieden werden kann.

Bei der Berechnung der Rassebeiträge der Foundertiere wurde deshalb vorher ein Datensatz erstellt, in dem Braunvieh-Tiere amerikanischer Eltern bzw. Tiere, die selber aus den USA stammen (Ländercode '840' bei den ersten drei Ziffern der ISO-Nummer) von Braunvieh ('02') zu Brown Swiss ('BS') umcodiert wurden. Alle weiteren Berechnungen erfolgten mit dem unveränderten Datensatz, d.h. auch Tiere aus den USA, die als Braunvieh ('02') codiert waren, wurden für die Berechnungen verwendet.

## **Fleckvieh**

*Rassecode: 01*

Die Bearbeitung dieser Rasse erfolgte nach oben beschriebenem Schema.

## **Fleckvieh Fleisch**

*Rassecode: FF (neu definiert)*

Daten der Rasse Fleckvieh Fleisch wurden vom vit in Verden bereitgestellt, da dort die nationale Zuchtwertschätzung für Fleischrassen stattfindet. Als Fleckvieh Fleisch waren Tiere mit dem Code '66' codiert, Fleckvieh-Tiere (Doppelnutzung) wurden als Fremdrasse behandelt und mit '11' codiert. Um eine Vereinheitlichung zu den süddeutschen Rassen zu gewährleisten, wurden die Rassecodes auf den LKV-Code umcodiert. Für Fleckvieh Fleisch wurde der Code 'FF' vergeben, Fleckvieh Doppelnutzung-Tiere wurden auf den LKV-Code '01' umcodiert.

Für die Rasse Fleckvieh Fleisch wurden neben den vom vit bereit gestellten Pedigree zusätzliche Abstammungsinformationen aus der zentralen Pedigreedatei der gemeinsamen Milch-Zuchtwertschätzung Deutschland/Österreich (LfL) verwendet. Dazu wurden aus der Pedigreedatei Tiere samt Abstammungen ausgezogen, die auch im vit-Datensatz vorhanden waren. Es konnten so einige fehlende Abstammungen des vit-Datensatzes ergänzt werden.

Kam ein Tier in beiden Datensätzen vor (vit und LfL) und unterschieden sich die Angaben für Geburtsjahr, Vater und Mutter, so wurden die Angaben des LfL--Datensatzes verwendet, sofern das Tier aus Bayern oder Baden-Württemberg stammte.

Durch die lückenhafte Datengrundlage wurde die Berechnung einiger Parameter erschwert. So wurde das Generationsintervall für den Zeitraum 1980 bis 2000 berechnet. Für die Berechnung des PCI konnte auf Grund der Datengrundlage nur eine Pedigreetiefe von 4 Generationen gefordert werden.

## **Gelbvieh**

*Rassecode: 04*

Bekannte Einkreuzungstiere der Rassen Dänisches Rotvieh und Rote Flamen waren im Gelbvieh-Pedigree nicht mit der richtigen Rassecodierung enthalten. Um eine richtige Berechnung der Rassebeiträge der Foundertiere zu gewährleisten, mussten demnach die Ras-

secodierungen angepasst werden. Dazu war die Information über die ISO-Nummern der eingekreuzten Tiere vom Zuchtverband in Würzburg nötig. ISO-Nummern lagen dem Zuchtverband nur für das Dänische Rotvieh vor. Wie oft üblich wurden diese Tiere in das Gelbvieh-Herdbuch aufgenommen, erhielten also eine deutsche ISO-Nummer und den Gelbvieh-Rassecode. Dieser Rassecode wurde im Monitoring auf den neu definierten Code 'DR' umcodiert, um die Rassebeiträge der Founder besser analysieren zu können.

Für die Roten Flamen, deren Bulle MONTY ein wichtiger Linienbegründer war, konnte lediglich für diesen einen Bullen die ISO-Nummer ermittelt werden und anschließend der Rassecode von '04' für Gelbvieh auf 'RF' für Rote Flamen umcodiert werden.

### **Gelbvieh Fleisch**

*Rassecode: nicht definiert*

Die Rasse Gelbvieh Fleisch wird in keinem gesonderten Herdbuch geführt. Es war somit kein Monitoring für diese Rasse möglich.

### **Hinterwälder**

*Rassecode: 0H*

Bei den Rassen Hinterwälder und Vorderwälder steht nur ein relativ geringer Anteil von Kühen in der Milchleistungsprüfung, der demnach in der zentralen Datenbank der LfL erfasst ist. Um bei diesen Rassen eine verbesserte Datengrundlage zu schaffen, wurde in Rücksprache mit dem Zuchtverband in Baden-Württemberg beschlossen, alle Herdbuch-Tiere der Population in das Monitoring aufzunehmen. Hierzu wurden Daten von Seiten des betreuenden Zuchtverbands bereitgestellt. Geliefert wurde eine .txt--Datei, in der Hinterwälder und Vorderwälder gemeinsam aufgeführt wurden.

Da in Baden-Württemberg der ADR-Rassecode verwendet wird, wurde dieser auf den LKV Bayern Code umcodiert, um eine Vereinheitlichung in den Programmabläufen zu gewährleisten. Anschließend wurden wichtige Foundertiere, deren Rassezugehörigkeit und Lebensnummer in einer Excel-Datei vom Zuchtverband geliefert wurden, in die richtige Rasse umcodiert. Es handelte sich hierbei um Ayrshire, Montbéliard sowie Red Holstein Tiere. Diese Stammtiere hatten vorher den Vorderwälder bzw. Hinterwälder Rassecode. Weiterhin wurden Interbull-Pedigrees nach ausländischen Foundertieren durchsucht und anschließend der richtige Rassecode dieser Tiere im Datensatz des Wälderviehs umcodiert. Es handelte sich hier vorwiegend um kanadische und US-amerikanische Red Holstein Bullen. Diese Arbeitsschritte des Auffindens wichtiger Foundertiere und der korrekten Zuordnung der Rassecodes war zeitintensiv, muss aber in zukünftig durchgeführten Monitorings nicht im vollen Umfang wiederholt werden, da es sich um Foundertiere handelt und die einmalige Korrektur des Rassecodes für weitere Analysen ausreicht.

In einem nächsten Schritt wurden die Lebensnummern in die allgemein gültige ISO-Nummer umcodiert. So wurden die an den ersten drei Stellen stehenden Länderkürzel von z.B. 'DE ' in den internationalen Ländercode '276' umcodiert.

Es erfolgte die Trennung des Datensatzes in Hinterwälder und Vorderwälder mit korrektem und vollständigem Aufbau des Pedigrees und die weitere Bearbeitung der Rasse Hinterwälder nach dem beschriebenen Schema.

### **Hinterwälder Fleisch**

*Rassecode: nicht definiert*

Die Rasse Hinterwälder Fleisch wird in keinem gesonderten Herdbuch geführt. Es war somit kein Monitoring für diese Rasse möglich.

### **Murnau-Werdenfelser**

*Rassecode: 03*

Für bekannte Tarentaise-Stammväter, die im Datensatz der LfL mit dem Rassecode '03' codiert waren, wurde der neu definierte Rassecode 'TT' vergeben, um die Rassebeiträge richtig berechnen und den Einfluss von Fremdrassetieren analysieren zu können. Eine Liste der bekannten Tarentaise-Stammväter wurde dafür vom betreuenden Zuchtverband in Weilheim zur Verfügung gestellt.

Im weiteren Verlauf des Monitorings ergab sich für diese Rasse eine Abweichung des allgemeinen Ablaufs bei der Erstellung von Datensatz C. Begründet durch die schlechte Datenqualität wurde der PCI lediglich für eine Pedigreetiefe von 4 Generationen berechnet. Wie bei den anderen Rassen hatte der Mindest-PCI für die Hereinnahme von Tieren in die Akpop in Datensatz C ein Wert von 0,7.

Weiterhin wurde die Berechnung der Coancestrykoeffizienten für alle Tiere im Datensatz durchgeführt und nicht nur für eine Stichprobe.

### **Original Braunvieh**

*Rassecode: 02*

Daten für Original Braunvieh wurden vom LKV Bayern und aus Baden-Württemberg vom Informatikzentrum Landesverwaltung Baden-Württemberg (IZLBW) in Kornwestheim bereitgestellt. Für diese Tiere wurden im Braunvieh-Pedigree der zentralen Datenbank der LfL die Abstammungen aufgebaut. Da es sich bei Original Braunvieh definitionsgemäß um Tiere handelt, die einen Brown Swiss-Anteil von max. 12,5% haben dürfen, wurden ausgehend vom Braunvieh-Datensatz die Rasseanteile für jedes einzelne Tier der aktuellen Braunvieh-Population berechnet. Die Liste der Braunvieh-Tiere mit einem Braunvieh-Genanteil von über 87,5% wurde mit der Liste der Original Braunvieh-Tiere aus Bayern und Baden-Württemberg verglichen. Tiere, die laut unserer Genanteil-Berechnungen einen Brown Swiss-Anteil über 12,5% hatten, aber im gelieferten Datensatz als Original Braunvieh deklariert waren, wurden

von der weiteren Analyse ausgeschlossen. Ein Auszug dieser Tiere wurde den zuständigen Verbänden zur Information übermittelt.

Alle weiteren Berechnungen erfolgten nach dem allgemeinen Schema, mit der Abweichung, dass die Pedigreetiefe zur Berechnung des PCI in der Akpop auf 5 Generationen herabgesetzt wurde. Die Berechnung der Coancestrykoeffizienten erfolgte für alle Tiere und nicht nach dem Stichproben-Verfahren.

Bei dieser Rasse konnte bei den Ahnen nicht in Original Braunvieh und Braunvieh unterschieden werden. Da die Rasse Original Braunvieh aber erst seit 1988 gesondert geführt wird, bzw. Tiere mit dem Status Original Braunvieh im Braunvieh-Herdbuch gekennzeichnet werden, könnte ohnehin eine Auftrennung der Ahnen in Braunvieh und Original Braunvieh nur unzureichend erfolgen. Um den Einfluss aus den USA zu erfassen, wurden, ähnlich wie beim Braunvieh-Monitoring, Braunvieh-Tiere aus den USA oder mit US-amerikanischen Eltern für die Berechnung der Rassebeiträge als Brown Swiss ('BS') codiert.

## **Pinzgauer**

*Rassecode: 05*

Da es sich bei dieser Rasse um eine autochthone österreichische Rasse handelt, fällt der Anteil der deutschen Pinzgauerpopulation sehr klein aus. Für den Monitoring-Bericht wurden zur Erstellung der aktuellen Population nur deutsche Tiere berücksichtigt.

Für den Aufbau des Pedigrees der Akpop wurde grenzübergreifend gearbeitet.

Bei der Bildung des Datensatzes C wurde auf Grund der geringen Tierzahlen bei der Berechnung des PCI nur eine Pedigreetiefe von 4 Generationen verlangt.

## **Pinzgauer Fleisch**

*Rassecode: PF (neu definiert)*

Analog zu Fleckvieh Fleisch wurden die Daten für Pinzgauer Fleisch vom vit in Verden bereitgestellt. Auch hier wurde der Rassecode vom vit-Code auf den LKV-Code umcodiert. Für Pinzgauer Fleisch wurde der Code von '74' auf den neu definierten Code 'PF' umcodiert, Pinzgauer Doppelnutzung erhielten den Code '05'.

Auch für diese Fleischrasse wurden wie bei Fleckvieh Fleisch unvollständige Abstammungen aus dem Pedigree für die Zuchtwertschätzung der Pinzgauer Doppelnutzung aufgefüllt. Es zeigte sich bei dieser Rasse allerdings, dass das Auffüllen unvollständiger Abstammungen zu keinen nennenswerten Änderungen in den berechneten Populationsparametern führte. Lediglich bei den Rassebeiträgen der Foundertiere an der aktuellen Population wurden Unterschiede sichtbar.

Auf Grund einer schlechten Datengrundlage wurde die Pedigreetiefe für die PCI-Berechnung auf 4 Generationen herabgesetzt. Die Berechnung der Coancestrykoeffizienten erfolgte auf Basis aller Tiere.

## **Vorderwälder**

*Rassecode: 0V*

Die Bearbeitung dieser Rasse erfolgte nach dem beschriebenen Schema.

## **2.10 Dokumentation des Programmablaufs - vit**

Diese Verfahrensbeschreibung ist letztendlich ein Handbuch für die Anwendung und den technischen Ablauf des aktuellen Standes des Monitoringverfahrens im **vit**. Die Verfahrensbeschreibung wird kontinuierlich auf den aktuellen Stand angepasst.

### *Betriebssystem und Programmiersprache*

Das Programmsystem läuft im **vit** auf einer Linux-Plattform. Der gesamte Verfahrensablauf ist durch Linux-Skripte weitestgehend automatisiert. Die Datenprüfung, Datenaufbereitung, Berechnung tierindividueller Werte sowie die Analyse populationspezifischer Kenngrößen erfolgt mit FORTRAN-95 Programmen. Die Berichterstellung erfolgt ebenso weitestgehend automatisch unter Verwendung von LaTeX. Dabei werden vordefinierte Textbausteine mit den entsprechenden Ergebnissen aus den Protokolldateien der Auswertungsprogramme kombiniert.

### *Datenbasis*

Verwendet werden die Abstammungsinformationen aus der Herdbuchzentraldatei des **vit** zum Datenstand der jeweils letzten aktuellen Zuchtwertschätzung. D.h. vor jeder Zuchtwertschätzung wird der aktuelle Stand der HB-Zentraldatei (H20, aktuell 67 Mio. Tiere) auf der HOST komplett abgezogen und auf den Linux-Cluster transferiert, geprüft und ergänzt. Liegen externe Abstammungsinformationen vor bzw. werden geliefert, werden diese danach in die vit-Datengrundlage eingemischt und als Ganzes nochmal geprüft.

**vit-File:**        */data/TD/\$YYMM/.....*

Vom **vit** sind folgende Rassen auszuwerten:

- Deutsches Schwarzbuntes Niederungsrand
- Deutsches Shorthorn
- Doppelnutzung Rotbunt
- Glanrind
- Holstein Rotbunt
- Holstein Schwarzbunt
- Limpurger
- Rotes Höhenvieh
- Rotvieh alter Angler Zuchtrichtung
- Uckermärker

Das genetische Monitoring bezieht sich jeweils auf alle Tiere einer vorgegebenen Rasse, die seit 1990 in Deutschland geboren sind, und deren Ahnen – soweit sie in den HB-Dateien gespeichert sind und die relevanten Informationen plausibel sind.

### *Plausibilitätsprüfungen*

Als Ausgangsstichprobe werden weibliche und männliche Tiere einer vorgegebenen Rasse verwendet, die seit 1990 in Deutschland geboren wurden. Von diesen Tieren müssen also mindestens folgende Informationen vorhanden sein:

- gültige EU – Rind – ID (15-stellig, mit Ländercode)
- vorgegebener Rassecode
- gültiges, vollständiges Geburtsdatum

Von diesen Tieren werden alle Ahnen aus den Pedigreedaten herausgesucht, die folgenden Anforderungen genügen:

- Geburtsdatum der Ahnen (Eltern) < Geburtsdatum Nachkomme
- Rasseangabe vorhanden (muss jedoch nicht die Ausgangsrasse sein)
- Von einem Tier mit unbekanntem Geburtsdatum werden keine Eltern mehr geholt

Angaben zu Züchter und Besitzer werden nur zur Vollständigkeit der Daten geführt, spielen aber für die populationsgenetischen Auswertungen z. Zt. keine Rolle.

## **Programmablauf**

### *Verzeichnisse*

Der gesamte **Produktionsablauf** findet unter dem Verzeichnis

***/usr/local/zws/GENMON***

statt. Dieses Verzeichnis ist untergliedert in die Unterverzeichnisse

jobs	Linux-Skripte für den Jobstart mit Filedefinitionen
source	Fortran-Sourceprogramme
incl	Parameterfiles, Includes für Programme, Rassetabellen
bin	Kompilierte, ausführbare Programme
(sas	SAS-Programme / nicht für Routine-Monitoring)



**Die Daten** (orig. Abstammungsfiles, aufbereitete Pedigreefiles,...) werden im Verzeichnis

***/data/GENMON***

gespeichert. Für jede zu bearbeitende Rasse ist ein Unterverzeichnis reserviert bzw. muss bereits angelegt sein, das individuell in den Scripten über die Rasseangabe angesteuert werden kann.

Die Formatbeschreibungen sämtlicher Files sind in

**> n:/zws/Monitoring\_GV/Programmbeschreibung/Format\_beschreibung.doc <**

abgelegt.

**Sämtliche Protokolle** und Logfiles der Programme werden in

***/data/LOG/GENMON***

geschrieben. Für jede Rasse muss wieder vor der Bearbeitung ein entsprechendes Unterverzeichnis angelegt sein bzw. kann im Masterscript angesteuert werden.

### ***Masterscript***

Script: run\_\$RASSE (siehe Tabelle 1 für \$Rasse)

Im Hauptsript sind vor allem die korrekten Angaben folgender Steuerungsvariablen zu beachten:

- Stand des Abzuges der Pedigreefiles: \$YYMM (letzte ZWS)
- Zu bearbeitende Rasse: \$RASSE
- ADR-Rasseschlüssel der Rasse \$RASC

Diese global definierten Variablen steuern die zu verwendende Datengrundlage (Stand Pedigreefile) und welche Rasse ausgewertet werden soll. Die entsprechenden Angaben für die Rassen sind aus der folgenden Tabelle 1 ersichtlich.

Tabelle 1: Im vit ausgewertete Rassen mit ADR-Rasseschlüssel und Kurzbezeichnung

RASSE (Name)	Zucht- richtung*	Code TGRDEU	\$RASC (ADR-Rcode)	\$RASSE
DSN	M	74	10	DSN
Deutsches Shorthorn	F	79	44	DSH
Doppelnutzung Rotbunt	M	81	09	DNR
Glanrind	M	102	73	GLR
Holstein Rotbunt	M	118	02	RBT
Holstein Schwarzbunt	M	119	01	SBT
Limpurger	M	138	17	LMP
Rotes Höhenvieh	M	186	71	RHV
Rotvieh alter Angler Zuchtr.	M	185	06	RVA
Uckermärker	F	222	67	UCK

\*) Zuchttrichtung: M = Milch, F = Fleisch

Die relevanten Datenverzeichnisse werden automatisch definiert:

```

$DATDIR1      /data/TD/$YYMM
$DATDIR2      /data/GENMON/$RASSE
$WORKDAT      /ld4/GENMON/$RASSE
$LOG          /data/LOG/GENMON/$RASSE
    
```

Der Gesamtablauf des Monitoringverfahrens im vit kann ähnlich wie in Abbildung 1 von der LfL dargestellt werden. Er gliedert sich im Wesentlichen in die 3 Abschnitte

1. Datenaufbereitung und Prüfung
2. Datenauswertung, Populationsparameter
3. Ergebnisaufbereitung und Berichterstellung

Generell sind in den Linux-Scripten und den Fortran90-Sourcefiles sehr viele Kommentarzeilen enthalten, die für den Anwender über die im Folgenden gegebenen Beschreibungen zusätzliche Informationen zur Funktionsweise der Programme bieten.

Über das Masterscript können sämtliche Jobs für die Datenaufbereitung, Datenprüfung und Auswertung einzeln oder in einem fortlaufenden Jobstream gestartet werden. Das Masterscript ruft die entsprechenden Jobscrippte auf, die im selben Verzeichnis liegen.

**>>>>>Das Masterscript ist auf NODE3 zu starten ! <<<<<**

Folgende Jobs können aktiviert bzw. ausgeführt werden:

### **Jobs für Datenaufbereitung und Prüfung:**

<b>Job 1:</b>	<b>run_selras</b>	<b>Selektion aller Tiere der Rasse</b>
<b>Job 2:</b>	<b>run_findabst</b>	<b>Dazuholen aller bekannter relevanter Ahnen</b>
<b>Job 3:</b>	<b>run_finalped</b>	<b>Finales Hashen / Kodieren des Pedigreefiles</b>

In Job 3 wird die Anzahl Tiere, die für die dynamische Dimensionierung der Arrays in den folgenden Programmen benötigt wird in das File "/usr/local/zws/GENMON/incl/anztiere.\$RASSE" geschrieben.

### **Jobs für Datenauswertung/-analyse:**

<b>Job 4:</b>	<b>run_pcindex</b>	<b>Pedigree-Completeness-Index</b>
<b>Job 5a</b>	<b>run_genantim</b>	<b>Inzucht und Rasseanteile für Milchrasen</b>
<b>Job 5b</b>	<b>run_genantif</b>	<b>Inzucht und Rasseanteile für Fleischrasen</b>
<b>Job 6:</b>	<b>run_interval</b>	<b>Berechnung der Generationsintervalle</b>
<b>Job 7:</b>	<b>run_founder</b>	<b>Analyse effektiver Foundertiere (<math>f_e</math>)</b>
<b>Job 8</b>	<b>run_neffpop</b>	<b>Berechnung effektive Populationsgröße (<math>N_e</math>)</b>
<b>Job 9</b>	<b>run_effahren</b>	<b>Analyse effektiver Ahnen/Ahnenbeiträge (<math>f_a</math>)</b>

### **Beschreibung der einzelnen Programmschritte**

#### *Job 1: Selektion aller Tiere einer Rasse*

- Selektion aller in Deutschland (Land=276) seit 1990 geborenen Tiere der vorgegebenen Rasse, mit gültiger RID, Sex, JG
- Auszählungen: (JG x Geschlecht), RIC und (JG x RIC)

SCRIPT: **run\_selras**

SOURCE: **selras.f**

Incl: **\$INCL/ric.tab (Tabelle RIC : Regionen)**

Daten

IN: **\$DATDIR1/pedDB.all.sortByrISN.\$YYMM (akt. Pedigreefile der letzten ZWS, Sort: JG abstg.)**

OUT: **\$DATDIR2/alle\_tiere.\$RASSE (Ausgangspopulation der vorgegebenen Rasse) / Info: Rind\_Id, Rasse, GJ, Sex**

LOG: **\$LOG/selras.prot**

Auswertungen:

- Tabelle Jahrgang x Geschlecht (B1, Ausgabe für Bericht)
- Tabelle Anz. Tiere nach Region(RIC) (B2, Ausgabe für Bericht)
- Tabelle Anz. Tiere nach Region(RIC) x JG

Prüfen: (im Protokollfile)

- Anzahl gelesene Tiere
- Anzahl selektierter Tier (ml, wbl)

### **Job 2: Dazuholen aller bekannten relevanten Ahnen + Zusatzinfo**

Script: **run\_findabst**  
Source: **findabst.f**  
Incl: **findabst.pf**  
IN: **\$DATDIR2/alle\_tiere.\$RASSE**  
**\$DATDIR1/pedDB.all.sortByrISN.\$YYMM**  
**\$/data/GENMON/ped\$YYMM.zusatz**  
OUT: **\$DATDIR2/abstammung.\$RASSE**  
LOG: **\$LOG/findabst.prot**

Arbeitsschritte:

1. Einlesen und Hashen der Tiere der letzten 6 aktiven GJ (>minaktj) aus *SELRAS*.
2. Ahnen dieser vorgegebenen Tiere suchen und hashen.
  - a. Wobei die Eltern nur gehashed werden, wenn das Geburtsjahr des Tieres bekannt ist. Nur Ahnen bis einschließlich Jahrgang 1950 werden gehashed (mingj=1950, Parameter in findabst.f)
  - b. Von einem Ahnen mit fremder Rasse werden keine Eltern mehr gesucht, d.h. das Pedigree hört mit diesem Ahnen auf (siehe dazu Protokoll Kassel, 16.10.2008)  
**ACHTUNG:** Hier müssen Ausnahmen gemacht werden, z.B. bei DSN und RBT kann nicht einfach das Pedigree abgebrochen werden, wenn ein Ahne mit Rasse=1 auftaucht!! Dies ist in den Programmen berücksichtigt.
3. Setzen von Kennzeichen:
  - Vergabe Kennzeichen Ausgangstier aus *SELRAS* (1= ml, 2=wbl Tier).
  - Umsetzung Geschlechtscodierung (8 → 1, 9 → 2)
  - Vergabe Kennzeichen 1, wenn das Tier selbst wieder Elter wurde
  - Generation setzen: Jüngste Tiere = 0 / Älteste Tiere = n
4. Dazuholen und mergen der Zusatzinformationen wie Züchter, Besitzer, Abgangsdatum, .....

5. Berechnen des Alters der beiden Eltern bei Geburt des Tieres
6. Ausgabe

Auswertungen: Keine relevanten Auswertungen für Monitoringbericht der Rasse im Protokollfile.

Prüfen: Anzahl Ausgangstiere (SELRAS), Anzahl Tiere gesamt

*Job 3: Finales Hashen aller Tiere / Ahnen des Pedigreefiles*

SCRIPT: **run\_finalped**  
 SOURCE: **finalped.f**  
 INCL: **findabst.pf**  
 IN: **\$DATDIR2/abstammung.\$RASSE**  
 OUT: **\$DATDIR2/abstammung\_final.\$RASSE**  
**\$INCL/anztiere.\$RASSE**  
 LOG: **\$LOG/finalped.prot**

Arbeitsschritte:

1. In einem Zwischenschritt werden die Tiere nach Geburtsjahr und Rind\_ID aufsteigend sortiert (Umsortierung).
2. Abschließendes Hashen/Codieren des Pedigreefiles nach Alter aufsteigend. Tiere mit Rasse = 0 werden nicht mehr gehashed.
3. Setzen des Zeitraums für Ausgangstiere (jga=(aktja-9), jge=(aktja-4))
4. Ausgabe wie viele Ausgangstiere (Stichprobe A) + Ahnen dieser Tiere im Monitoringverfahren der Rasse berücksichtigt werden. Angabe zur dynamischen Dimensionierung in den folgenden Auswertungsprogrammen. Kennzeichnung der Ausgangstiere (ml=1, wbl=2).

Auswertungen

*Lebende Tiere und Eltern in der Ausgangsstichprobe (jga bis jge)*

GJ x Rasse x Geschlecht (endgültige # Tiere)

Prüfen: Eingelesene Tiere, verbleibende Tiere

Job 4: Berechnung des Pedigree-Completeness-Index (PCI)

Script: **run\_pcindex**  
 Source: **pcindex.f**  
 INCL: **\$INCL/anztiere.\$RASSE**

IN:            **\$DATDIR2/abstammung\_final.\$RASSE**

OUT:           **\$DATDIR2/pcindex.\$RASSE**

**\$DATDIR2/monitoring.\$RASSE**

LOG:           **\$LOG/pcindex.prot**

      >>>> Vorgabe Pedigreetiefe: 8 Generationen für Ausgangstiere <<<<

**d.h. ein vollständiges Pedigree mit 8 Ahnengenerationen hat den PCI = 1.00**

      >>>> Definition der endgültigen Monitoring-Grundlage <<<<

**lebende ml & wbl. Elterntiere der vorgegebenen Rasse (Akt.Jahr – 9) < GJ < (Akt. Jahr – 4) mit PCI > 0,7 (8 Generationen) + deren Ahnen → Datensatz C**

Arbeitsschritte:

1. Sortierung nach Geburtsjahr bzw. RC(Tier) aufsteigend
2. Einlesen des fertigen Pedigreefiles (bereits gehashed)
3. Beim Einlesen werden die Ahnen je Generation ausgezählt.
4. Berechnen des Pedigree-Completeness-Index nach MacCluer (1983).
5. Auswertungen: Mittl. PCI nach JG x Sex (nur für Tiere, die Elter sind)
6. Suchen und Kennzeichnen aller Ahnen der Ausgangstiere mit PCI > 0,7

Auswertungen/Ausgabe für Bericht:

1. B1: Mittlere PCI nach GJ und Sex für alle Eltern ab 1960 (B)
2. B2: Mittlere PCI nach GJ und Sex für Monitoring-Grundlage ab 1960 (C)

*Job 5a,b: Berechnung Inzuchtkoeffizienten und Rasseanteile*

Da unterschiedliche Herkunftsrassen für Milchrasen und Fleischrasen definiert sind, laufen für die beiden Rasseuntergruppen zwei verschiedene Programmversionen zur Analyse der Herkunftsgenanteile.

Script:        **run\_genanti(m/f)   (m=Milchrinder, f=Fleischrinder)**

Source:       **genanti(m/f).f**

Incl:          **\$INCL/rassetab.MIR**

**oder: \$INCL/rassetab.FLR**

**\$INCL/anztiere.\$RASSE**

IN:            **\$DATDIR2/monitoring.\$RASSE**

OUT:           **\$DATDIR2/inzgenant.\$RASSE**

LOG:            **\$LOG/genanti(m/f).prot**

Arbeitsschritte:

1. Einlesen des fertigen Pedigreefiles, bereits gehashed
2. Sortorder : Nach Geburtsjahr bzw. RC (Tier) aufsteigend

3. Berechnung der Inzuchtkoeffizienten (Methode B. Tier)
4. Berechnung der Rasseanteile. Die Herkunftscodes sind in *rasetab.MIR* für jede Rasse (ADR-Schlüssel) definiert.

Auswertungen/Ausgabe für Bericht:

- B1: Mittlere Inzuchtkoeffizienten alle Tiere (Inzuchtklassen)
- B2: Mittlere Inzuchtkoeffizienten und Herkunfts-Genanteile der männlichen Monitoringtiere, bei Geburtsjahr
- B3: Mittlere Inzuchtkoeffizienten und Herkunfts-Genanteile der weiblichen Monitoringtiere, bei Geburtsjahr

*Job 6: Berechnung der mittleren Generationsintervalle*

Script:        **run\_interval**  
 Source:       **interval.f**  
 IN:            **\$DATDIR2/abstammung\_final.\$RASSE**  
 LOG:           **\$LOG/interval.prot**

Arbeitsschritte:

1. Einlesen des Pedigreefiles (Sortorder : GJ-Tier > GJ-Vater > GJ-Mutter)
2. Aufsummieren PCI und Alter der Eltern innerhalb Jahrgängen und Geschlecht
3. Berechnung der Generationsintervalle in den 4 Selektionspfaden  
     S=>S, S=>D, D=>S, D=>D

**d. h., mittleres Alter der Eltern von als Eltern selektierten Tieren mit Geburtsjahr > 1960 der Monitoringpopulation und der Elterngeneration 1**

4. Mittleres Generationsintervall über alle 4 Pfad, gewichtet und ungewichtet

Auswertungen/Ausgabe für Bericht:

- B1: Mittlere Generationsintervalle in den Selektionspfaden und zusammengefasstes mittl. Generationsintervall für die Berechnung der effektiven Populationsgröße ( $N_e$ ). Letzteres wird auch als letzte Zeile in den File >>>> **\$INCL/anztiere.\$RASSE** <<<<< geschrieben.

*Job 7: Analyse effektiver Foundertiere ( $f_e$ )*

Script:        **run\_founder**  
 Source:       **founder.f**  
 IN:            **\$DATDIR2/abstammung\_final.\$RASSE**  
 OUT:           **\$DATDIR2/founder.\$RASSE**

Arbeitsschritte:

1. Einlesen des fertigen Pedigreefiles (bereits gehashed).
2. Sortorder: Geburtsjahr bzw. RC (T) absteigend.
3. Beim Einlesen werden die Nachkommen nach Generationen ausgezählt.
4. Auswertung dieser Nachkommenausählung.
5. Berechnung der relativen Genbeiträge der Foundertiere zur aktiven Zuchtpopulation

Auswertungen/Ausgabe für Bericht:

- B1: Ausgabe der einflussreichsten Foundertiere mit Anzahl verwandter Tiere und Genanteil in Ausgangspopulation C.
- B2: Ausgabe der Anzahl absoluter (männl./weibl.) Foundertiere und der Anzahl effektiver Foundertiere ( $f_e$ )

*Job 8: Berechnung der effektiven Populationsgröße ( $N_e$ )*

Script: **run\_neffpop**  
Source: **neffpop.f**  
IN1: **\$INCL/anztiere.\$RASSE**  
IN2: **\$DATDIR2/abstammung\_final.\$RASSE**  
OUT: **\$LOG/\$RASSE/neffpop.prot**

Arbeitsschritte:

1. Einlesen der Kriterien, welche Tiere zur Berechnung herangezogen werden sollen
2. Einlesen des mittleren Generationsintervalls
3. Einlesen des fertigen Pedigreefiles (bereits gehashed).
4. Berechnung von  $N_e$  via Methode nach Woolliams
5. Ausgabe der Ergebnisse in das Protokollfile

Auswertungen/Ausgabe für Bericht:

- B1: Effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) berechnet unter vorgegebenem PCI und Pedigreetiefe
- B2: Inzuchtentwicklung über die Geburtsjahre getrennt für männliche und weibliche Tiere sowie gesamt über beide Geschlechter.

*Job 9: Analyse effektiven Ahnen und Ahnenbeiträge ( $f_a$ )*

Script: **run\_effahren**  
Source: **effahren.f**  
IN: **\$DATDIR2/abstammung\_final.\$RASSE**  
LOG: **\$LOG/effahren.\$RASSE**



Arbeitsschritte:

1. Einlesen des fertigen Pedigreefiles (bereits gehashed). Sortorder: Geburtsjahr bzw. RC (T) absteigend.
2. Komplette Information in Arrays abspeichern
3. Iterative Berechnung der marginalen/effektiven Ahnenbeiträge

Auswertungen/Ausgabe für Bericht:

- B1: Ausgabe der einflussreichsten Ahnen mit den höchsten Genbeiträgen zur Ausgangspopulation C.
- B2: Ausgabe der Anzahl effektiver Ahnen ( $f_a$ ) und der absoluten Anzahl Ahnen mit marginalen Genbeiträgen.

### *Ergebnisaufbereitung und Berichterstellung*

Der Bericht wird in zwei Teilen erstellt

1. Allgemeiner Teil

Der allgemeine Teil enthält eine Beschreibung der Rasse mit Entstehung, Entwicklung, Zuchtziel, Leistungen usw. Diese festen Textbausteine werden als tex-Datei gespeichert und über den input-Befehl in das tex-Dokument eingebunden.

2. Auswertungsteil

Der Auswertungsteil enthält die Darstellung der statistischen Auswertungen.

Der fertige Bericht wird anschließend als .pdf-Datei ausgegeben.

### *Verzeichnisse*

Der gesamte **Produktionsablauf** findet unter dem Verzeichnis

***/projekte/genetisches\_monitoring\_rind***

statt. Dieses Verzeichnis ist untergliedert in die Unterverzeichnisse

bin	Skripte für die Erstellung der Textbausteine und des Berichtes
gen	enthält für jede Rasse den zuletzt erstellten Bericht zum Allgemeinen Teil als tex und pdf
misc	enthält die Textbausteine. Für jede zu bearbeitende Rasse ist ein Unterverzeichnis reserviert bzw. muss bereits angelegt sein, das individuell in den Scripten über die Rasseangabe angesteuert werden kann.
tmp	enthält für jede Rasse den zuletzt erstellten Bericht zu den statistischen Auswertungen als tex

## Programme

- `erstelle_gmbericht.sh`
- `erstelle_bericht_aus_den_auswertungsprogramme`
- `erstelle_aus_finalped_tabelle_verteilung_ausgangstiere_auf_jahrgang`
- `erstelle_aus_genanti_tabelle_herkunftsanteile_maennlich`
- `erstelle_aus_genanti_tabelle_herkunftsanteile_weiblich`
- `erstelle_aus_interval_textbaustein_generationsintervall_in_den_selektionspfaden`
- `erstelle_aus_neffpop_grafik_entwicklung_der_inzucht_in_den_geburtsjahrgaengen`
- `erstelle_`  
`le_aus_neffpop_grafik_vergleich_alle_tiere_und_tiere_mit_min_pci_auf_geburtsjahrgaengen`
- `erstelle_aus_pcindex_grafik_entwicklung_pedigree_completnes_index`
- `erstelle_aus_pcindex_tabelle_mittlerer_pedigree_completnes_index_auf_jahrgaenge`
- `erstelle_`  
`le_aus_pcindex_textbaustein_zusammenfassung_grenzwert_pedigree_completnes_index`
- `erstelle_aus_selras_tabelle_anzahl_tiere_je_jahrgang`
- `erstelle_aus_selras_tabelle_verteilung_tiere_auf_regionen`
- `erstelle_grafik_verteilung_ausgangstiere_auf_jahrgaenge`
- `erstelle_grafik_verteilung_tiere_auf_regionen`
- `erstelle_tabelle_anzahl_tiere_je_jahrgang_aus_selras`
- `erstelle_tabelle_verteilung_tiere_auf_regionen`
- `funktione_fuer_tabellen_erstellung`
- `setze_tausender_trennzeichen_in_bis_zu_fuenf_stelligen_zahlen`
- `starte_berichte_fuer_alle_rassen`
- `wb2tex`

## Daten

Die Daten für die Erstellung der statistischen Auswertungen sind aus den Protokollen der einzelnen Programme, die in

***/data/LOG/GENMON/\$RASSE***

geschrieben werden, zu entnehmen. Für jede zu bearbeitende Rasse ist ein Unterverzeichnis mit dem Rassekürzel \$RASSE reserviert.

## *Beschreibung der Programme*

### *1. Erstellung des allgemein beschreibenden Teils*

Dieses Skript erstellt den allgemeinen Teil zur Beschreibung der einzelnen Rassen

Die benötigte Parameter-Angabe für die Rasse ist aus Tabelle 1 ersichtlich:

Parameter: Rassenkürzel \$RASSE

- Sollen für mehrere Rassen Berichte erstellt werden, sind die Rassekürzel getrennt durch Leerzeichen anzugeben.
- Wird kein Parameter angegeben, werden die Berichte für alle Rassen erstellt.

Aufruf:

**erstelle\_gmbericht.sh**

Daten:

Die Textbausteine zur Erstellung des allgemeinen Teils befinden sich im Verzeichnis

***/projekte/genetisches\_monitoring\_rind/misc***

- erbfehlerproblematik.tex
- erbfehler.tex
- sv
- zv
- vit\_logo\_jpg

Für alle rassespezifischen Textbausteine wurde je Rasse ein Unterverzeichnis angelegt mit folgendem Inhalt:

- \$/bulle.pdf
- \$/kuh.pdf
- \$/entstehung.tex
- \$/entwicklung.tex
- \$/HB.pdf
- \$/heutiger\_stand.tex
- \$/leistungen.tex
- \$/logo.tex
- \$/schluesselwoerter.txt
- \$/verbreitung.tex
- \$/zuchtmethode.tex
- \$/zuchtprogramm.pdf
- \$/zuchtprogramm.tex
- \$/zuchtziel.tex

Die Berichtvorlage zur Erstellung des allgemeinen Teils befindet sich im Verzeichnis

***/projekte/genetisches\_monitoring\_rind/misc/Bericht.tex***

## *2. Erstellung des Berichts zu den statistischen Auswertungen*

Startprogramm: `erstelle_bericht_aus_den_auswertungsprogrammen`

Parameter:

- das Rassenkürzel \$RASSE
- und die Zuchtrichtung (M/F)

Aufruf:

**`starte_berichte_fuer_alle_rassen`**

Daten:

`misc/rassen_im_genetischen_monitoring`

(enthält die Rassen, für die eine Auswertung erfolgen soll)

### *Subscript zur Erstellung des Berichts aus den Auswertungsprogrammen*

Dieses Skript erstellt den Bericht zu den Ergebnissen der statistischen Analyse der einzelnen Rassen und aktiviert folgende Unterprogramme:

- `erstelle_aus_finalped_tabelle_verteilung_ausgangstiere_auf_jahrgang`
- `erstelle_aus_genanti_tabelle_herkunftsanteile_maennlich`
- `erstelle_aus_genanti_tabelle_herkunftsanteile_weiblich`
- `erstelle_aus_interval_textbaustein_generationsintervall_in_den_selektionspfaden`
- `erstelle_aus_neffpop_grafik_entwicklung_der_inzucht_in_den_geburtsjahrgängen`
- `erstel-`  
`le_aus_neffpop_grafik_vergleich_alle_tiere_und_tiere_mit_min_pci_auf_geburtsjahrg`  
`änge`
- `erstelle_aus_pcindex_grafik_entwicklung_pedigree_completnes_index`
- `erstelle_aus_pcindex_tabelle_mittlerer_pedigree_completnes_index_auf_jahgaenge`
- `erstel-`  
`le_aus_pcindex_textbaustein_zusammenfassung_grenzwert_pedigree_completnes_i`  
`ndex`
- `erstelle_aus_selras_tabelle_anzahl_tiere_je_jahrgang`
- `erstelle_aus_selras_tabelle_verteilung_tiere_auf_regionen`
- `wb2tex`

Parameter:

- das Rassekürzel
- die Zuchtrichtung

Aufruf:

**erstelle\_bericht\_aus\_den\_auswertungsprogrammen**

Daten:

- /data/LOG/GENMON/\$rasse\_kurz/neffpop.prot
- /data/LOG/GENMON/\$rasse\_kurz/selras.prot
- /data/LOG/GENMON/\$rasse\_kurz/finalped.prot
- /data/LOG/GENMON/\$rasse\_kurz/pcindex.prot
- /data/LOG/GENMON/\$rasse\_kurz/genanti\$zuchtrichtung.prot
- /data/LOG/GENMON/\$rasse\_kurz/interval.prot
- misc/\$rasse\_kurz/uebersicht\_datenmaterial.tex
- misc/\$rasse\_kurz/pedigreevollständigkeit.tex
- misc/\$rasse\_kurz/genanteile.tex
- misc/\$rasse\_kurz/Generationsintervall.tex
- misc/\$rasse\_kurz/Inzucht\_und\_Ne.tex
- misc/\$rasse\_kurz/bewertung\_der\_ergebnisse.tex

*Erstellung der tex-Vorlage*

Dieses Skript produziert aus der in \$1 angegebenen Datei eine tex-Vorlage, übersetzt sie mit pdflatex und extrahiert den Teil unter Inhalt.

Aufruf:

**bin/wb2tex**

*Schalter:*

--einspaltig    Dokument einspaltig erzeugen

## **2.11 Dokumentation des Monitorings der einzelnen Rassen – vit**

### **Deutsches Schwarzbuntes Niederungsrind**

*Rassecode: 10 (DSN)*

Die Rasseangabe 10 (DSN) wurde erst 1990 eingeführt. Bis zu diesem Zeitpunkt wurde einheitlich für alle Schwarzbunten, unabhängig vom HF-Anteil, der Rassecode 01 verwendet. Wie umfassend die Original Deutschen Schwarzbunten (GJ < 1990) in allen Regionen auf den Rassecode 10 umgesetzt wurden, ist nicht bekannt. Für das Monitoring werden die Pedigrees daher bei einem Ahnen mit Rassecode 01 nicht abgebrochen. Trotzdem resultiert bzw. verbleibt dadurch ein geringer Anteil an Tieren in der Monitoringstichprobe C mit tiefen Pedigrees. Der PCI wird nur auf Basis von 4 Generationen berechnet.

Die Rasse besteht in Deutschland praktisch aus zwei Subpopulationen, den Original Deutschen Schwarzbunten in den alten Bundesländern und der Schwarzbunten Genreserve in Brandenburg. Dadurch ist auch die noch sehr hohe berechnete effektive Populationsgröße zu erklären. Die Subpopulationen haben unterschiedliche Ursprünge und Zuchtprogramme und müssten eigentlich getrennt betrachtet werden.

### **Deutsches Shorthorn**

*Rassecode: 44 (DSH)*

Die Rasse wird fast ausschließlich in Schleswig-Holstein gehalten. Nur ca. 15 % der Tiere sind in anderen Bundesländern zu finden. Die Pedigreevollständigkeit ist trotz der geringen verfügbaren Datenbasis gerade für eine Fleischrasse relativ gut. Allerdings stehen nur reine Pedigrees zur Verfügung. Inwiefern dies der Realität entspricht oder die HB-Führer andersrassige Ahnen überhaupt nicht erfassen, bleibt zu klären. Um genügend Tiere zur Berechnung der effektiven Populationsgröße zu haben, kann lediglich ein  $PCI > 0,70$  bezogen auf max. 4 Generationen berücksichtigt werden. Der relativ hohe Wert für  $N_e = 92$  kann durch die Berechnung der effektiven Founder (31) und effektiven Ahnen (24) allerdings nicht bestätigt werden.

### **Holstein Rotbunt**

*Rassecode: 02 (RBT)*

Die Rasse ist sehr eng mit Holstein Schwarzbunt (01) verwandt bzw. die wichtigsten Vätertiere (Bullenväter) werden häufig in Holstein Schwarzbunt rekrutiert. Die Pedigreedaten laufen daher nicht bei einem Ahnen mit Rasseangabe 01 (HF-SBT) aus. Ansonsten gilt bezüglich weltweiter Verknüpfung der Pedigrees dasselbe wie bei Holstein Schwarzbunt. Es werden nur Daten aus der HB-Zentraldatei des vit verwendet. Die einflussreichsten Founder und Ahnen sind Rotfaktorträger der Rasse HF-Schwarzbunt aus Nordamerika. In Nordamerika wird kein getrenntes Herdbuch für schwarzbunte und rotbunte HF geführt. Die Rassen unter-

scheiden sich immer mehr nur noch in der Farbe und in einigen Merkmalen. Ein gemeinsames Monitoring wäre daher zu überlegen.

### **Holstein Schwarzbunt**

*Rassecode: 01 (SBT)*

Für die zahlenmäßig bei weitem größte Rasse muss im Jobablauf darauf geachtet werden, dass die „Workbereiche“ nicht durch andere/parallele Verarbeitungen belegt werden. Vor allem die erforderlichen Sortier Routinen benötigen sehr viel Zeit. Der Jobablauf für SBT ist daher in der Regel nicht als Ganzes zu starten, sondern für jeden Programmschritt separat.

Alle verwendeten Daten stammen aus der HB-Zentraldatei des vit, die kontinuierlich mit internationalen Pedigreedaten via Interbull abgeglichen und erweitert werden. Die HF-Population wird inzwischen weltweit „gemeinsam“ züchterisch bearbeitet. D.h. die Pedigrees sind weltweit, vor allem über Bullen aus Nordamerika, eng verknüpft. Durch die einheitlich verwendete Rasseangabe (01) können die Herkunftsländer (Subpopulationen) i.d.R. nur am Länderschlüssel in den Tieridentifikationen identifiziert werden. Inwiefern diese trotz internationaler Datenharmonisierung bei den ältesten Ahnen immer korrekt sind, kann schlecht beurteilt werden.

Letztendlich findet durch die internationale Verknüpfung der Pedigrees ein Monitoring der weltweiten HF-Population auf der deutschen Datengrundlage statt.

### **Doppelnutzung Rotbunt**

*Rassecode: 09 (RDN)*

Die Rasse wird nur in Schleswig-Holstein geführt. Sie hat ihren Ursprung in den original deutschen Rotbunten und in geringem Ausmaß in Red-HF. Bei der Erstellung der Monitoringdaten laufen die Pedigreedaten daher bei der Rasseangabe 02 (RBT) eines Ahnen weiter. In Schleswig-Holstein ist ein RDN-Tier durch weniger als 25% HF-Anteil definiert. Viele Tiere erhalten die Rasseangabe 09 (RDN) nur dadurch, dass der Vater nicht bekannt ist und dadurch der Rasseanteil eigentlich nicht korrekt berechnet werden kann. Die Pedigrees laufen dadurch z.T. sehr schnell aus. Dies muss bei der Definition des PCI berücksichtigt werden. Er kann nur auf eine Pedigreetiefe von 4 Generationen bezogen berechnet und angewendet werden. Die resultierende Monitoringgrundlage reduziert sich dadurch aber trotzdem erheblich.

### **Glanrind**

*Rassecode: 73 (GLR)*

Sämtliche Daten kommen aus der HB-Zentraldatei des vit. Eine Anfrage beim Fleischrinderherdbuch in Bonn bezüglich weiterer Abstammungsdaten war erfolglos. Mit 247 registrierten Tieren, geboren seit 1990, sind aussagefähige Auswertungen zur genetischen Variabilität der Rasse nicht mehr möglich. Die Programmsequenz endet nach Erstellung des

Gesamtpedigreefiles (Job 2). Der Bericht enthält daher nur den beschreibenden Teil zur Rasse.

### **Limpurger**

*Rassecode: 17 (LMP)*

Da die Verbreitung der Rasse hauptsächlich in Süddeutschland liegt, ist der Großteil der Pedigreedaten in der Zuchtwertschätzstelle LfL gespeichert. Ca.  $\frac{3}{4}$  der zum Monitoring verwendeten Abstammungsdaten wurden von der LfL geliefert und mit den im vit bekannten Daten abgeglichen. Es stehen nur noch ca. 300 aktive Zuchttiere mit ausreichender Pedigreetiefe für die Berechnung der effektiven Populationsgröße zur Verfügung. Bei der Bildung des Datensatzes C wurde auf Grund der geringen Tierzahlen bei der Berechnung des PCI nur eine Pedigreetiefe von 4 Generationen verlangt.

### **Rotes Höhenvieh**

*Rassecode: 71 (RHV)*

Trotz der bereits sehr geringen Populationsgröße ist die Rasse noch in vielen Regionen (Bundesländern) vertreten. Insgesamt werden in den letzten Jahren noch ca. 700 – 800 Kälber geboren. Die kritische Masse für ein aussagefähiges Monitoring wird kaum mehr erreicht. In den Abstammungsdaten ist bei den Ahnen in einzelnen Regionen sehr häufig die Rasseangabe 05 oder 06 (Rotvieh-Angler) vergeben. Inwieweit dies der Realität entspricht, oder ob hier „zufällig“ oder systematisch unterschiedliche Rasseangaben verwendet werden, kann nicht geklärt werden. Dies erschwert die Interpretation der Ergebnisse zusätzlich. Auf Grund dieser unsicheren Datengrundlage wurde die Pedigreetiefe für die PCI-Berechnung auf 4 Generationen herabgesetzt.

### **Rotvieh alte Angler Zuchtrichtung**

*Rassecode: 06 (RVA)*

Etwas überraschend stehen noch relativ viele Tiere dieser Rasse in Baden-Württemberg. Inwieweit dies der Realität entspricht oder in einer anderen Rassedefinition von eigentlich Angler/Rotvieh (05) konnte nicht geklärt werden. Insgesamt existieren nicht mehr viele aktive Tiere dieser Rasse, auch nicht im Ursprungsgebiet Schleswig-Holstein. Insbesondere die Pedigreevollständigkeit der noch lebenden Tiere ist mangelhaft. Auf Grund der geringen Datengrundlage muss die Pedigreetiefe für die PCI-Berechnung auf 4 Generationen herabgesetzt werden. Aber auch dann bleiben nur wenige Tiere für die Berechnung der effektiven Populationsgröße übrig.



## **Uckermärker**

*Rassecode: 67 (UCK)*

Die Fleischrasse Uckermärker ist eigentlich nicht als reine Rasse zu bezeichnen, da im Ursprung der Rasse und über die letzten Jahrzehnte kontinuierlich Charolais und Fleckvieh verwendet wurden. Die Uckermärker sind eher als synthetische Rasse zu bezeichnen. Die verfügbaren Abstammungsdaten kommen ausschließlich aus der HB-Zentraldatei des vit.

Auf Grund dieser relativ häufig nach wenigen Generationen auf die Rassen Charolais und Fleckvieh auslaufenden Pedigrees muss die Pedigreetiefe für die PCI-Berechnung auf 4 Generationen herabgesetzt werden. Die relativ hohe berechnete effektive Populationsgröße (123) ist durch die ständige Einkreuzung zu erklären.

### **3 Gesamtstatusbericht**

#### **3.1 Einleitung und Problemstellung**

Die Zucht von Nutztieren wird in Deutschland durch das Tierzuchtgesetz geregelt. In der Neufassung des Gesetzes von 2006 wird die Bedeutung zur Erhaltung der Rassen gestärkt. Das Gesetz sieht in §§ 9 – 11 vor, dass die Organisationen verpflichtet werden können, die in ihrem Besitz befindlichen Daten zur Bewertung der genetischen Vielfalt an die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) zu liefern. Solche Erhebungen sollen zukünftig regelmäßig durchgeführt werden. Zunächst ist jedoch ein klares Konzept zur Durchführung eines regelmäßigen Monitorings erforderlich, um langfristige Strategien zur Erhaltung tiergenetischer Ressourcen entwickeln zu können. Dazu benötigt das Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz zunächst einen Statusbericht über die genetische Struktur und den Gefährdungsgrad der Nutztierassen in Deutschland. Die bei den Organisationen vorliegenden Daten müssen dazu gesammelt und entsprechend zu aussagekräftigen populationsgenetischen Parametern verrechnet werden. Sie sollen im Sinne des Nationalen Fachprogramms für die Zentrale Dokumentation Tiergenetischer Ressourcen des Informations- und Koordinationszentrums für Biologische Vielfalt der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung bereitgestellt und von dort aus Behörden von Bund und Ländern, deren Fachgremien sowie der interessierten Öffentlichkeit zugänglich gemacht werden.

Zur Umsetzung dieser Ziele hat die BLE als Projektträger das „Erfassungsprojekt Erhebung von Populationsdaten tiergenetischer Ressourcen in Deutschland: Tierart Rind“ im Juli 2007 öffentlich ausgeschrieben. Die Rechenstellen LfL-ITZ in Grub und vit in Verden haben unter der Koordination der ADR im November 2007 ein gemeinsames Angebot zur Durchführung des Projektes eingereicht und den Zuschlag erhalten. Das Projekt begann am 14. März 2008 mit einer Laufzeit von zwei Jahren. Im August folgte eine für die Auftraggeberin kostenneutrale Projektverlängerung um vier Monate bis zum 13. Juli 2010.

Im Februar 2009 wurde dem Dienstleistungsvertrag entsprechend der Auftraggeberin ein Zwischenbericht im Rahmen eines gemeinsamen Arbeitstreffens in Bonn präsentiert. Schriftlich wurde der Zwischenbericht im April 2009 übergeben und anschließend als erfolgreich beurteilt.

### **3.2 Kurzbeschreibung der an der Bietergemeinschaft beteiligten Organisationen**

#### *Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter (ADR)*

Nach ihrer Satzung dient die ADR der Zusammenfassung und Förderung aller Bestrebungen, die auf die Verbesserung von Zucht, Haltung, Besamung, Embryotransfer und anderen Biotechniken sowie Leistungs- und Qualitätsprüfungen bei Rindern sowie auf die Verwertung ihrer Erzeugnisse gerichtet sind. Die ADR plant und koordiniert die Erfassung der notwendigen Daten in Zusammenarbeit mit den beiden Rechenzentren. Als Dachverband der organisierten deutschen Rinderproduktion dient die Geschäftsstelle der ADR als Bindeglied und Ansprechpartner für die BLE, den Zuchtverbänden als ursprünglicher Besitzer der Daten und den Rechenzentren, die die Daten verwerten und dem Auftraggeber in verwerteter Form bereitstellen werden.

#### *Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung m.V. (vit)*

vit führt im Auftrag von 9 Landeskontrollverbänden (LKV) die Datenhaltung und Datenverarbeitung im Bereich der Milchleistungsprüfung durch. Von 14 Milchrinderzuchtverbänden und 10 Fleischrinderzuchtverbänden ist VIT für die Datenhaltung und EDV-technische Durchführung der Herdbuchführung beauftragt. VIT ist außerdem beauftragte Stelle im Bereich der Viehverkehrsverordnung (VVVO) und Herkunftssicherung beim Rind (HIT) und beauftragte Stelle für die Zuchtwertschätzung beim Rind für die Rassen Schwarzbunt, Rotbunt, Jersey und Rotvieh in Deutschland, Österreich und Luxemburg.

#### *Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft; Institut für Tierzucht (LfL)*

Die Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft ist eine Mittelbehörde des Bayerischen Staatsministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten und diesem unmittelbar nachgeordnet. Das Institut für Tierzucht ist zuständige Stelle für die Zuchtwertschätzung beim Rind für die Rassen Fleckvieh und Braunvieh in Deutschland und Österreich.

### **3.3 Aufgaben**

Die Projektaufgaben und die Zeitplanung sind im Projektantrag beschrieben und wurden im Rahmen des Projektgenehmigungsverfahrens und des Dienstleistungsvertrages zusätzlich konkretisiert.

In beiden Rechenstellen sollte ein gemeinsam abgestimmtes Verfahren entwickelt werden, das dann auf die jeweils zugeteilten Rinderrassen angewendet werden sollte. Entgegen den ursprünglichen Vorgaben der Ausschreibung wurde in dem Dienstleistungsvertrag zwischen der Auftraggeberin und den Auftragnehmern - vertreten durch die ADR als geschäftsführendem Bieter - vereinbart, dass die Auftragnehmer grundsätzlich keine Einzeltierdaten bereitstellen werden. Sollte dies zu einem späteren Zeitpunkt notwendig sein, ist dies neu abzustimmen.

Um das Projekt entsprechend durchführen zu können, hat die ADR zuvor die Genehmigung der betroffenen Organisationen, die bei den Rechenstellen vorliegenden Daten zu den populationsgenetischen Berechnungen heranziehen zu können, in einer schriftlichen Abfrage eingeholt. Dabei wurde darauf hingewiesen, dass lediglich verrechnete Daten an die Auftraggeberin übergeben werden. Diese Zustimmungen liegen bis auf eine der im Anhang der Ausschreibung aufgelisteten Organisationen vor.

Je ein Vertreter aus Zucht und Besamung der Organisationen wurden regelmäßig zu den Arbeitstreffen der Bietergemeinschaft eingeladen, um so eine Transparenz der Arbeiten zu gewährleisten. Weiterhin erhielten die Organisationen im Mai eine Zusammenfassung des Berichtes und exemplarische Statusberichte zu den Berechnungen einzelner Rassen.

### **3.4 Verwendete Parameter und Methoden**

Für die Beschreibung der genetischen Ressourcen einer Population auf Basis von Pedigreeinformationen können eine Vielzahl von Parametern zur Anwendung kommen. Im vorliegenden Projekt erfolgte eine Einteilung in deskriptive Parameter und Populationsparameter, wobei erstere einen allgemeinen Überblick über die Entwicklung und Struktur der untersuchten Population der letzten 10 Geburtsjahrgänge geben sollten. Zu den im deskriptiven Teil berechneten Parametern gehörten:

- Anzahl der Tiere je Geburtsjahrgang
- Rassezugehörigkeit der Väter je Geburtsjahrgang
- Länderzugehörigkeit der Väter aufgeteilt nach Rasse der Väter
- Anzahl der Jahre, die ein Tier als Vater oder Mutter eingesetzt wird

Die Populationsparameter hingegen sollten direkt eine Einschätzung über die genetischen Ressourcen einer Rasse erlauben. Berechnet wurden:

- Generationsintervall je Vererbungspfad
- Pedigree Completeness Index (PCI)
- Mittlere Inzuchtkoeffizienten je Geburtsjahrgang
- Mittlere Coancestrykoeffizienten (Abstammungsverwandtschaften) je Geburtsjahrgang
- Effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) auf Basis der Inzuchtsteigerung ( $N_{eI}$ ) bzw. der Coancestrysteigerung ( $N_{eC}$ )
- Verhältnis effektiver:tatsächlicher Populationsgröße
- effektive Anzahl Basistiere ( $f_e$ )
- effektive Anzahl Ahnen ( $f_a$ )
- marginalisierte Ahnenbeiträge der Bullen
- Rassebeiträge der Basistiere in der aktuellen Population
- Fremdgenanteile (Einfluss anderer Rassen/Herkünfte)

Die Auswahl der anzuwendenden genetisch-statistischen Methoden orientierte sich an entsprechenden Untersuchungen in anderen Rinderpopulationen, die in der Literatur hinreichend dokumentiert und beschrieben sind. Nach einer Evaluierungsphase, in der verschiedene Methoden anhand von Daten einer gewählten „Testrasse“ erprobt wurden, einigten sich die Rechenstellen im Zuge eines Arbeitstreffens auf die zu nutzenden Methoden. Es konnte so eine Vergleichbarkeit der Ergebnisse gewährleistet werden. Die Umsetzung der Methoden in die Monitoring-Routine erfolgte in Eigenregie der jeweiligen Rechenstelle. Die jeweilige Vorgehensweise findet sich im Kapitel Dokumentation.

### **3.5 Datengrundlage**

Grundsätzlich wurden Abstammungsinformationen aus der Herdbuchzentraldatei des vit bzw. des zentralen Zuchtwertschätzpedigrees der Länder Deutschland und Österreich der LfL verwendet. Hierbei wurde jeweils der Datenstand der letzten offiziellen Zuchtwertschätzung zu Grunde gelegt. Für Rassen, die in den genannten Dateien nicht geführt werden, wurden Anfragen an die verantwortlichen Verbände gestellt. Betroffen hiervon waren die Rassen Angler alter Zuchtrichtung, Ansbach-Triesdorfer, Glanrind, Hinterwälder, Limpurger, Murnau-Werdenfelser, Original Braunvieh und Vorderwälder. Darüber hinaus wurden für das Monitoring keine weiteren Abstammungsinformationen genutzt. Lediglich bei sehr lückenhaften Beständen wurden externe Daten z.B. aus Interbulldateien zur Vervollständigung herangezogen.

Die Datengrundlage für das Monitoring stellten Tiere dar, die seit 1990 in Deutschland geboren sind, sowie deren Ahnen bis zum definierten Basisjahr 1950 zurück. Beim Aufbau des Pedigrees wurde die Länderbeschränkung auf Deutschland aufgehoben, so dass eine vollständige Erfassung auch ausländischer Ahnen gewährleistet werden konnte. Insbesondere bei Holstein ist durch den kontinuierlichen Abgleich der Pedigreedaten der Bullen mit dem internationalen Pedigreefile von Interbull eine weitestgehend eindeutige und vollständige Abstammungsinformation gewährleistet.

### **3.6 Erstellte Datensätze für das Monitoring**

Für die deskriptive Analyse der Population kam der **Datensatz A** zur Anwendung. Im Datensatz A sind Tiere enthalten, die in den letzten 10 vollständig besetzten Geburtsjahrgängen geboren wurden und unter Milchleistungsprüfung standen samt ihrer Ahnen, sofern diese ebenfalls im genannten Zeitraum geboren wurden. Entwicklungen und Verläufe, die an der untersuchten Population beobachtet werden können, konnten so über einen ausreichend großen Zeitraum dargestellt und analysiert werden. Gleichzeitig ist der Bezug zur lebenden, aktiven Zuchtpopulation gegeben, da viele der Tiere im untersuchten Datensatz noch während der Analyse zur lebenden Zuchtpopulation gehörten.

Die Berechnung der Populationsparameter wie Inzucht und effektive Populationsgröße erfolgte auf der Grundlage eines weiteren Datensatzes B. Dieser **Datensatz B** umfasst alle Tiere der aktuellen Population (**Akpop**) samt Abstammungen bis zur definierten Basis (Geburtsjahrgang 1950). Als zur aktuellen Population zugehörig wurden alle Tiere behandelt, die zur letzten Generation aktiver Zuchttiere gehörten. Es wurde dazu wieder vom letzten vollbesetzten Geburtsjahrgang ausgegangen und eine Generation zurückgegangen. Um eine Vereinheitlichung des Betrachtungszeitraums zwischen den Rassen zu erreichen, wurde die Generationslänge für die Generierung des Datensatzes auf 6 Jahre festgelegt.

Im Datensatz B wurden Einkreuzungen fremder Rassen als Genzufluss aus einer unverwandten Basis betrachtet (Immigration). Immigration kann bereits in geringem Umfang den Inzuchtanstieg verringern und führt somit zu höheren Schätzwerten für die inzuchteffektive Populationsgröße. Dies kann zu Fehleinschätzungen der Entwicklung der rassespezifischen Diversität führen. Im **Datensatz C** wurde deshalb unter Verwendung des Kriteriums des Pedigree Completeness Index (PCI) die Gesamtbetrachtung auf die Tiere der aktuellen Population eingeschränkt, die über ein ausreichend tiefes rassespezifisches Pedigree verfügen (PCI von 0.7 auf 8 Generationen). Ein Vergleich der Ergebnisse basierend auf den Datensätzen B und C erlaubt somit eine ungefähre Abschätzung des Effektes von Immigration und fehlender Abstammungsinformationen auf den Inzuchtanstieg. Ergebnisse basierend auf Datensatz C dürften mehr Aussagekraft in Bezug auf die Entwicklungen einer rassespezifischen Kernpopulation haben.

### **3.7 Ergebnisse**

Einen Überblick über die Datengrundlage der einzelnen Rassen gibt die Tabelle 1. Aufgrund des Verlustes von Tieren in Datensatz C im Vergleich zu Datensatz B können hier bereits Rückschlüsse auf die Pedigree-Vollständigkeit gezogen werden. In Tabelle 2 sind die berechneten Populationsparameter für die Datensätze B und C der LfL aufgeführt. Im vit wurden nur die entsprechenden Werte für Datensatz C ermittelt. Es wurden Daten vom Stand der Zuchtwertschätzung November 2009 (LfL) bzw. Dezember 2009 (vit) verwendet. Rassen mit fehlenden Datensätzen/Ergebnissen (z.B. Gelbvieh Fleisch, Hinterwälder Fleisch) konnten aufgrund schlechter oder nicht vorhandener Datengrundlage nicht bearbeitet werden. Dasselbe trifft auf die im vit ausgewerteten Rassen Glanrind und Rotvieh alter Angler Zucht-richtung zu. Ausführliche Ergebnisse der einzelnen Rassen können dem jeweiligen Statusbericht entnommen werden.

**Tabelle 1.** Anzahl der Tiere im Rohdatensatz, im Datensatz A und in den verwendeten Datensätzen B und C (aktuelle Population bzw. aktuelle Population inklusive Pedigree)

Rasse	Anzahl Tiere Rohdaten	Datensatz A	Datensatz B <sup>†)</sup>		Datensatz C	
		Anzahl Tiere	Anzahl Tiere Akpop	Anzahl Tiere Akpop+Pedigree	Anzahl Tiere Akpop	Anzahl Tiere Akpop+Pedigree
<b>Ansbach-Triesdorfer<sup>†)</sup></b>	2.316	-	-	-	-	-
<b>Braunvieh</b>	2.347.187	539.420	351.676	876.892	295.993	795.888
<b>Dt. Schwarzbuntes Niederungs- rind</b>	61.625	12.395			2.070	12.061
<b>Deutsches Shorthorn</b>	2.930	1.236			234	465
<b>Doppelnutzung Rotbunt</b>	685.497	224.300			2.395	19.295
<b>Fleckvieh</b>	10.628.727	3.929.125	2.115.312	4.554.797	1.753.631	4.130.865
<b>Fleckvieh Fleisch</b>	89.385	96.429	51.825	78.397	40.969	65.266
<b>Gelbvieh</b>	190.614	26.220	13.976	42.739	9.070	31.523
<b>Gelbvieh Fleisch<sup>†)</sup></b>	-	-	-	-	-	-
<b>Glanrind<sup>†)</sup></b>	322	-	-	-	-	-
<b>Hinterwälder</b>	12.751	4.013	2.152	5.033	1.503	4.085
<b>Hinterwälder Fleisch<sup>†)</sup></b>	-	-	-	-	-	-
<b>Holstein Rotbunt</b>	3.676.885	1.127.019			162.633	546.170

		Datensatz A	Datensatz B		Datensatz C	
Rasse	Anzahl Tiere Rohdaten	Anzahl Tiere	Anzahl Tiere Akpop	Anzahl Tiere Akpop+Pedigree	Anzahl Tiere Akpop	Anzahl Tiere Akpop+Pedigree
<b>Holstein Schwarzbunt</b>	18.753.228	7.700.879			1.862.800	6.231.311
<b>Limpurger</b>	3.271	2.251			277	745
<b>Murnau-Werdenfelser</b>	21.268	1.851	1.088	2.035	658	1.413
<b>Original Braunvieh</b>	6.156	1.147	898	4.713	717	4.404
<b>Pinzgauer</b>	140.188	2.515	1.357	6.260	612	4.522
<b>Pinzgauer Fleisch</b>	10.073	3.073	1.432	2.634	756	1.664
<b>Rotes Höhenvieh</b>	7.944	3.299			478	1.468
<b>Rotvieh alter Angler Zuchtrichtung</b>	3.896	1.508			31	131
<b>Uckermärker</b>	27.075	19.207			1.142	3.172
<b>Vorderwälder</b>	94.894	22.713	12.520	31.625	5.625	21.541

<sup>1)</sup> Vergl. Anmerkungen im Text

<sup>2)</sup> Datensatz B wurde nur von der LfL ausgewertet



**Tabelle 2.** Mittleres Generationsintervall (in Jahren), effektive Populationsgröße basierend auf dem Anstieg der Inzuchtkoeffizienten ( $N_eI$ ) und der Coancestrykoeffizienten ( $N_eC$ ), effektive Anzahl Basistiere ( $f_e$ ) und effektive Anzahl Ahnen ( $f_a$ ) dargestellt für beide Datensätze, sowie Verhältnis von effektiver Populationsgröße basierend auf dem Anstieg der Inzuchtkoeffizienten ( $N_eI$ ) zu tatsächlicher Populationsgröße ( $N$ ) basierend auf Datensatz C, als kritische  $N_eI$  gelten Werte von <50 bis 100

Rasse	Generationsintervall	Datensatz B <sup>†)</sup>				Datensatz C				
		$N_eI$	$N_eC$	$f_e$	$f_a$	$N_eI$	$N_eC$	$f_e$	$f_a$	$N_eI:N$
<b>Ansbach-Triesdorfer<sup>†)</sup></b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>Braunvieh</b>	6,40	88	77	82	45	75	65	75	44	1:3953
<b>Dt. Schwarzbuntes Niederungs- rind</b>	5,26					172	175	101	37	1:12
<b>Deutsches Shorthorn</b>	4,73					92	72	31	24	1:3
<b>Doppelnutzung Rotbunt</b>	5,89					324	285	157	54	1:7
<b>Fleckvieh</b>	6,26	118	94	127	49	100	80	112	48	1:17551
<b>Fleckvieh Fleisch</b>	5,96	125	444	295	186	108	363	244	166	1:380
<b>Gelbvieh</b>	6,02	199	156	64	47	83	61	43	33	1:110
<b>Gelbvieh Fleisch<sup>†)</sup></b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>Glanrind<sup>†)</sup></b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>Hinterwälder</b>	5,22	90	105	112	82	63	72	86	66	1:24
<b>Hinterwälder Fleisch<sup>†)</sup></b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Rasse	Generationsintervall	Datensatz B <sup>†)</sup>				Datensatz C				
		N <sub>e</sub> I	N <sub>e</sub> C	f <sub>e</sub>	f <sub>a</sub>	N <sub>e</sub> I	N <sub>e</sub> C	f <sub>e</sub>	f <sub>a</sub>	N <sub>e</sub> I:N
Holstein Rotbunt	5,60					131	93	133	34	1:1241
Holstein Schwarzbunt	5,61					70	68	71	21	1:26611
Limpurger	5,77					108	98	38	16	1:3
Murnau-Werdenfelser	8,02	35	83	50	22	20	34	34	13	1:32
Original Braunvieh	7,62	71	53	167	99	64	46	152	88	1:11
Pinzgauer	5,97	-	123	145	74	96	53	78	41	1:6
Pinzgauer Fleisch	5,46	115	100	64	58	71	60	69	54	1:11
Rotes Höhenvieh	4,74					68	54	45	29	1:7
Rotvieh alter Angler Zuchtrichtung	4,06					77	51	36	18	-
Uckermärker	5,01					123	108	111	56	1:9
Vorderwälder	5,31	178	151	54	29	90	107	50	26	1:62

<sup>†)</sup> Vergl. Anmerkungen im Text

<sup>†)</sup> Datensatz B wurde nur von der LfL ausgewertet

### **3.8 Bewertung der Ergebnisse der einzelnen Rassen**

#### *Ansbach-Triesdorfer*

Ansbach-Triesdorfer werden im Fleckvieh-Herdbuch geführt. Es handelt sich aus datentechnischer Sicht um Fleckvieh-Tiere, die im Herdbuch als Triesdorfer gekennzeichnet sind. Eine klare Rasseabgrenzung zu Fleckvieh sowie zu anderen Rassen ist nicht möglich. Aus populationsgenetischer Sicht muss auf der Grundlage der vorliegenden Informationen der Schluss gezogen werden, dass diese Rasse nicht existiert. Im Rahmen eines genetischen Monitorings in der vorliegenden Form ist diese „Rasse“ daher nicht sinnvoll bearbeitbar.

#### *Braunvieh*

Braunvieh zeigt mit einer  $N_eI$  von **75** ein typisches und angemessenes Ergebnis für eine züchterisch stark bearbeitete Rasse. Ein weiteres Absinken der  $N_e$  würde allerdings weitergehende Maßnahmen zum Erhalt rassespezifischer Gene erforderlich machen. Eine Konzentration auf die rassetypisch starken Merkmale im Bereich der Fitness und Funktionalität könnte die Rasse trotz starkem Konkurrenzdruck weiterhin wettbewerbsfähig halten.

#### *Deutsches Schwarzbuntes Niederungsrind*

Die Rasse besteht praktisch aus zwei Subpopulationen. Zum einen aus den original deutschen Schwarzbunten in den alten Bundesländern und aus der sogenannten schwarzbunten Genreserve in Brandenburg, die stark durch holländische Ahnen geprägt ist. Die noch recht hohe effektive Populationsgröße von  $N_eI = 172$  wurde an der Gesamtpopulation berechnet. Für die beiden Teilpopulationen, die nach wie vor kein gemeinsames Zuchtprogramm fahren, ergeben sich erwartungsgemäß wesentlich niedrigere Werte. Die Genreserve-Population in Brandenburg wird züchterisch sehr intensiv betreut. Bei der Anpaarung wird schon seit Jahren soweit möglich auf Inzuchtvermeidung geachtet.

#### *Deutsches Shorthorn*

Die Fleischrasse „Deutsches Shorthorn“ wird in erster Linie in Schleswig-Holstein mit ca. 230 aktiven Zuchttieren gehalten. Insgesamt ist nur sehr wenig Pedigreeinformation verfügbar. Die effektive Populationsgröße konnte daher auch nur mit einer geringen Pedigreetiefe bzw. –vollständigkeit mit  $N_eI = 92$  geschätzt werden. Dieser dürfte überschätzt sein, bei der Berechnung über effektive Basistiere bzw. effektive Ahnen resultieren lediglich Werte von 31 bzw 24.

#### *Doppelnutzung Rotbunt*

Die Rassebezeichnung „Doppelnutzung Rotbunt“ wurde erst vor ca. 20 Jahren für Deutsche Rotbunte mit weniger als 25% Holstein Blutanteil eingeführt. Die Rasse ist nach wie vor auf die o. a. Region begrenzt. Die Bullenselektion erfolgt aktuell zusammen mit der MRY-

Population in den Niederlanden. Bedingt durch diesen Genzufluß, das Auslaufen vieler Pedigrees auf Rotbunt und Holstein, sowie die geringe Pedigreetiefe ist die wahrscheinlich überschätzte  $N_eI$  von **324** zu erklären. Reinrassige RDN-Tiere über viele Generationen sind in den Daten kaum mehr zu finden.

#### *Fleckvieh*

Fleckvieh stellt mit einer ausreichend hohen  $N_eI$  von **100** bei kontrollierter Inzuchtvermeidungspaarung eine züchterisch intensiv bearbeitete Rasse dar, die sich durch ihr Spektrum an sehr guten Merkmalen auch in Zukunft gut auf dem Markt behaupten können wird.

#### *Fleckvieh Fleisch*

Eine eindeutige Rasseabgrenzung zwischen Fleckvieh Doppelnutzung und Fleckvieh Fleisch ist nicht gegeben. Die Fleckvieh Fleisch Population weist einen stetigen Genzufluss aus der Fleckvieh Doppelnutzung Population auf. Die Rasse weist mit **108** demnach auch eine ähnliche  $N_eI$  wie Fleckvieh auf. Die hohen Werte für  $f_e$  und  $f_a$  unterstreichen die Annahme des stetigen Genzuflusses. Die hohen  $N_eC$  Werte lassen auf eine intensive Bildung von Subpopulationen schließen, zwischen denen nur sehr wenig genetischer Austausch stattfindet.

#### *Gelbvieh*

Die Rasse Gelbvieh wies in der Vergangenheit einen hohen Anteil an Einkreuzungen mit Fleckvieh auf. Dadurch sind reinrassige Tiere teilweise verdrängt worden. Trotz einer angemessen hohen  $N_eI$  von **83** könnte eine Eingrenzung des Verlusts rassespezifischer Gene bei gleichzeitiger Steigerung des Zuchtfortschritts bei dieser Rasse zur sinnvollen Erhaltung der genetischen Ressourcen beitragen. Wir sehen eine Gefährdung dieser Rasse vor allem durch die kontinuierlich sinkenden Bestandszahlen durch Betriebsaufgaben bzw. Umstellung von Gelbvieh auf Fleckvieh in der Milchproduktion.

#### *Glanrind*

Mit insgesamt noch etwa 250 registrierten geborenen Tieren seit 1990 und nur noch 141 registrierten lebenden Tieren ist ein genetisches Monitoring nicht mehr möglich. „Registriert“ bedeutet, diese Tiere sind in der Abstammungsdatei des vit erfasst. Zusätzliche Tiere und deren Abstammungen konnten trotz wiederholter Nachfrage bei Zuchtverbänden nicht beigebracht werden. Für ein genetisches Monitoring sind damit nicht mehr genügend Tiere mit entsprechender Pedigreetiefe vorhanden. Von den noch lebenden Tieren müsste zunächst direkt auf den Betrieben Abstammungsinformation erfasst werden (sofern noch möglich), um einen erneuten Monitoringversuch zu starten. Die Erfolgsaussichten dafür sind allerdings als gering einzuschätzen.

### *Hinterwälder*

Die Ergebnisse des Monitorings spiegeln ein gutes Zuchtmanagement dieser Rasse wieder. Dies zeigt sich an einer mit **63** vergleichsweise hohen  $N_eI$  bei gleichzeitig relativ kleiner absoluter Populationsgröße. Ähnliche Werte von  $N_eI$  und  $N_eC$  sind in dieser Population Ausdruck des hohen Natursprunganteils. Hohe Werte von  $f_e$  und  $f_a$  deuten darauf hin, dass auch in der Vergangenheit ein ausgeglichener Einsatz von Zuchttieren erfolgte, was sich positiv auf die genetische Vielfalt in dieser Rasse auswirkt.

### *Holstein Rotbunt*

In der Rotbuntzucht werden häufig als Bullenväter Holsteinbullen mit Rotfaktor verwendet. Daher ist diese Rasse bzgl. ihres Genpools immer weniger von Holstein/Schwarzbunt zu unterscheiden. So sind die Ahnen mit den höchsten marginalen Genbeiträgen allesamt Holsteinbullen aus Nordamerika (Triple, Elevation, Chef II, Enhancer). Bei der Erstellung der Monitoringpopulation wurden aufgrund der beschriebenen Situation die Pedigrees nicht „abgeschnitten“, wenn ein Ahne mit Rassecode 1 (Holstein/SBT) auftritt. Die weiteren schwarzbunten Holsteinahnen wurden bei der Inzuchtberechnung berücksichtigt. Mit  $N_eI = 123$  Tieren ergibt sich eine vergleichbare effektive Populationsgröße wie in anderen intensiv züchterisch bearbeiteten Milchviehrassen. Überraschend ist die doch fast doppelt so hohe effektive Populationsgröße wie bei den schwarzbunten Holsteins.

### *Holstein Schwarzbunt*

Mit einer aktiven Zuchtpopulation von fast 2 Mio. Tieren in Deutschland ist Holstein die größte und züchterisch wohl auch am intensivsten bearbeitete Milchrasse. Die Deutsche Holsteinzucht kann nicht isoliert betrachtet werden, da ein massiver Genaustausch zwischen allen wichtigen Holsteinzuchtländern schon über Jahrzehnte stattfindet. Fast alle Pedigrees laufen daher auch auf nordamerikanische Tiere zurück. Die hier geschätzte effektive Populationsgröße von  $N_eI = 70$  stimmt sehr gut mit früheren Schätzungen anhand der deutschen Zuchtpopulation, aber auch mit international geschätzten Werten überein. Der sehr niedrige Wert zeigt aber auch die begrenzte Interpretierbarkeit, denn eine Abnahme der genetischen Variabilität in den wichtigsten Selektionsmerkmalen in den letzten Jahrzehnten ist nicht festzustellen.

### *Limpurger*

Von den insgesamt über 3000 in den Abstammungsdateien der LfL und des vit noch registrierten Tieren erfüllen nur 277 Ausgangstiere (aktive lebende Zuchtpopulation) die Anforderungen bezüglich Mindest-Pedigreevollständigkeit (3 Generationen). Aus diesen und ihren Ahnen wird eine  $N_eI = 108$  berechnet. Dieser für die noch lebende Population doch sehr hohe Wert ist durch die geringe Pedigreetiefe zu erklären. Aus derselben Datengrundlage berechnen sich nur noch 16 effektive Ahnen.

### *Murnau-Werdenfelser*

Ergebnisse dieser Rasse sind aufgrund der lückenhaften Abstammungen nur bedingt aussagekräftig. Murnau-Werdenfelser unterschreiten mit einer  $N_eI$  von **20** deutlich den als kritisch einzustufenden Referenzwert von 50. Die Maßnahmen zur Erhaltung des jetzigen Zustandes bzw. zur Vergrößerung der Population sollten verstärkt werden.

### *Original Braunvieh*

Die Rasse Original Braunvieh lässt sich nicht eindeutig von der Rasse Braunvieh abgrenzen. Ein ständiger Genfluss zwischen diesen beiden Zuchtrichtungen ist gegeben. Daher wird mit einer  $N_eI$  von **64** ein ähnlicher Wert wie für Braunvieh geschätzt. Weiterhin muss bei der Interpretation berücksichtigt werden, dass eine Gleichbehandlung von bayerischen und baden-württembergischen Tieren durch anscheinend unterschiedliche Kennzeichnungsweise nur bedingt möglich ist.

### *Pinzgauer*

Die deutsche Pinzgauerpopulation weist einen steten Genzufluss aus der österreichischen Population auf, was sich in einer vergleichsweise hohen  $N_eI$  von **96** niederschlägt. Eine Beurteilung der Gefährdung dieser Rasse ist daher nur unter Berücksichtigung der österreichischen Population sinnvoll. Da im Rahmen dieses Monitorings explizit nur die deutsche Population betrachtet werden sollte, sind die Ergebnisse in dieser Hinsicht von eingeschränkter Aussagekraft. Eine Änderung der Vorgehensweise wäre bei dieser Rasse angebracht. Auffallend war eine hohe Einkreuzung mit Fleckvieh, die zu einem Abfall der Pedigree-Vollständigkeit in den Geburtsjahrgängen 1990 bis 2000 geführt hat. Durch die Verwendung einer regressionsbasierten Methode zur  $N_e$ -Berechnung konnte wegen der geringen Inzucht in diesem Zeitraum für Datensatz B keine  $N_eI$  berechnet werden.

### *Pinzgauer Fleisch*

Ähnlich wie bei Fleckvieh Fleisch gibt es keine klare Rasseabgrenzung zwischen Pinzgauer Fleisch und Pinzgauer Doppelnutzung. Eine trotzdem relativ geringe  $N_eI$  von **71** deutet auf einen hohen Inzuchtgrad der Reinzuchttiere hin.

### *Rotes Höhenvieh*

Für die noch knapp 500 Tiere in der aktiven lebenden Zuchtpopulation wird eine effektive Populationsgröße  $N_eI$  von **68** geschätzt. Um genügend Tiere für die Auswertung verwenden zu können, konnten bezüglich Pedigreevollständigkeit keine hohen Anforderungen gestellt werden. Auffällig ist, dass sich die Genanteile der Rasse über viele Geburtsjahre ziemlich genau jeweils zur Hälfte auf Rotvieh/Angler und Rotes Höhenvieh zurückführen lassen. Erst in den letzten Jahren nimmt der Anteil Rotvieh/Angler zu Lasten der Originalrasse zu.

### *Rotvieh alte Angler Zuchtrichtung*

Die kritische Anzahl an Tieren in der aktiven Zuchtpopulation mit der nötigen Pedigreevollständigkeit ist unterschritten. Der berechnete Wert von  $N_eI = 77$  dürfte sehr unsicher und auch überschätzt sein. Der entsprechende Wert über die effektiven Ahnenbeiträge berechnet, liegt bei  $N_eI = 18$ .

### *Uckermärker*

Die Fleischrasse Uckermärker kann, was ihren Ursprung und auch ihre züchterische Entwicklung über die letzten Jahrzehnte betrifft, nicht als Reinzuchtrasse definiert werden. Sie entstand durch Einkreuzung von Charolais und Fleckvieh auf eine fast ausgestorbene Lokalrasse. Diese beiden Fremdrassen wurden auch später kontinuierlich in der Zucht verwendet. Die Pedigrees der aktiven Zuchtpopulation laufen daher sehr schnell auf die beiden Fremdrassen aus. Daher sind nur geringe Inzuchtanstiege und demzufolge auch für die aktive Populationsgröße von 1142 Tieren eine relativ hohe effektive Populationsgröße von  $N_eI = 123$  abzuleiten. Diese Zahl ist aber aufgrund der Kreuzungssituation nicht mit den entsprechenden Größen in anderen Populationen in ihrer Bewertung zu vergleichen.

### *Vorderwälder*

Die Rasse Vorderwälder weist einen erheblichen Anteil an Einkreuzungen durch Red Holstein, Ayrshire und Montbéliard auf. Unter den wichtigsten Ahnen sind somit auch vorwiegend Bullen dieser Rassen zu finden. Ursprüngliche Vorderwälder werden nach und nach verdrängt. Die relative große Population, die sich auch in einer  $N_eI$  von **90** widerspiegelt, erlaubt allerdings eine gezielte züchterische Bearbeitung und dadurch Erhaltung dieser Reinzuchttiere. Problematisch ist hierbei allerdings, wie der nötige Zuchtfortschritt erzielt werden kann, um die Rasse wettbewerbsfähig zu halten.

### **3.9 Bewertung des entwickelten Routineverfahrens für ein genetisches Monitoring**

Das bei den beiden Rechenstellen LfL-ITZ und vit entwickelte Routineverfahren für ein genetisches Monitoring erwies sich als flexibel und dennoch gut automatisierbar. Obwohl jede Rechenstelle aufgrund unterschiedlicher Infrastruktur eine andere Umsetzung der Routine verfolgen musste, sind die verwendeten Methoden und die Vorgehensweise bei der Erstellung der Datensätze identisch, und somit sind auch die Ergebnisse der Rassen untereinander vergleichbar.

Limitierender Faktor für ein erfolgreiches Monitoring war die Datenqualität bzw. die eindeutige Abgrenzung verschiedener Rassen zueinander. Es konnten daher in einigen Fällen auf der Grundlage der verwendeten Informationen mit den gewählten Methoden keine aussagekräftigen Ergebnisse berechnet werden.

Die Ergebnisse zeigen, dass außer bei den bisher bereits aktiv unterstützten Rinderrassen keine neuen Erhaltungsprogramme benötigt werden. Die Entwicklung bei der Rasse Gelbvieh ist wegen der hohen Dynamik jedoch besonders zu beachten.

Die verschiedenen berechneten Parameter ermöglichen eine differenzierte Beurteilung des Gefährdungsstatus und erstmals auch in gewissem Maße eine Ursachenforschung bezüglich der Gründe für beobachtbare Entwicklungen in den Populationen. Seinen eigentlichen Wert wird das Monitoring jedoch erst entfalten können, wenn es nach demselben Schema regelmäßig durchgeführt wird und somit die Dynamik der Populationsentwicklung über längere Zeiträume dokumentiert werden kann.



## **4 Gesamtbewertung des Projektes**

### **4.1 Datenbeschaffung LfL**

Die Datenbereitstellung für die an der LfL bearbeiteten Rassen war relativ unkompliziert, da für einen Großteil der Rassen die Daten aus dem zentralen Zuchtwertschätzpedigree der Länder Deutschland und Österreich der LfL ausgezogen werden konnten. Für die übrigen Rassen wurde der direkte Kontakt zu den betreuenden Zuchtverbänden (Murnau-Werdenfelser, Original Braunvieh) bzw. zur Rechenstelle in Baden-Württemberg in Kornwestheim (Wäldervieh) und zum vit in Verden (Fleckvieh Fleisch, Pinzgauer Fleisch) gesucht. Die benötigten Daten konnten auf diesem Wege relativ schnell beschafft werden. In einigen Fällen, etwa bei festgestellten falschen ISO-Nummer- und Rassecodierungen von ausländischen Besamungsbullen musste Rücksprache mit den verantwortlichen Verbandsmitarbeitern gehalten werden, um die wahre Rassezugehörigkeit bzw. die ursprüngliche ISO-Nummer der importierten Bullen zu erfahren. Dank guter Aufzeichnungen in den Verbänden, konnte dieser Arbeitsschritt relativ schnell und weitgehend erfolgreich erledigt werden.

Retrospektiv kann das vorliegende Datenmaterial für die einzelnen Rassen in aller Regel mit sehr gut bewertet werden. Vor allem bei den Rassen, die einer regelmäßigen Zuchtwertschätzung unterliegen, war das Pedigree von reinrassigen Tieren der aktiven Zuchtpopulation nahezu vollständig. Die Rassen Gelbvieh Fleisch, Hinterwälder Fleisch und Ansbach-Triesdorfer konnten allerdings aufgrund fehlender oder sehr schlechter Datengrundlage nicht bearbeitet werden. Um den Effekt von Einkreuzungen auf die Entwicklung der rassespezifischen Diversität ungefähr abschätzen zu können, wurden zwei verschiedene Datensätze auf Basis der Pedigreevollständigkeit gebildet (siehe Dokumentation für mehr Details). Bei der Auswahl der Tiere der aktuellen Zuchtpopulation, wurde als ein notwendiges Kriterium die dokumentierte Teilnahme an der Milchleistungsprüfung (MLP) zu Grunde gelegt. Es wurde davon ausgegangen, dass der Anteil an Tieren, die an der Milchleistungsprüfung teilnehmen, höher ist als der Anteil an Herdbuchtieren. Eine Gewähr für diese Annahme gibt es allerdings nicht. So war der vergleichsweise niedrige Anteil an MLP-Kühen bei der Rasse Murnau-Werdenfelser ausschlaggebend für eine Ausweitung auf Herdbuchkühe, die in die Analyse aufgenommen wurden. Generell ist festzuhalten, dass jeweils nur ein bestimmter Anteil an Tieren einer Population erfasst wird, die tatsächliche Gesamtpopulation also größer sein kann. Durch die Festlegung auf bestimmte Kriterien, die Tiere der von uns definierten aktuellen Population erfüllen müssen (Teilnahme an MLP), wird jedoch ein Höchstmaß an Vergleichbarkeit und Transparenz zwischen den Monitoringläufen erreicht.

### **4.2 Datenbeschaffung vit**

Verwendet werden in erster Linie die Abstammungsinformationen aus der Herdbuchzentraldatei des **vit** zum Datenstand der jeweils letzten aktuellen Zuchtwertschätzung. D. h., vor jeder Zuchtwertschätzung wird der aktuelle Stand der vit-HB-Zentraldatei (ca. 67 Mio. Tiere aller Rassen) komplett abgezogen, geprüft und soweit möglich bezüglich fehlender Informa-

tionen wie Geburtsjahr oder Geschlecht ergänzt. Die vit-HB-Zentraldatei ist die umfassendste und vollständigste Abstammungsdatengrundlage für die vom vit zu untersuchenden Milch- und Fleischrassen bzw. Herdbuchpopulationen in Deutschland. Sie enthält die Abstammungsinformationen aller unter Milch- und Fleischleistungsprüfung stehender Tiere einer Rasse, nicht nur die Herdbuchtiere.

Lediglich für die Rasse Limpurger wurden Abstammungsdaten von der LfL Bayern zusätzlich geliefert, um die vit-Daten zu ergänzen. Anfragen zu zusätzlichen Abstammungsinformationen zur Erweiterung der Monitoringstichprobe und/oder zur Ergänzung der Pedigrees einzelner Tiere wurden für die Rasse „Glanrind“ beim FHB Bonn und für die Rasse „Angler alter Zuchtrichtung“ beim Zuchtverband in Schleswig-Holsten gestellt. Beide Stellen konnten aber keine zusätzlichen, im vit nicht bereits vorliegenden Daten, liefern.

Die Datenbeschaffung für das Monitoring ist daher als sehr einfach und effizient zu bezeichnen, da sie im Wesentlichen aus einer zentralen Quelle erfolgen kann.

Die Datenqualität bezüglich eines einheitlichen und eindeutigen Tieridentifikationssystems (EU-ISO-Nummern) ist dadurch auch bestmöglich gegeben, da im vit kontinuierlich diese Abstammungsdaten (z.B. für die Zuchtwertschätzung) geprüft, ergänzt, korrigiert und auch international abgeglichen werden. Dies gilt aber nur für alle Rassen, für die im vit die Zuchtwertschätzung durchgeführt wird. Für Rassen, die züchterisch kaum mehr bearbeitet werden und daher auch keiner Zuchtwertschätzung mehr unterliegen (Glanrind, Limpurger, Angler alter Zuchtrichtung), ist keine ausreichende und sichere Datengrundlage für ein genetisches Monitoring gegeben.

Der Projektpartner ADR hat von allen betroffenen Zuchtorganisationen offiziell die Freigabe zur Verwendung der Daten in diesem Projekt eingeholt.

Für das genetische Monitoring werden als Datengrundlage zunächst alle Tiere einer vorgegebenen Rasse, die seit 1990 in Deutschland geboren sind, sowie deren Ahnen bis 1950 zurück aus der HB-Zentraldatei extrahiert. Diese Daten bilden den Gesamtpool einer Rasse, aus dem dann die Monitoringpopulationen u.a. aufgrund von Geburtsjahren und Pedigreevollständigkeit extrahiert werden.

### **4.3 Parameterwahl**

Die berechneten Populationsparameter sollten eine umfassende Übersicht über die historische und aktuelle Lage der genetischen Ressourcen einer Rasse ermöglichen. Auf der anderen Seite musste im Rahmen eines automatisierten und genormten Verfahrens bei sehr unterschiedlichen Strukturen, die Berechnungen auf ein sinnvolles Maß beschränkt bleiben. Aus diesem Abwägen entstand ein effizientes Verfahren, in dem nach dem Kosten-Nutzen-Prinzip der höchstmögliche Informationsgewinn für jede untersuchte Rasse gewährleistet ist.

Zeitaufwendig zu berechnende Parameter ohne nennenswerte Zusatzinformation wurden demnach aus dem Parameterset ausgeschlossen.

Durch die Nutzung zweier Datensätze, die sich im Grad der Reinrassigkeit der Tiere in der aktuellen Population unterschieden, und durch die Berechnung von zwei verschiedenen  $N_e$ -Werten je Datensatz wurde die Möglichkeit geschaffen, spezifische Eigenschaften des Zuchtgeschehens und der beschriebenen Population sichtbar zu machen. Der Einfluss von Einkreuzungen und spezifischen Anpaarungsstrategien wurde so fass- und darstellbar.

Der Populationsparameter, der für die Einschätzung einer Rasse in eine Gefährdungskategorie üblicherweise herangezogen wird, ist die effektive Populationsgröße ( $N_e$ ), eine Maßzahl für den Inzuchtanstieg bzw. den Grad von Drift in einer Zuchtpopulation. Nachteil dieser Größe ist die Vielzahl existierender Berechnungsmethoden die nur unter ganz spezifischen und in statistisch-genetischem Sinn wohldefinierten Bedingungen zu ähnlichen oder vergleichbaren Schätzwerten führen. Zu wissen, welcher Aspekt beschrieben wird und unter welchen Bedingungen dieser Schätzwert eine zulässige Größe darstellt, ist demnach ebenso wichtig wie die eigentliche Berechnung. Wir haben uns bei der Methodenwahl für den Regressionsansatz nach Pérez-Enciso (1995) entschieden, da dieser Ansatz nach unserer Meinung in aller Regel robuste und nachvollziehbare Werte liefert. Weiterhin wird hier der direkte Bezug zum Inzuchtanstieg hergestellt und nicht nur die Anzahl weiblicher und männlicher Zuchttiere zu Grunde gelegt, wie bei anderen z.T. stark vereinfachten Ansätzen. Da die Höhe des Inzuchtanstiegs in einer bestimmten Zeit ein Ausdruck des Verlustes an genetischer Diversität sein kann, spiegelt demnach auch die aus dem Inzuchtanstieg berechnete  $N_e$  die genetische Diversität in einer Rasse wieder. Eine wichtige Voraussetzung dieser Methode ist allerdings, dass ein Inzuchtanstieg im definierten Zeitabschnitt gegeben sein muss. Im vorliegenden Monitoring ergab sich nur bei der Rasse Pinzgauer im Datensatz B eine Situation, in der im für die Berechnung der  $N_e$  zu Grunde gelegten Zeitraum ein U-förmiger Verlauf des Inzuchtanstiegs zu verzeichnen und dadurch eine Regression nicht durchführbar war. Dies stellt eine sehr extreme Situation dar, die bei züchterisch bearbeiteten Rinderpopulationen selten ist. Es ist außerdem festzuhalten, dass durch die Erstellung von Datensatz C gewährleistet ist, dass ein negativer Inzuchtanstieg durch unvollständige Abstammungen oder massive Einkreuzungen nicht vorkommt.

Die beiden driftbezogenen Größen effektive Anzahl Basistiere ( $f_e$ ) und effektive Anzahl Ahnen ( $f_a$ ) geben zusätzlich zur  $N_e$  wertvolle Einblicke vor allem in das historische Zuchtgeschehen. Hierdurch konnten vor allem Flaschenhalsereignisse und Einkreuzungswellen mit extremer Nutzung weniger Top-Vererber herausgearbeitet werden.

#### **4.4 Infrastruktur LfL**

Das Monitoringverfahren an der LfL wurde basierend auf Programmiersprache R entwickelt. Es zeigte sich, dass durch die Kombination von R und LaTeX über das R-Modul Sweave eine effiziente Einbindung der in R erstellten Tabellen und Grafiken in die Statusberichte

erfolgen konnte. Die Berechnungen des Pedigree Completeness Index, der Inzucht- und Coancestrykoeffizienten, sowie der Founder- und Ahnenbeiträge erfolgten mittels eigens entwickelter Fortran-Subroutinen, die direkt aus dem laufenden R-Programm aufgerufen wurden. Die Einbindung der Fortran-Subroutinen erfolgte problemlos auf beiden Rechnersystemen (Windows, Linux). Es liegen bei der LfL somit gut kommentierte Programme vor, die eine effiziente Bearbeitung jeder Rasse sicherstellen.

Aufgrund der Funktion der LfL als Zuchtwertschätzstelle für süddeutsche Rinderrassen, ist der Datenfluss der bei der Milch-Zuchtwertschätzung beteiligten süddeutschen Rassen gewährleistet.

#### **4.5 Infrastruktur vit**

Die Datenhaltung (HB-Zentraldatei) erfolgt im vit auf einem HOST-System. Für die Zuchtwertschätzung wurden die gesamten Abstammungsdaten aus diesem Datenbank-System extrahiert und auf ein Linux-Rechnersystem via FTP transferiert.

Das Monitoring-Programmsystem läuft im vit dann auf dieser Linux-Plattform, die auch als Rechnersystem für Zuchtwertschätzung sehr leistungsfähig ausgelegt ist. Für die Durchführung der Monitoringauswertungen bestehen damit keine Limitierungen bzgl. Populationsgröße.

Der gesamte Verfahrensablauf ist durch Linux-Scripte weitestgehend automatisiert. Die Datenprüfung, Datenaufbereitung, Berechnung tierindividueller Werte sowie die Analyse populationspezifischer Kenngrößen erfolgt mit FORTRAN-95 Programmen. Die Berichterstellung erfolgt ebenso weitestgehend automatisiert unter Verwendung von LaTeX. Dabei werden vordefinierte Textbausteine mit den entsprechenden Ergebnissen aus den Protokolldateien der FORTRAN-Auswertungsprogramme kombiniert.

Alle Verfahrensabschnitte sind in einer „Ablauf“-Dokumentation, die als Handbuch für Anwender zu sehen ist, beschrieben. Zusätzlich sind die FORTRAN-Source-Programme und die Linux-Scripte mit sehr vielen Kommentarzeilen versehen, um den Verfahrensablauf möglichst transparent zu machen.

#### **4.6 Einteilung in Gefährdungsklassen**

Eine international gültige Vorgehensweise zur Einteilung von Rassen in eine Gefährdungsklasse liegt nach derzeitigem Stand nicht vor. Auf nationaler Ebene ist für die Erstellung von Gefährdungsklassen der Fachbeirat Tiergenetische Ressourcen in Deutschland (TGRDEU) zuständig, der die Gefährdungsklassen auf Basis der effektiven Populationsgröße ( $N_e$ ) bei ungleichem Geschlechterverhältnis einteilt. Es wird dabei die  $N_e$  nach folgender Formel berechnet:

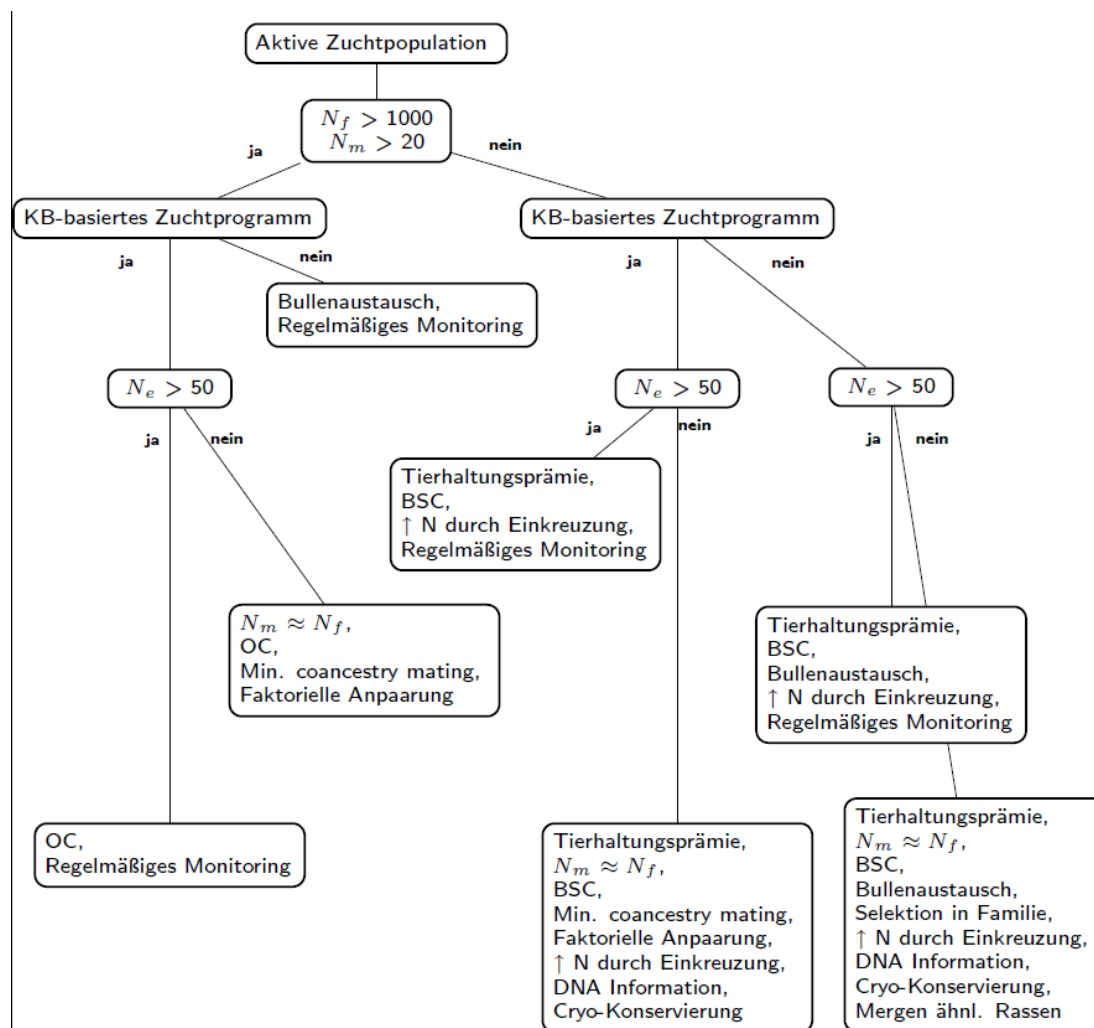
$$N_e = \frac{4 * N_m N_f}{N_m + N_f} ,$$

wobei  $N_m$  die Anzahl männlicher Zuchttiere und  $N_f$  die Anzahl weiblicher Zuchttiere ist. Aufgrund der Vielzahl der beschriebenen Methoden für die Berechnung der  $N_e$  herrscht nach wie vor auf internationaler Ebene Uneinigkeit darüber, welche Form der  $N_e$ -Berechnung als vergleichende Bezugsgröße für die Einteilung einer Rasse in eine Gefährdungsklasse verwendet werden sollte. Es wird daher in den Statusberichten der einzelnen Rassen keine Einstufung in eine Gefährdungsklasse vorgenommen, sondern vielmehr eine allgemeine Einschätzung der aktuellen Lage mit den resultierenden Konsequenzen durchgeführt.

#### **4.7 Ableitung von Zuchtstrategien anhand der berechneten Ergebnisse**

Für die Ableitung von Zuchtstrategien sind grundsätzlich viele Informationsquellen notwendig. Neben der Kenntnis über Parameter der genetischen Ressourcen spielen vor allem das Zuchtziel und die Leistung in den Selektionsmerkmalen eine entscheidende Rolle. Da die Datengrundlage im vorliegenden Projekt aus Abstammungsinformationen bestand, ist die Ableitung von Zuchtstrategien nur bedingt möglich. In den Interpretationen der Statusberichte wurden bereits Empfehlungen für jede Rasse bezüglich des Zuchtmanagements abgegeben. Diese Empfehlungen stützen sich vor allem auf die Inzuchtentwicklung in den letzten Jahren und die Anzahl effektiver Tiere unter Berücksichtigung der tatsächlichen Populationsgröße und deren Entwicklung. Um geeignete Zuchtstrategien anhand der im Rahmen des Monitorings ermittelten Populationsparameter abzuleiten, kann der von uns entwickelte Entscheidungsbaum in Abbildung 1 zu Hilfe genommen werden. Ausgehend von der aktiven Zuchtpopulation erfolgt die erste Entscheidung auf Basis der FAO-Richtlinien (FAO, Technical Report, 1998) anhand der Anzahl der zur Verfügung stehenden männlichen und weiblichen Zuchttiere. Eine rein statische Betrachtung halten wir aber nicht für ausreichend, vielmehr sollte auch die Populationsentwicklung in den letzten Jahren mit berücksichtigt werden. Als nächstes Entscheidungskriterium dient die Intensität des Zuchtprogramms, wobei wir den Anteil der künstlichen Besamung im Zuchtprogramm zur Beschreibung der Intensität des Zuchtprogramms heranziehen. Ein hoher Anteil an künstlicher Besamung spiegelt demnach ein intensives Zuchtprogramm wider. Wie bereits an anderer Stelle erwähnt lässt sich der Anteil an künstlicher Besamung aus den dem Monitoring im engeren Sinne zur Verfügung stehenden Daten nicht ermitteln. Daher ist die durchführende Organisation entweder auf Angaben der Zuchtorganisation oder auf den Zugriff auf andere Daten angewiesen. Diese liegen bei den Rechenstellen vor, die Zustimmung zu deren Nutzung für das Monitoring müsste jedoch getrennt eingeholt werden. Zu einem intensiven Zuchtprogramm zählen wir weiterhin die lückenlose Registrierung der Zuchttiere im Herdbuch, ein definiertes Zuchtziel sowie intensive Leistungsprüfung. Als letztes Entscheidungskriterium dient die effektive Populationsgröße. Auch hier ist der Grenzwert von 50 an die FAO-Richtlinien angelehnt. Dieser Grenzwert entspricht einem erwarteten Inzuchtanstieg von 1% per Generation. Konservierte Populationen sollten diesen Grenzwert nicht überschreiten.

Zucht- bzw. Managementstrategien, die wir am Ende eines jeden Entscheidungsastes empfehlen, reichen von Optimum Contribution Selection (OC) über eine Balancierung der Familiengröße (balanced sire contributions, BSC) bis hin zu kontrolliertem Bullenaustausch bei Natursprungpopulationen und der Einbeziehung von DNA-Informationen bei Selektionsentscheidungen. Inwieweit die Empfehlungen in das bestehende Zuchtprogramm einer Rasse integriert werden können, muss im Einzelfall von den Verantwortlichen entschieden werden.



**Abbildung 1.** Entscheidungsbaum für die Auswahl von adäquaten Zucht- und Managementstrategien für die Erhaltung genetischer Ressourcen in Rinderpopulationen

#### 4.8 Abgrenzung des entwickelten Verfahrens zu anderen Anwendungen

Es gibt eine Reihe frei verfügbarer Programme, die in der Lage sind, eine detaillierte Analyse der Population im Hinblick auf genetische Ressourcen durchzuführen. Diese sind unter anderen Endog (Gutierrez and Goyache, 2005), Pedig (Boichard, 2002), PyPedal (Cole, 2008) und PopRep (Groeneveld *et al.*, 2009). Während Pedig und Endog lediglich einzelne Dateien mit den berechneten Parametern meist in Tabellenform ausgeben, besteht bei PyPedal die Möglichkeit, einen Bericht zu erstellen. Die webbasierte Anwendung PopRep gibt für jede

Rasse zwei Berichte im pdf-Format zurück, wobei ein Bericht eine deskriptive Beschreibung der untersuchten Population beinhaltet, der zweite Bericht Angaben zur Inzucht, Verwandtschaft und zur  $N_e$  enthält. Teilweise werden bei PopRep Fortran-Programme der Pedig-Software verwendet. Aus Gründen der besseren Einschätzung unseres Verfahrens wurden die Daten der Rasse Hinterwälder verwendet, um die Programme Endog, PyPedal und PopRep mit unserem Verfahren zu vergleichen. Es zeigte sich, dass alle Programme eine gründliche Aufbereitung der Daten in einem spezifischen Format erfordern. **Endog** war recht einfach zu bedienen, ist allerdings für große Populationen nur bedingt nutzbar, da diese nur als .dbf-Dateien eingelesen werden können. Weiterhin wird eine Vielzahl an effektiven Populationsgrößen ausgegeben. Eine sinnvolle Interpretation der Ergebnisse ohne vorherige wissenschaftliche Einarbeitung in die genutzte Methodik dürfte kaum möglich sein. **PyPedal**, eine in Python programmierte Software, eignet sich ebenfalls zur Analyse der genetischen Ressourcen einer Rasse, jedoch nach unserer Einschätzung nur mit einer gewissen Vorkenntnis der Programmiersprache. Die Handhabung des Programms ist häufig nicht einfach und daher für eine Routineanwendung nicht zu empfehlen. Auch ist das Programm für Anwendungen im Bereich großer Populationen (z.B. Fleckvieh, SBT, RBT) nicht geeignet. Der von **PopRep** ausgegebene Report eignet sich grundsätzlich gut für ein genetisches Monitoring. Es muss hierbei allerdings beachtet werden, dass die Daten in einer bestimmten aufbereiteten Form auf einen Webserver hochgeladen werden müssen. Hier erfolgt eine automatische Berechnung und Reporterstellung. Nach Abschluss der Berechnungen werden je Rasse zwei Berichte per Mail an den Sender zurück geschickt. Nach einer kurzen (englischen) Beschreibung des Berechnungsweges werden die Ergebnisse in Tabellen- oder Diagrammform ausgegeben. Die meisten Parameter werden je Geburtsjahrgang angegeben. Dies ist insbesondere bei Parametern wie der effektiven Populationsgröße von Nachteil, da durch die möglichen Schwankungen zwischen den Geburtsjahrgängen eine Interpretation bzw. die Festlegung auf eine  $N_e$  erheblich erschwert wird. Weiterhin werden im Bericht Einzeltierdaten ausgegeben (ISO-Nummern der 30 Väter und Mütter mit den meisten (selektierten) Nachkommen), was jedoch von den datenbesitzenden Verbänden strikt abgelehnt wurde. In den PopRep-Berichten fehlt jegliche Zusatzinformation zu Zuchtgeschichte, Zuchtprogramm etc., die für eine Einschätzung der genetischen Ressourcen einer Rasse von Bedeutung sein können. Um die aus unserer Sicht wertvolleren Ergebnisse aus Datensatz C zu erhalten, muss ein solcher Datensatz erst vom Datenbesitzer bzw. vom Übermittler der Daten erstellt werden und dann bei der Anwendung hochgeladen werden. Programmierkenntnisse sind also insofern auch notwendig, um die Pedigree Completeness berechnen zu können.

Verglichen mit den anderen frei verfügbaren Anwendungen, sehen wir in der von uns entwickelten Anwendung die Vorteile, dass rassespezifische Besonderheiten berücksichtigt werden können, durch die Erstellung von drei Datensätzen und deren Auswertung bzw. die direkte Gegenüberstellung von Datensatz B und C wertvolle Informationen gewonnen werden

können, mit Hilfe zweier  $N_e$ -Werte je Datensatz anhand einer definierten Methode klare Aussagen über die effektive Populationsgröße getroffen werden können und durch die einleitenden Kapitel ein Gesamtüberblick über die Rasse gewonnen werden kann. Das wichtigste Kriterium ist in diesem Zusammenhang aber sicherlich eine fundierte Interpretation der Ergebnisse der von uns entwickelten Anwendung mit einer Einschätzung der momentanen Situation bzw. einer Empfehlung für die zukünftige züchterische Bearbeitung der untersuchten Rasse. Eine solche Interpretation fehlt bei allen verfügbaren Anwendungen.

#### **4.9 *Einschätzung eines zukünftigen Monitorings***

Die Entwicklung eines weitgehend automatisierten Verfahrens für ein Routine-Monitoring der genetischen Ressourcen bei Rinderrassen war erfolgreich. Demnach steht die Routine auch für zukünftige Routineanwendungen zur Verfügung.

Die erstellten Programmabläufe und die dafür verwendete Software sind problemlos auf verschiedenen Rechnersystemen anwendbar. Es ist nach heutigem Kenntnisstand davon auszugehen, dass das Verfahren auch auf Rechner künftiger Generationen einwandfrei portierbar ist, da wir ausschließlich Open Source Tools verwenden, die sich dadurch auszeichnen, dass sie eine hohe Kontinuität und eine große Nutzergemeinde aufweisen.

Beide Rechenstellen verfügen über einen kontinuierlichen Datenzufluss für die meisten der in diesem Projekt bearbeiteten Rassen. Da die Rechenstellen als Zuchtwertschätzstellen anerkannt sind, besteht zwischen den datenliefernden Verbänden und den datenverarbeitenden Rechenstellen ein sehr gutes Vertrauensverhältnis. Die Datenlieferung von Rassen, die nicht an der Zuchtwertschätzung teilnehmen, erfolgte im vorliegenden Projekt - sofern zusätzliche Daten vorlagen - unproblematisch, wobei hier natürlich mehr Zeit für die Datenbeschaffung veranschlagt werden muss als bei Rassen, deren Daten den Rechenstellen vorliegen. Es kann also für ein zukünftiges Monitoring festgehalten werden, dass die Daten

beschaffung aufgrund der vorhandenen Infrastruktur durch die Zuchtwertschätzung an beiden Rechenstellen unkompliziert ablaufen kann. Ein für die Verbände wichtiger Aspekt ist hierbei, dass die Daten nicht weiter gegeben werden müssen, sondern bei den ihnen bekannten Rechenstellen verbleiben können.

Um auch in Zukunft die berechneten Ergebnisse interpretieren und eventuell neue Methoden evaluieren zu können, ist es vorteilhaft, wenn Personal mit entsprechendem wissenschaftlichen Hintergrundwissen zur Bearbeitung verfügbar ist. In beiden Rechenstellen sind die nötigen Strukturen und das Know-how für eine wissenschaftliche Bearbeitung des Monitorings vorhanden. Nur so kann eine fundierte Einschätzung der genetischen Ressourcen einer Rasse erfolgen.

Generell gehen wir davon aus, dass ein zukünftiges Monitoring am effizientesten mit den entwickelten und zur Anwendung verfügbaren Verfahren an den beiden Rechenstellen durchführbar ist. Eine Einbindung anderer Programme wie PopRep ist denkbar, jedoch unter



dem Gesichtspunkt einer bereits entwickelten und nutzbaren Komplettlösung bei der jeweiligen Rechenstelle letztlich wenig sinnvoll, da PopRep nur den eigentlichen Berechnungsschritt automatisiert. Auch die Beauftragung weiterer externer Stellen erachten wir für wenig sinnvoll, da sowohl die LfL als auch das vit über die nötigen Kontakte zu den verantwortlichen Rassevertretern verfügt und das bereits angesprochene Vertrauensverhältnis bei der Verarbeitung verbandseigener Daten eine große Rolle spielt. Weiterhin sind alle nötigen Strukturen für eine schnelle und unkomplizierte Abwicklung eines Monitorings vorhanden. Für die von der LfL und dem vit bearbeiteten Rassen ergeben sich die in den folgenden Tabellen 1 und 2 dargestellten Zeit- und Kostenaufwände.

Tabelle 1. Zeit- und Kostenprognose für ein zukünftiges Monitoring an der LfL (in AK-Tagen)

**Zeitaufwand in Manntagen**

<b>Rasse</b>	<b>Datenbeschaffung</b>	<b>Bericht aktualisieren</b>	<b>Berechnung</b>	<b>Interpretation</b>	<b>Total</b>
Ansbach-Triesdorfer	-	-	-	-	-
Braunvieh	0,5	0,5	2	0,5	3,5
Fleckvieh	0,5	0,5	5	0,5	6,5
Fleckvieh Fleisch	1	0,5	2	0,5	4
Gelbvieh	0,5	0,5	1	0,5	2,5
Gelbvieh Fleisch	-	-	-	-	-
Hinterwälder	0,5	0,5	0,5	0,5	2
Hinterwälder Fleisch	-	-	-	-	-
Murnau-Werdenfelser	0,5	0,5	1	0,5	2,5
Original Braunvieh	1	0,5	2	0,5	4
Pinzgauer	0,5	0,5	3	0,5	4,5
Pinzgauer Fleisch	0,5	0,5	1	0,5	2,5
Vorderwälder	0,5	0,5	1	0,5	2,5
Abfrage bei Verbänden zur Datenbeschaffung					2
				<b>Total</b>	<b>36,5</b>

<b>Kosten</b>		
	36,5 AK-Tage à 550 €	20.075 €
	Büromaterial	500 €
	<b>Total</b>	<b>20.575 €</b>

Tabelle 2. Zeit- und Kostenprognose für ein zukünftiges Monitoring im vit (in AK-Tagen)

<b>Zeitaufwand in Manntagen</b>						
<b>Rasse</b>	<b>Daten- beschaffung</b>	<b>Bericht aktu- alisieren</b>	<b>Berechnung</b>	<b>Interpretation</b>	<b>Total</b>	
Dt. Schwarzbuntes Niederungsring	0,5	0,5	1	0,5	2,5	
Dt. Shorthorn	0,5	0,5	1	0,5	2,5	
Doppelnutzung Rbt	1,0	0,5	2	0,5	4,0	
Glanrind	?	?	-	?	-	
Holstein Rbt	1,0	0,5	3	0,5	5,0	
Holstein Sbt	1,5	0,5	5,0	0,5	7,5	
Limpurger	1,0	0,5	0,5	0,5	2,5	
Rotes Höhenvieh	0,5	0,5	1,0	0,5	2,5	
Rotvie alter Angler Zuchtrichtung	0,5	0,5	1,0	0,5	2,5	
Uckermärker	0,5	0,5	1,0	0,5	2,5	
Abfragen bei Verbänden zur Datenbeschaffung						3
					<b>Total</b>	<b>34,5</b>

<b>Kosten</b>		
	34,5 AK-Tage à 600 €	20.700 €
	Büromaterial	500 €
	<b>Total</b>	<b>21.200 €</b>

Für ein zukünftiges Monitoring müssen gewisse Voraussetzungen erfüllt sein. So ist es unumgänglich, bei einigen Rassen eine klare Rasseabgrenzung zu anderen Rassen vorzunehmen bzw. vorhandene Abgrenzungen eventuell aufzuheben, um eine möglichst gute Aussagekraft zu erreichen. Ein Beispiel ist die Rasse Pinzgauer, deren Ergebnisse bei alleiniger Betrachtung der deutschen Population wenig aussagekräftig sind. Für die zusätzliche Nutzung der österreichischen Daten muss die erforderliche Erlaubnis vorliegen. Weiterhin sollte ein effizienter Datenfluss gewährleistet sein, um zeitliche Verzögerungen bei der Bearbeitung zu vermeiden. In diesem Zusammenhang halten wir es nicht für sinnvoll, eine separate Datenbank für ein behördliches Monitoring aufzubauen. Eine kontinuierliche Datenlieferung von den nicht ohnehin vertretenen Rassen an die beiden Rechenstellen ist dem vorzuziehen, besonders dann, wenn das Monitoring in relativ engen Zeitabständen durchgeführt werden soll. Mit diesem Ansatz wäre auch die von den Verbänden sehr kritisch betrachtete Weitergabe von Einzeltierdaten nicht notwendig.

Als weiteres Beispiel, bei dem ein genetisches Monitoring überdacht werden sollte, ist die Rasse Uckermärker zu nennen, da sie praktisch keine historisch gewachsene Reinzuchtpopulation ist, sondern von ihrem Ursprung und ihrer weiteren züchterischen Bearbeitung her gesehen eher eine synthetische Rasse darstellt.

Von den Rechenstellen wird ein regelmäßiges Intervall von zwei Jahren als zeitlicher Abstand zwischen zwei Monitoringläufen vorgeschlagen. So kann gewährleistet werden, dass der Routineablauf den verantwortlichen Mitarbeitern noch geläufig ist und keine erneute Einarbeitung erforderlich ist. Dichtere Abstände sind andererseits aufgrund der relativ stabilen Entwicklung bei den meisten Rassen nicht notwendig. Eine weitere Möglichkeit wäre ein flexibles Intervall zwischen zwei Monitoringläufen in Abhängigkeit von der Stabilität der Rasse. Somit könnten Rassen, bei denen die Bestandes- und Inzuchtentwicklung stabil sind (z.B. Fleckvieh, Schwarzbunt, Rotbunt) mit einem Intervall von vier Jahren bearbeitet werden, wohingegen Rassen mit einer rasanten (negativen) Entwicklung (z.B. Gelbvieh) eventuell sogar jährlich analysiert werden sollten.

Durch die regelmäßige Durchführung des Monitorings wird eine kontinuierliche Aktualisierung der verwendeten Software garantiert. Weiterhin wird eine gute Kommunikation zwischen den Rechenstellen und den Zuchtverbänden durch das relativ enge Zeitintervall sichergestellt.

#### **4.10 Ausblick**

Das vorliegende Projekt nutzt Pedigreeinformationen als Grundlage für die Berechnung der entsprechenden Parameter. Es werden historische Entwicklungen sichtbar gemacht und, unter der Annahme einer mittelfristig relativ konstanten Zuchtpolitik, eine Projektion in die Zukunft ermöglicht. In diesem Sinne spiegeln die im Monitoring berechneten Parameter den Effekt eines Zuchtprogramms auf eine Population wieder. Es lassen sich hieraus Empfehlungen ableiten, wie die potentiell vorhandene genetische Eigenständigkeit einer Rasse erhalten werden kann. Um allerdings Aussagen über die tatsächlich vorhandene genetische Diversität einer Rasse und eine in dieser Hinsicht klare Abgrenzung zu anderen Rassen machen zu können, ist die Nutzung von DNA-Information der einzige uns bekannte Weg. Auf der Grundlage unserer Analysen gibt es gute Gründe anzunehmen, dass nur das Vorhandensein weniger spezifischer an der Farbvererbung beteiligter Genvarianten die Ansbach-Triesdorfer als in irgendeiner Form eigenständig definiert. Mit Hilfe genetischer Analysen könnte die Ursache für die auffällige und rassetypische Farbscheckung ermittelt werden und ggf. nach weiteren charakterisierenden Aspekten auf DNA-Ebene geforscht werden. Der Aufbau eines Erhaltungszuchtprogramms für Tiere mit der typischen Scheckung wäre auf diesem Wege effizienter umsetzbar. Es muss jedoch von Fall zu Fall über den Nutzen, den die genetische Information bringen kann, abgewogen werden. Eine über alle Rassen allgemeingültige Aussage, ab welchem Zustand die Nutzung genetischer Information nötig und bei erheblichen Kosten sinnvoll ist, kann somit nicht getroffen werden. Wir schlagen aber vor, in einem zukünftigen Routineverfahren eine solche Möglichkeit im Rahmen der Interpretation der Ergebnisse mit zu bewerten.

Zusammenfassend bleibt festzuhalten, dass die von den beiden Rechenstellen entwickelten Verfahren zur Erfassung tiergenetischer Ressourcen bei deutschen Rinderpopulationen in Zukunft uneingeschränkt nutzbar sind. Eine regelmäßige Durchführbarkeit eines Monitorings wurde bei der Entwicklungsarbeit berücksichtigt. Weiterhin ist das Verfahren plattformunabhängig und somit portierbar. Die Übertragbarkeit des Verfahrens auf andere Nutztierarten wird von den Rechenstellen ebenfalls als grundsätzlich möglich angesehen.

#### **4.11 Literaturverzeichnis**

Boichard D 2002. PEDIG: a fortran package for pedigree analysis suited for large populations. In World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France,

Cole JB 2008. A manual for use of PyPedal - A software package for pedigree analysis. Agricultural Research Service, Beltsville.

Groeneveld E, Westhuizen Bvd, Maiwashe A, Voordewind F and Ferraz J 2009. POPREP: A Generic Report for Population Management. Genetics and Molecular Research 8, 1158-1178.

Gutierrez JP and Goyache F 2005. A note on Endog: a computer program for analysing pedigree information. J. Anim. Breed. Genet. 122, 172-176.

Perez-Enciso M 1995. Use of the uncertain relationship matrix to compute effective population size. J. Anim. Breed Genet. 112, 327-332.

## 5 Reihenfolge der folgenden Statusberichte der einzelnen Rassen

- 1 Braunvieh
- 2 Deutsches Schwarzbuntes Niederungsrind
- 3 Deutsches Shorthorn
- 4 Doppelnutzung Rotbunt
- 5 Fleckvieh Fleisch
- 6 Fleckvieh
- 7 Gelbvieh (einschl. Fleischnutzung)
- 8 Glanrind
- 9 Hinterwälder (einschl. Fleischnutzung)
- 10 Holstein Rotbunt
- 11 Holstein Schwarzbunt
- 12 Limpurger
- 13 Murnau-Werdenfelser
- 14 Original Braunvieh
- 15 Pinzgauer Fleisch
- 16 Pinzgauer
- 17 Rotes Höhenvieh
- 18 Rotvieh alter Angler Zuchtrichtung
- 19 Uckermärker
- 20 Vorderwälder

# Monitoring tiergenetischer Ressourcen

–BRAUNVIEH–



herausgegeben von  
Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft  
2. Juli 2010



**Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

**Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V. (ADR)

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL)

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (VIT)

Quelle Titelbild: LfL



# Inhaltsverzeichnis

1	Anerkannte Zuchtverbände . . . . .	4
2	Rassebeschreibung . . . . .	5
3	Zuchtgeschichte . . . . .	6
4	Zuchtprogramm . . . . .	7
5	Zuchtziel . . . . .	8
6	Heutiger Stand . . . . .	8
7	Verwendete Datensätze . . . . .	10
8	Beschreibende Analyse der aktuellen Population . . . . .	11
9	Berechnung und Analyse der Populationsparameter . . . . .	15
9.1	Generationsintervall . . . . .	16
9.2	Pedigree-Vollständigkeit . . . . .	17
9.3	Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry . . . . .	19
9.4	Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge . . . . .	20
10	Interpretation der Ergebnisse . . . . .	24
11	Erbfehler beim Rind . . . . .	25
11.1	Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind . . . . .	25
11.2	Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Braunvieh . . . . .	28
	<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>29</b>

# 1 Anerkannte Zuchtverbände

## **Allgäuer Herdbuchgesellschaft Kempten**

Kotterner Str. 36

87435 Kempten

Tel.: 0831/52244-0

email: [ahg-kempten@alf-ke.bayern.de](mailto:ahg-kempten@alf-ke.bayern.de)

[www.ahg-kempten.de](http://www.ahg-kempten.de)



## **Allgäuer Herdbuchgesellschaft Kaufbeuren**

Otto-Müller-Str. 1

87600 Kaufbeuren

Tel.: 08341/9394-0

email: [info@ahg-kaufbeuren.de](mailto:info@ahg-kaufbeuren.de)

[www.ahg-kaufbeuren.de](http://www.ahg-kaufbeuren.de)



## **Weilheimer Zuchtverbände e.V.**

Waisenhausstr. 5

82362 Weilheim

Tel.: 0881/98998-0

email: [zuchtverband.weilheim@alf-wm.bayern.de](mailto:zuchtverband.weilheim@alf-wm.bayern.de)

[www.lbr.bayern.de/zv-weilheim](http://www.lbr.bayern.de/zv-weilheim)



### **Besamungsstation Greifenberg**

Hechenwanger Str. 10–12  
86926 Greifenberg/Ammersee  
Tel.: 08192/9336–3  
email: [info@besamungsstation.eu](mailto:info@besamungsstation.eu)  
[www.greifenberg-genetics.de](http://www.greifenberg-genetics.de)



### **Rinderbesamungsgenossenschaft Memmingen**

Buxheimer Str. 104  
87700 Memmingen  
Tel.: 08331/96159–0  
email: [info@rbgmm.de](mailto:info@rbgmm.de)  
[www.rinderbesamung-memmingen.de](http://www.rinderbesamung-memmingen.de)



### **Rinderunion Baden–Württemberg e.V.**

Ölkofer Strasse 41  
88518 Herbertingen  
Tel.: 07586/9206–0  
email: [info@rind-bw.de](mailto:info@rind-bw.de)  
[www.rind-bw.de](http://www.rind-bw.de)



## **2 Rassebeschreibung**

Braunvieh ist eine milchbetonte Zweinutzungsrasse. Als typisches Rind der Alpen wird es in Deutschland vorwiegend im Allgäu gehalten. Braunvieh hat eine einheitlich braune bzw. graubraune Fellfärbung. Das Fell um das Flotzmaul und die Augen ist heller. Hornspitzen, Klauenhorn und das Flotzmaul sind dunkel pigmentiert.

Braunvieh weist als milchbetontes Rind einen feinen Knochenbau auf. Kühe haben in der Regel eine Widerristhöhe zwischen 135 und 142 cm bei einem Körpergewicht von 600 – 700 kg, Bullen zwischen 150 und 160 cm bei einem Körpergewicht von 100



Abb. 2.1: Braunvieh-Kuh, Quelle: LfL

– 1200 kg.

Braunvieh-Kühe zeichnen sich durch eine hohe Milchleistung von durchschnittlich 6500 kg im Jahr mit 4,2 % Fett und 3,5 % Eiweiß aus. Sie haben eine frühes Erstkalbealter und sind langlebig.

Bullen lassen sich mit täglichen Zunahmen von durchschnittlich 1300 g gut mästen und haben eine Schlachtausbeute von 62 %. [SAMBRAUS 2001].

## 3 Zuchtgeschichte

Das heutige Braunvieh geht auf das europäische Kurzhornrind zurück, das von Siedlern aus dem Osten in den Alpenraum gebracht wurde. Die erste gezielte Zuchtarbeit erfolgte vor 600 Jahren im schweizer Kanton Schwyz, von wo aus sich das Braunvieh weiter verbreitete.

Bereits um 1870 wurden Tiere aus dem Alpenraum nach Nordamerika exportiert.

Ähnlich wie bei den Deutschen Holsteins wurden die amerikanischen Tiere, die bald unter dem Namen Brown Swiss bekannt wurden, auf größeren Rahmen und hohe Milchleistung selektiert und unterschieden sich somit bald von den Original Braunviehtieren aus den Alpen. Um der gesteigerten Nachfrage nach Milchprodukten gerecht zu werden, wurde in das europäische Braunvieh ab 1960 vermehrt Brown Swiss eingekreuzt.

Europäische Rinder der heute unter dem Namen Braunvieh bekannten Rasse haben einen Brown Swiss–Blutanteil von mindestens 12,5 %. Braunvieh–Tiere mit weniger oder gar keinem Brown Swiss–Anteil werden als eigenständige Rasse Original Braunvieh oder Braunvieh alter Zuchtrichtung geführt.

## 4 Zuchtprogramm

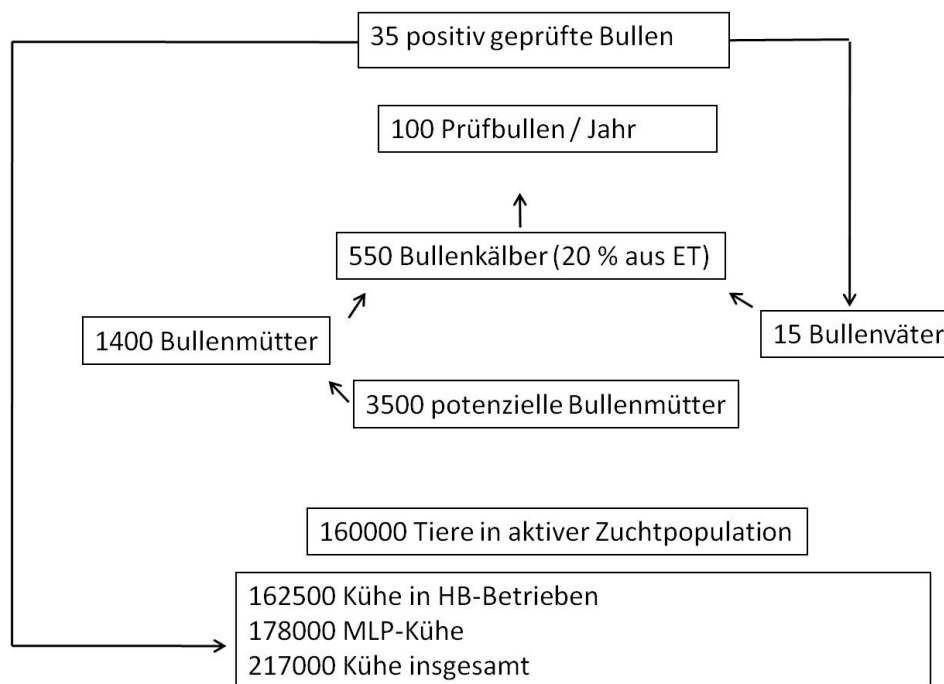


Abb. 4.1: Schematische Darstellung des Zuchtprogramms bei Braunvieh [ASR 2009]

Das Zuchtprogramm (schematisch dargestellt in Abbildung 4.1) für das deutsche Braunvieh basiert auf enger internationaler Zusammenarbeit. Besondere Beachtung

finden der hohe Eiweißgehalt, das gute Fundament, die Langlebigkeit und die gute Melkbarkeit. Nur 30-35 Prüfbullen werden nach Vorliegen sicherer Zuchtwerte in allen relevanten Merkmalen für den Wiedereinsatz ausgewählt. Neben Leistungs- und Exterieurwerten stehen frühzeitig sichere Zuchtwerte zu funktionellen Merkmalen wie Fruchtbarkeit, Kalbeverhalten, Zellzahl, Melkbarkeit, Nutzungsdauer und Persistenz zur Verfügung.

Bei den Anpaarungen wird einer genügend großen Linienvielfalt Beachtung geschenkt.

## 5 Zuchtziel

Das Zuchtziel des Braunviehs konzentriert sich auf eine stark milchbetonte Doppelnutzung. Die mittlere Jahresmilchleistung sollte bei ca. 6000 kg mit 3,5 % Milchhaltsstoffen liegen.

Die täglichen Zunahmen der Masttiere sollen bei 1300 g liegen. Bei den funktionalen Merkmalen spielen vor allem die Langlebigkeit, die Anpassungsfähigkeit und das gesunde Fundament eine Rolle. Demnach soll Braunvieh auch an extremen Standorten (z.B. Tropen, Gebirgsstandorte) einsetzbar sein.

Die im Zuchtziel festgelegten Körpermaße betragen für die Widerristhöhe 138 - 152 cm bei Bullen und 130 - 135 cm bei Kühen sowie für das Körpergewicht > 600 kg bei Kühen.

In der nachstehenden Abbildung 5.1 ist der ökonomische Gesamtzuchtwert schematisch aufgezeigt.

## 6 Heutiger Stand

Im Jahr 2008 wurden insgesamt 401000 Tiere der Rasse Braunvieh gehalten, wovon 217000 Kühe waren.<sup>1</sup> Ein Großteil (71,5 %) der Braunvieh Population wurde in

---

<sup>1</sup>Alle Angaben dieses Kapitels sind dem ASR Jahresbericht 2008 entnommen [ASR 2009].

Gesamtzuchtwert 100%				
Milchwert 48%	Fleischwert 5%	Fitnesswert 47%		
Fettmenge 4,8%		Nutzungsdauer 16,0%	Fruchtbarkeit 8,6%	Melkbarkeit 2,0%
Eiweißmenge 38,5%		Zellzahl 10,0%	Kalbeverhalten 1,8%	
Eiweißgehalt 4,7%		Persistenz 2,7%	Totgeburten 5,9%	

Abb. 5.1: Aufteilung des ökonomischen Gesamtzuchtwertes in Teilzuchtwerte

Bayern gehalten. Ein Anteil von 27,1 % wird in Baden–Württemberg gehalten.

Es gab 4479 Herdbuch–Betriebe in denen 162508 Kühe standen. Der Anteil an Kühen, die in der Milchleistungsprüfung erfasst wurden, lag bei 81,8 %. 159933 Tiere gehörten zur aktiven Zuchtpopulation. Der Anteil der künstlichen Besamung belief sich auf 90,1 % , der Anteil der Kühe, die unter MLP standen und künstlich besamt wurden machte 73,7 % der Gesamtpopulation aus.

Nachfolgend sind einige Leistungsparameter der MLP-Kühe aufgelistet.

- Durchschnittliche jährliche Milchleistung 6824 kg,
- 4,23 % Fett und 3,59 % Eiweiß,
- Erstkalbealter 31,1 Monate,
- Zwischenkalbezeit 414 Tage,
- Durchschnittsalter 5,5 Jahre,
- Durchschnittliches Abgangsalter 6,4 Jahre.

Die täglichen Zunahmen für Auktionsbullen seit der Geburt beliefen sich im Jahr 2008 auf 1102 g bei der Eigenleistungsprüfung im Feld.

## 7 **Verwendete Datensätze**

Für die nachfolgenden Analysen wurden 3 verschiedene Datensätze verwendet.

### **Datensatz A**

Für die statistische und deskriptive Analyse der Population (vgl. Kapitel 8) kam der Datensatz A zur Verwendung. Der komplette Datensatz wurde aus zentralen Datenbanken ausgezogen und auf Plausibilität geprüft. Im Datensatz A sind Tiere enthalten, die in den letzten 10 vollständig besetzten Geburtsjahrgängen geboren wurden und unter Milchleistungsprüfung standen. Es konnten somit deskriptive Analysen für diesen Zeitraum gemacht werden. Entwicklungen und Verläufe, die an der untersuchten Population beobachtet werden können, konnten so über einen ausreichend großen Zeitraum dargestellt und analysiert werden. Gleichzeitig ist der Bezug zur lebenden, aktiven Zuchtpopulation gegeben, da viele der Tiere im untersuchten Datensatz noch während der Analyse zur lebenden Zuchtpopulation gehörten. Ein ausschließliches Betrachten der lebenden Zuchttiere ist für die deskriptive Datenanalyse jedoch nicht sinnvoll. Ein zu kurzer Untersuchungszeitraum und eine nicht ausreichende Besetzung der Jahrgänge würde für eine fundierte Analyse nicht ausreichen.

### **Datensatz B**

Die Berechnung der Populationsparameter wie Inzucht und effektive Populationsgröße erfolgte auf der Grundlage eines weiteren Datensatzes B. Dieser Datensatz B umfasst alle Tiere der aktuellen Population samt Abstammungen bis zur definierten Basis (Geburtsjahrgang 1950). Als zur aktuellen Population zugehörig wurden alle Tiere behandelt, die zur letzten Generation aktiver Zuchttiere gehörten. Es wurde dazu wieder vom letzten vollbesetzten Geburtsjahrgang ausgegangen und eine Generation zurückgegangen. Um eine Vereinheitlichung zwischen den Rassen zu erreichen, wurde die Generationslänge für die Generierung des Datensatzes auf 6 Jahre festgelegt. Die tatsächliche Generationslänge kann natürlich von Rasse zu Rasse abweichen.

Für die Tiere, die in dem festgelegten Zeitraum von 6 Jahren geboren wurden, wurde



das Pedigree bis zur definierten Basis aufgebaut.

### **Datensatz C**

Um einen Datensatz verwenden zu können, der nur Tiere berücksichtigt, die ein möglichst vollständiges Braunvieh–Pedigree aufweisen, wurde ein weiterer Datensatz C erstellt, der ein Sub–Datensatz des Datensatzes B ist. Der Datensatz C wurde ebenfalls zu Berechnung der Populationsparameter verwendet. Somit konnten die Ergebnisse beider Datensätze direkt gegenüber gestellt werden.

Im Datensatz B werden Einkreuzungen fremder Rassen als Genzufluss aus einer unverwandten Basis betrachtet (Immigration). Immigration kann bereits in geringem Umfang den Inzuchtanstieg abbremsen und führt somit zu höheren Schätzwerten für die inzuchteffektive Populationsgröße. Dies kann zu Fehleinschätzungen der Entwicklung der rassespezifischen Diversität führen. Im Datensatz C wurde deshalb unter Verwendung des Kriteriums des ‚pedigree completeness index‘ (PCI) die Gesamtbetrachtung auf die Tiere der aktuellen Population eingeschränkt, die über ein ausreichend tiefes rassespezifisches Pedigree verfügen (PCI von 0.7 auf 8 Generationen). Ein Vergleich der Ergebnisse basierend auf den Datenbeständen B und C erlaubt somit eine ungefähre Abschätzung des Effektes von Immigration auf den Inzuchtanstieg. Ergebnisse basierend auf Datensatz C dürften allerdings mehr Aussagekraft in Bezug auf die Entwicklungen einer rassespezifischen ‚Kernpopulation‘ haben.

## **8 Beschreibende Analyse der aktuellen Population**

Für die nachfolgenden Analysen wurde der Datensatz A als Berechnungsbasis herangezogen (siehe Kapitel 7). Es wurden Daten von Tieren der Geburtsjahrgänge 1997 bis 2006 untersucht. Der Datensatz A bestand aus insgesamt 539420 Tieren (529924 weibliche und 9496 männliche). In der untersuchten 10-Jahresperiode wurden insgesamt 13882 Väter und 362186 Mütter eingesetzt.

Um einen vollständigeren Überblick über das verwendete Datenmaterial zu gewinnen, dient die Tabelle 8.1. Für jeden Geburtsjahrgang ist die Anzahl der in diesem Jahr geborenen Tiere abgetragen. Weiterhin sind in den folgenden Spalten die Anzahl der in diesem Geburtsjahrgang eingesetzten Mütter und der eingesetzten Väter abgetragen. Mütter und Väter können demnach mehrfach gezählt werden, wenn sie in mehreren Jahren zum Einsatz kommen. Für die im jeweiligen Geburtsjahrgang der untersuchten Tiere eingesetzten Väter sind weiterhin die minimale, maximale und durchschnittliche Anzahl von Nachkommen aufgelistet. In der zweiten Tabellenhälfte sind dieselben Angaben enthalten, allerdings werden für diese Berechnungen ausschließlich Tiere verwendet, deren Vater und Mutter Braunvieh-Tiere sind.

Tab. 8.1: Anzahl der Tiere mit Eltern für die gesamte Population und für Tiere mit Braunvieh-Eltern (GJ=Geburtsjahr, n Mütter=Anzahl Mütter, Min., Max., Mitt.= minimale, maximale und mittlere Anzahl Nachkommen je Vater im jeweiligen Geburtsjahrgang)

GJ	Alle Tiere					Nur Tiere mit Braunvieh-Eltern						
	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.
1997	62335	58438	2524	1	2738	23	56203	55030	2255	1	2705	25
1998	60554	57306	2465	1	2295	23	55260	54094	2169	1	2252	25
1999	57492	54571	2343	1	4003	23	52470	51273	2041	1	3982	26
2000	57600	54846	2277	1	2973	24	52185	50949	1881	1	2946	28
2001	56380	54306	2278	1	4421	23	51424	50338	1861	1	4393	28
2002	51450	49764	2192	1	2924	22	46933	46023	1735	1	2899	27
2003	51198	49652	2200	1	3413	22	46689	45773	1751	1	3370	27
2004	51442	50036	2206	1	3665	22	46942	45998	1718	1	3616	27
2005	48359	47276	2278	1	3300	20	44065	43128	1791	1	3234	25
2006	42610	41779	2205	1	3095	19	38524	37797	1714	1	3054	22

Die Anzahl der Jahre, in denen ein Vater– bzw. Muttertier eingesetzt wurde, liegt bei 2.19 Jahren für die Väter und bei 2.18 Jahren für die Mütter.

In der Abbildung 8.1 ist die absolute Anzahl von Tieren im verwendeten Datensatz unterteilt nach Rassezugehörigkeit des Vaters gezeigt.

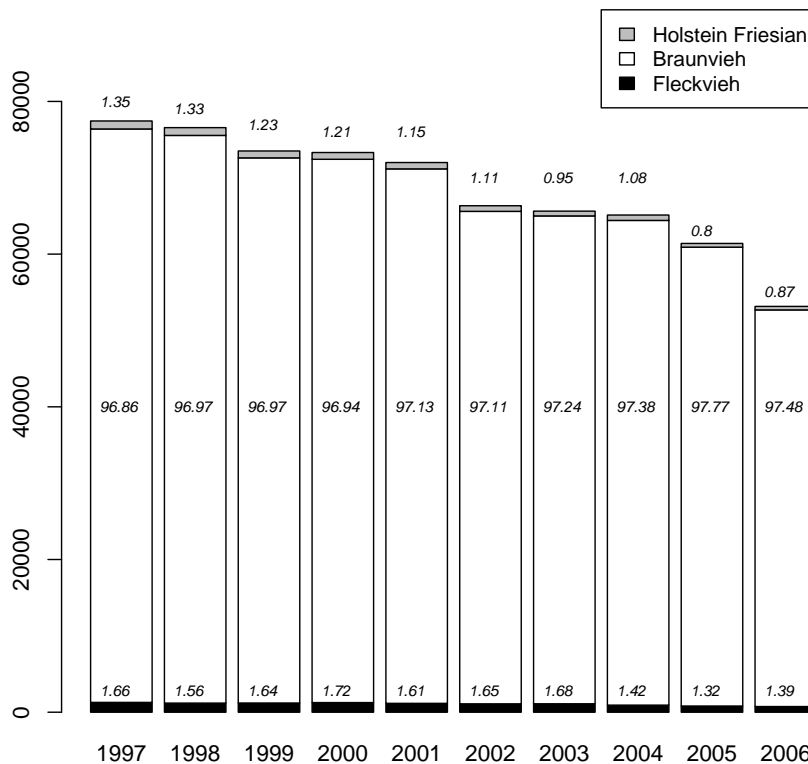


Abb. 8.1: Absolute Anzahl der Tiere im Datensatz und Rassezugehörigkeit (in Prozent) ihrer Väter

Einen Überblick über die Rassezugehörigkeit und die Herkunft der eingesetzten Väter gibt die Tabelle 8.2. In der Tabelle ist sowohl die Anzahl der eingesetzten Väter als auch die Anzahl der Nachkommen dargestellt.

Tab. 8.2: Herkunftsland und -rasse der Väter (AUS = Australien, AUT = Österreich, BEL = Belgien, CAN = Kanada, CZE = Tschechien, DNK = Dänemark, FRA = Frankreich, DEU = Deutschland, ITA = Italien, LUX = Luxemburg, NLD = Niederlande, SVN = Slowenien, CHE = Schweiz, Zahl vor Schrägstrich = Anzahl Väter, Zahl hinter Schrägstrich = Anzahl Nachkommen)

Herkunft	Total	Fleckvieh	Braunvieh	Holstein	Red Holstein	Sonstige
AUS	2/3	0/0	0/0	1/2	0/0	1/1
AUT	70/2012	24/40	39/1959	0/0	0/0	7/13
BEL	21/85	0/0	0/0	1/4	0/0	20/81
CAN	20/55	0/0	2/18	16/35	2/2	0/0
CZE	2/7	0/0	0/0	0/0	1/3	1/4
DNK	18/100	0/0	0/0	0/0	0/0	18/100
FRA	41/1027	0/0	13/908	19/49	0/0	9/70
DEU	13127/457281	1367/6815	10896/446562	670/3295	98/257	148/418
ITA	112/13287	1/1	108/13277	4/9	0/0	8/9
LUX	2/7	0/0	0/0	0/0	2/7	0/0
NLD	56/353	0/0	3/82	42/226	10/27	1/18
SVN	1/59	0/0	1/59	0/0	0/0	0/0
CHE	126/3606	1/1	124/3604	0/0	1/1	29/30
USA	191/33552	0/0	159/33472	17/27	8/38	19/29

## 9 Berechnung und Analyse der Populationsparameter

Grundlage für die Berechnungen der Populationsparameter waren der Datensatz B (siehe Kapitel 7), als auch der Datensatz C, bei dem die aktuelle Population auf Basis des PCI eingeschränkt wurde. Es konnten so beide Populationen (Braunvieh–Population mit Einkreuzung rassefremder Tiere (Datensatz B) und Braunvieh–Population mit tiefen Braunvieh–Pedigree (Datensatz C)) direkt miteinander verglichen und die Ergebnisse gegenübergestellt werden.

Die Auswahl der aktuellen Population erfolgte im aktuellen Bericht für den Zeitraum von 1999 bis 2004. In der aktuellen Population von Datensatz B befanden sich 351676 Tiere und von Datensatz C 295993 Tiere. Für die gesamte Population betrachtet (aktuelle Population samt Pedigree) ergaben sich Populationsgrößen von 876892 Tieren im Datensatz B und 795888 Tieren im Datensatz C. Das bedeutet, dass 9 % der im

ursprünglichen Datensatz B befindlichen Tiere durch die Einschränkung mittels PCI ausgeschlossen wurden.

Die Besetzung der Geburtsjahrgänge für die Datensätze B und C wird in Abbildung 9.1 dargestellt. Der sprunghafte Anstieg der Tierzahlen im Jahr 1999 ist dadurch begründet, dass ab diesem Jahr alle Tiere, die sich in der Zuchtpopulation befanden, berücksichtigt werden. Von 1950 bis 1999 sind lediglich deren Vorfahren vorhanden.

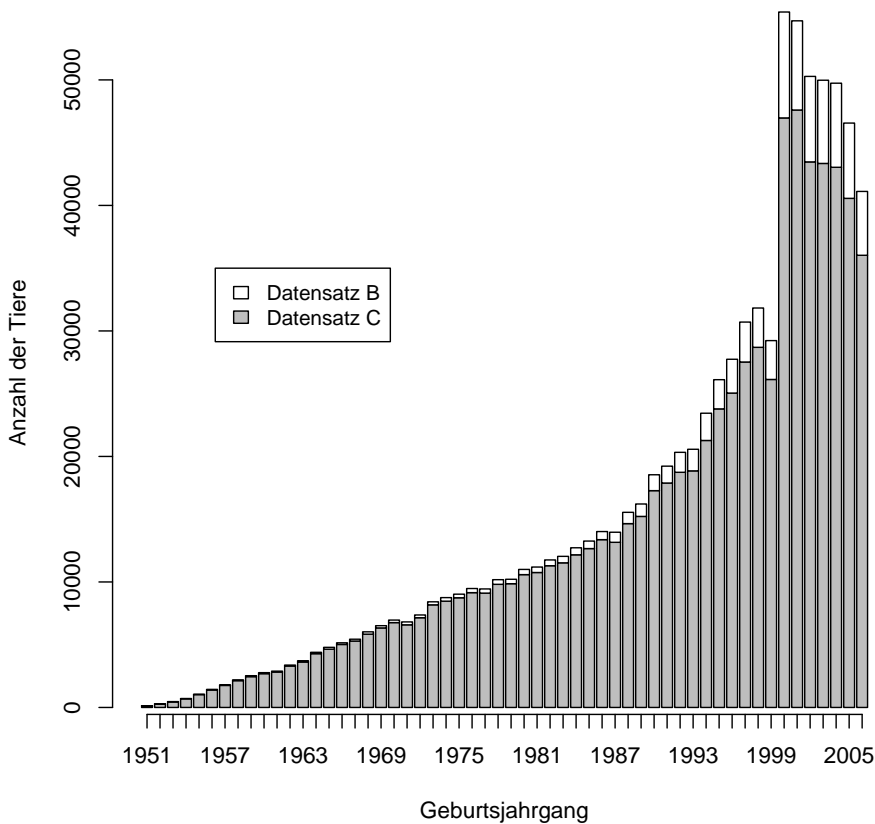


Abb. 9.1: Besetzung der Geburtsjahrgänge für Datensatz B und Datensatz C

## 9.1 Generationsintervall

Das Generationsintervall wurde für den Zeitraum von 1970 bis 2000 berechnet. Dieses Zeitfenster wurde gewählt um sicherzustellen, dass vollständige Generationen

berechnet werden können. In der folgenden Abbildung 9.2 ist der Verlauf der Generationsintervalle berechnet für die 4 Vererbungspfade dargestellt. Aus den Einzelwerten für die 4 Vererbungspfade wurde über die Jahre ein arithmetisches Mittel berechnet. Das sich daraus ergebene mittlere Generationsintervall für die Braunvieh–Population lag bei 6.4 Jahren.

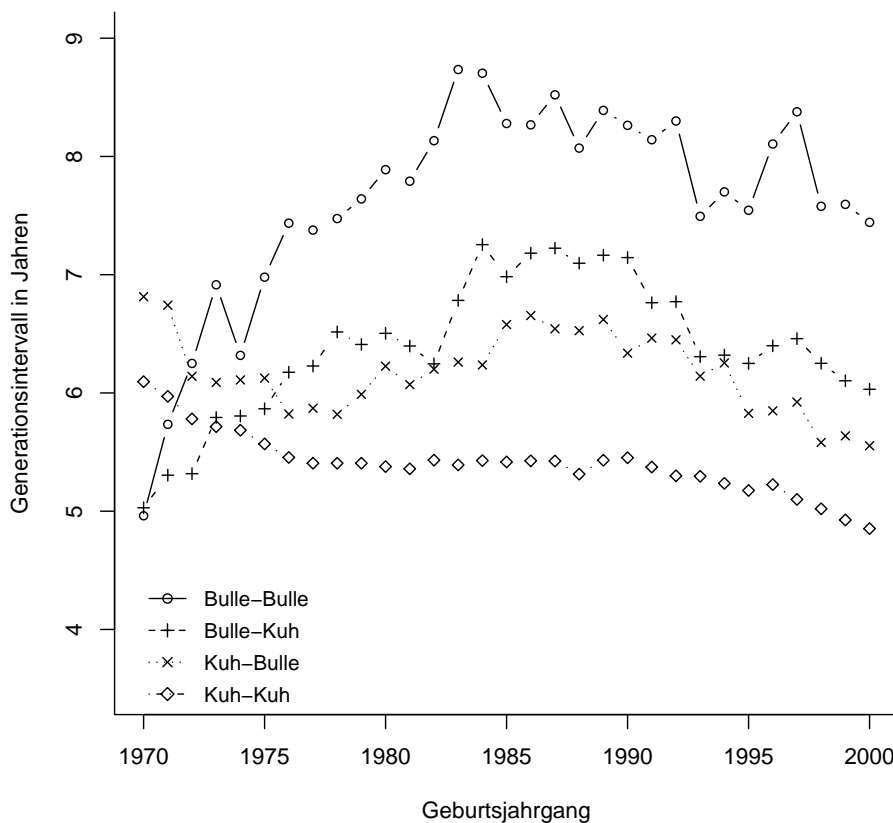


Abb. 9.2: Verlauf des Generationsintervalles für die vier Vererbungspfade für die Geburtsjahrgänge 1970 bis 2000

## 9.2 Pedigree–Vollständigkeit

Um gezielte Aussagen über die Inzuchtentwicklung und die daraus resultierenden Parameter gewinnen zu können, wurde die vorliegende Population im Datensatz B

Tab. 9.1: Mittleres Generationsintervall in Jahren für jeden Vererbungspfad, berechnet für den Zeitraum von 1970 bis 2000

Bulle-Bulle	Bulle-Kuh	Kuh-Bulle	Kuh-Kuh
7.63	6.39	6.18	5.40

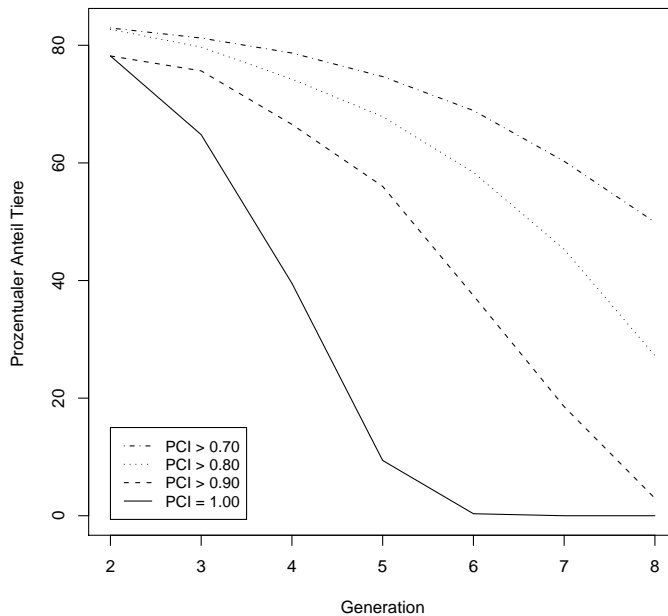


Abb. 9.3: Prozentualer Anteil der Tiere des gesamten Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

auf Vollständigkeit des Pedigrees, den Pedigree Completeness Index (PCI), hin untersucht.

Es wurde eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen gefordert, sowie verschiedene Mindestwerte für den PCI. In den Abbildungen 9.3 und 9.4 ist jeweils der prozentuale Anteil der Tiere dargestellt, die für die jeweilige Pedigreetiefe die geforderten Mindestwerte erfüllen. In der Abbildung 9.3 werden alle Tiere im gesamten Pedigree der aktuellen Population berücksichtigt, in Abbildung 9.4 wird die Pedigree Completeness nur für Tiere berechnet, die sich in der aktuellen Population befinden, also zur letzten Generation gehören. Da diese Tiere ein tieferes und vollständigeres Pedigree aufweisen, erhöhen sich die prozentualen Anteile von Tieren, die die geforderten Mindestwerte erreichen.



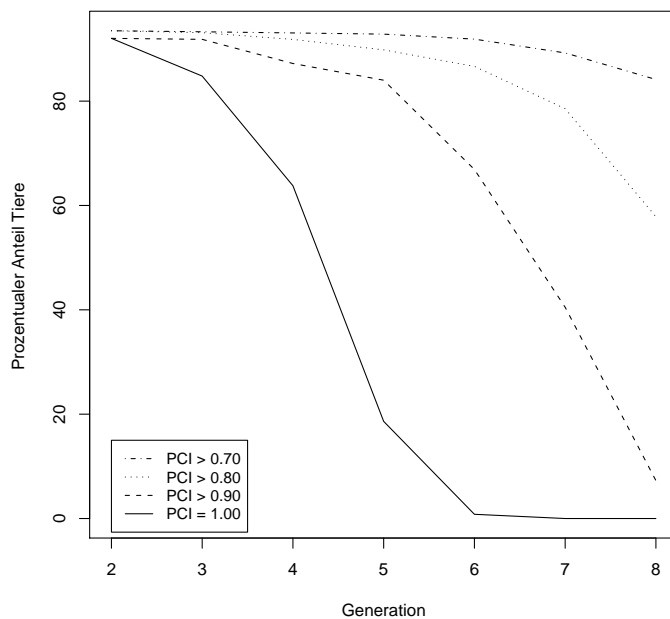


Abb. 9.4: Prozentualer Anteil der Tiere der aktuellen Population des Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

Der Verlauf der PCI über die Geburtsjahrgänge für eine Pedigreetiefe von 2 Generationen ist für die beiden verwendeten Datensätze gemeinsam in Abbildung 9.5 dargestellt.

### 9.3 Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry

Die effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) wurde sowohl auf Basis der Inzucht als auch auf Basis der Coancestry berechnet. Es sollte dadurch erreicht werden, eventuelle Differenzen zwischen beiden Methoden sichtbar zu machen und so z.B. gezielt in der Population betriebene Inzuchtvermeidung aufzudecken. In der Abbildung 9.6 sind die Kurvenverläufe der Inzucht und Coancestry dargestellt. Weiterhin ist die effektive Populationsgröße in der jeweiligen Grafik abgetragen. Für die Berechnung der effektiven Populationsgröße wurde das Jahr 1990 als Basisjahr für die Regression festgelegt.

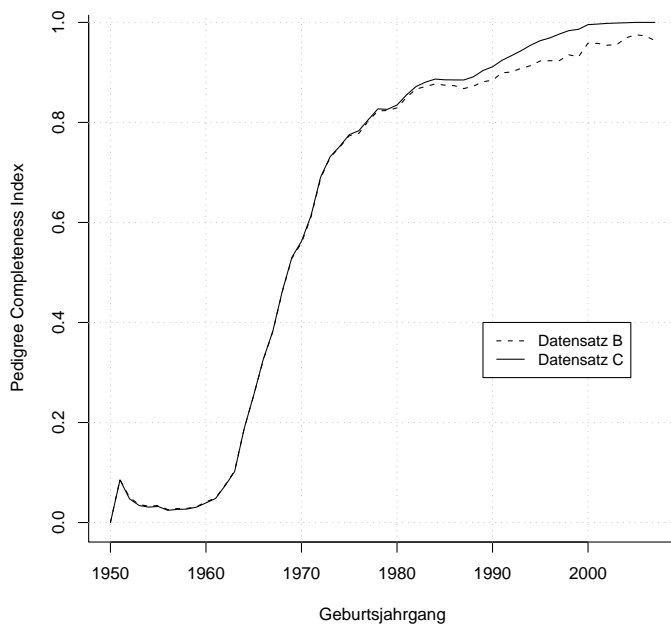


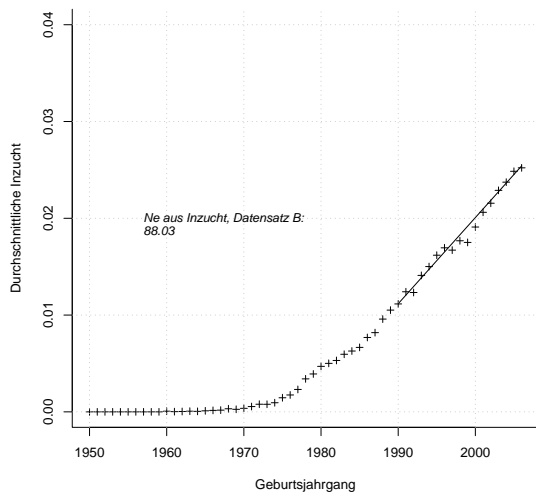
Abb. 9.5: Verlauf des Pedigree Completeness Index berechnet für beide Datensätze mit einer Pedigreetiefe von 2 Generationen

Es kann so davon ausgegangen werden, dass die Jahrgänge ausreichend besetzt sind und die Abstammungen weitgehend vollständig sind. Das Generationsintervall, das für die Berechnung ebenfalls benötigt wurde, betrug 6.4 Jahre (vgl. Kapitel 9.1). Um vergleichende Aussagen zwischen Rassen treffen zu können, wurde das Verhältnis von tatsächlicher Populationsgröße der aktuellen Population und effektiver Populationsgröße aus Inzucht berechnet. Es betrug für den verwendeten Datensatz B 1:3995 (effektiv:tatsächlich) und für den Datensatz C 1:3953.

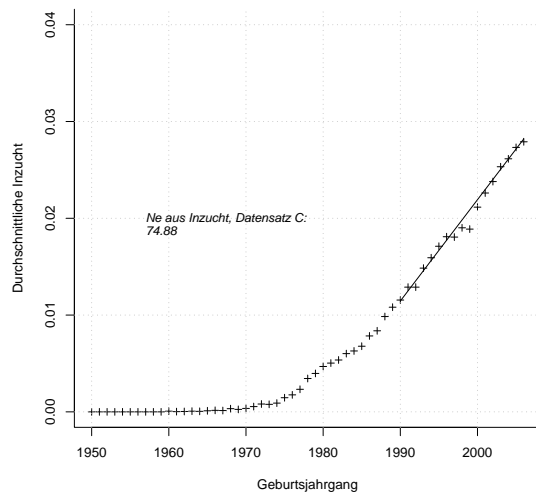
### 9.4 Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge

Für die Analyse der effektiven Anzahl der Basistiere (effective founders,  $f_e$ ) und der effektiven Anzahl der Ahnen (effective ancestors,  $f_a$ ) ergaben sich die in Tabelle 9.2 angegebenen Werte. Zusätzlich ist der Schätzwert für die  $N_e$  angegeben.

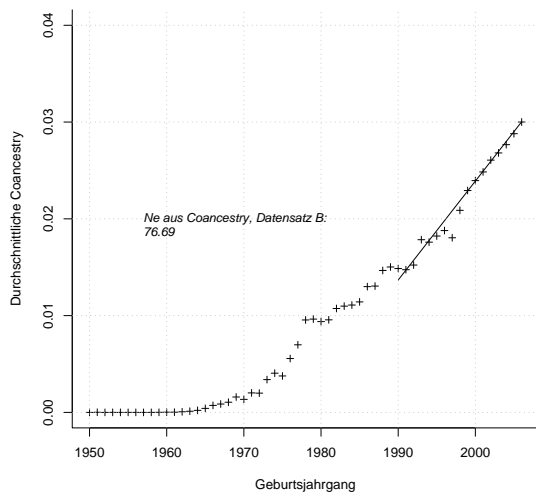
Um sich einen Überblick über eventuelle Flaschenhalsereignisse in der Population zu verschaffen, wurden die marginalisierten Beiträge der Ahnen berechnet. Der Verlauf



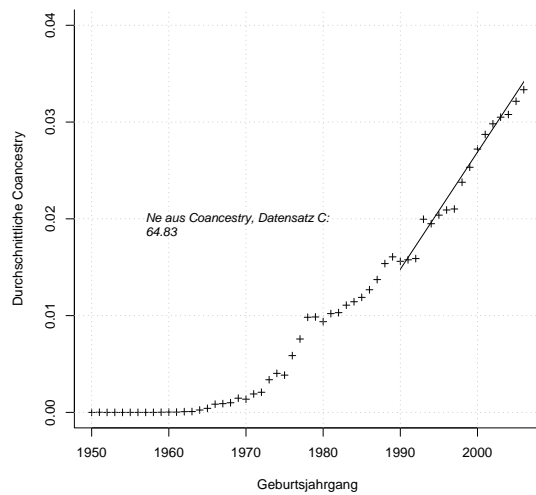
(a) Inzucht (Datensatz B)



(b) Inzucht (Datensatz C)



(c) Coancestry (Datensatz B)



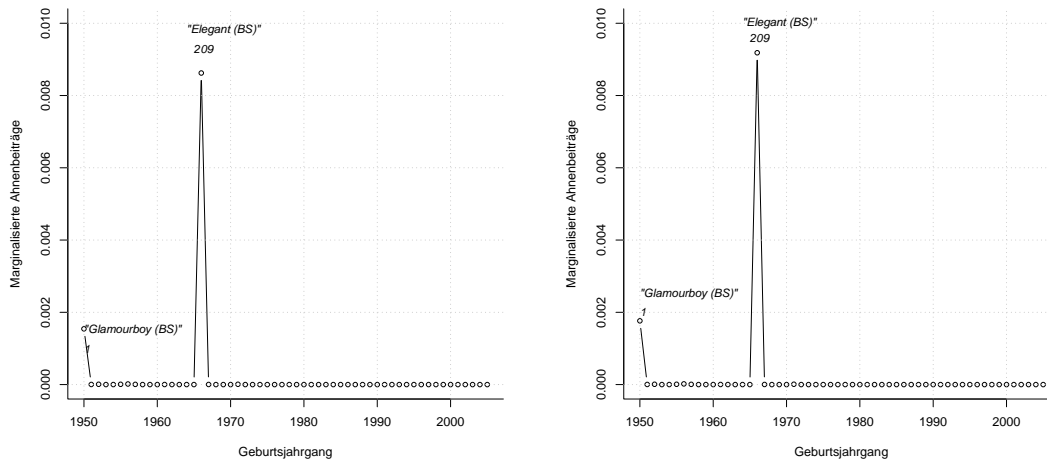
(d) Coancestry (Datensatz C)

Abb. 9.6: Verlauf der Inzucht und Coancestry getrennt nach Datensätzen

Tab. 9.2: Berechnete Populationsparameter

Parameter	Datensatz B	Datensatz C
Ne aus Inzucht / Ne aus Coancestry	88 / 77	75 / 65
$f_e$	82	75
$f_a$	45	44

dieser Beiträge ist für die Bullen in der Abbildung 9.7 zu sehen. Über den ausgeprägtesten Peaks ist der dazugehörige Bulle namentlich erwähnt sowie die Anzahl seiner direkten Nachkommen.



(a) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz B)  
 (b) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz C)

Abb. 9.7: Darstellung der marginalisierten Ahnenbeiträge der Bullen in der Braunvieh-Population (BS = Brown Swiss)

Eine Übersicht über die Rassebeiträge an der aktuellen Population für die Datensätze B und C geben die Tabellen 9.3 und 9.4. Es wurden für diese Berechnung Braunvieh-Tiere mit US-amerikanischer Herkunft als Brown Swiss markiert, um den Einsatz US-amerikanischer Braunvieh-Tiere besser darstellen zu können.

Um Aussagen über den zeitlichen Verlauf der Rassebeiträge machen zu können, wurden für Datensatz C die Rassebeiträge je Geburtsjahrgang für die Geburtsjahrgänge 1980 bis 2004 berechnet. Die Ergebnisse sind in Abbildung 9.8 dargestellt. Es muss bei der Interpretation beachtet werden, dass im Datensatz lediglich Braunvieh-Tiere der aktuellen Generation mit ihren Eltern enthalten sind.

Tab. 9.3: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz B)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Sonstige	0.66
Fleckvieh	1.79
Holstein	2.44
Braunvieh	13.52
Brown Swiss	79.87

Tab. 9.4: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz C)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Sonstige	0.20
Braunvieh	27.26
Brown Swiss	71.55

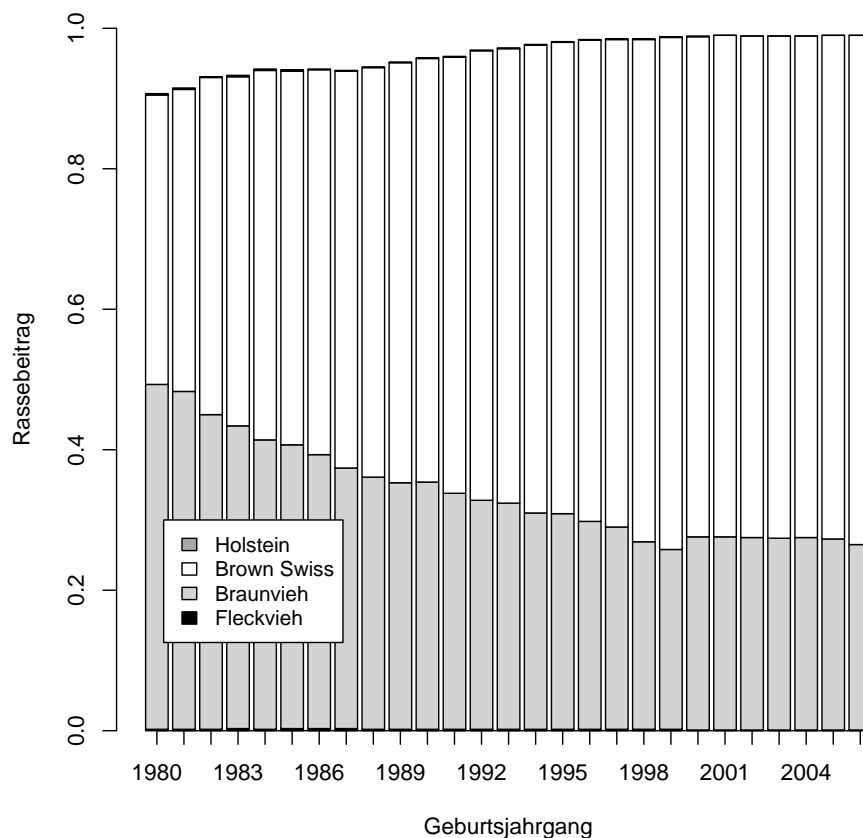


Abb. 9.8: Rassebeiträge im Verlauf über die Geburtsjahrgänge (Datensatz C)

## 10 Interpretation der Ergebnisse

Der Bestand der Rasse Braunvieh hat in den letzten 10 Jahren spürbar unter dem Strukturwandel in der Milchproduktion und der Konkurrenzsituation zu Holstein und Fleckvieh gelitten. Die beiden angesprochenen Rassen haben zudem einen marginalen Anteil am Genzufluss in diese Rasse. Selbstverständlich ist ein massiver und im Zeitverlauf wachsender Genanteil von Brown Swiss festzustellen. Brown Swiss wurde im Rahmen dieser Untersuchungen allerdings nur in der Berechnung von Genanteilen als Fremdrasse eingestuft, was sich im Hinblick auf die Ergebnisse dieser Auswertungen selbst erklären dürfte. Dass Brown Swiss nicht als Fremdrasse eingestuft wurde, zeigt sich auch an den vergleichsweise geringen Unterschieden der Ne-Schätzwerte aus Datensatz B und C (88 zu 75).

Ein geringer wenn auch feststellbarer Unterschied der Ne-Schätzwerte aus dem durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten bzw. der durchschnittlichen Coancestry deutet auf Tendenzen zur Vermeidungspaarung hin. Dies dürfte im vorliegenden Fall allerdings lediglich durch den überproportionalen Einsatz von wenig zur Zielpopulation verwandten Brown Swiss Bullen verursacht sein. Als inzuchteffektive Populationsgröße für das Braunvieh kann in guter Näherung ein Wert von **85** effektiven Tieren angenommen werden. Ein extrem weites Verhältnis zwischen effektiver und realer Populationsgröße von rund 1:4000 und ein deutlich über sechs Jahre betragendes Generationsintervall sind Kennzeichen einer züchterisch intensiv bearbeiteten Hochleistungsrasse.

Driftbezogene Größen wie die Anzahl effektiver Basistiere ( $f_e$ ) und insbesondere Anzahl effektiver Ahnen ( $f_a$ ) sprechen für deutliche Genverluste durch genetische Drift, hervorgerufen durch extrem ungleiche Beiträge von männlichen Zuchttieren zur aktuellen Population. Eine hohe genetische Drift ist somit indirekt ein Kennzeichen für extreme (praktizierte) Selektionsintensitäten.

Empfehlungen für Braunvieh sind nicht ohne Weiteres abzuleiten. Die starke Konkurrenzsituation, unter der sich diese Rasse behaupten muss, verbietet ad hoc-Eingriffe in den Züchtungsprozess. Unter diesem Blickwinkel sollte sich Selektion im Wesentlichen auf Leistungsmerkmale und anerkannte funktionale Merkmale beschränken. Eine Verbesserung der Situation wäre zudem durch die Verwendung von ‚optimum

genetic contribution' und konsequenter Vermeidungspaarung zu erwarten. Eine flächendeckende Einführung dieser Methoden beim Braunvieh dürfte allerdings nicht nur in technischer Hinsicht eine Herausforderung darstellen.

## 11 Erbfehler beim Rind

### 11.1 Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind

Unter Erbfehlern versteht man „Missbildungen und Störungen normaler Vorgänge, die ererbt worden sind“ [KRÄUSSLICH 1994]. Solche Missbildungen und Störungen treten vorwiegend prä-, peri- und postnatal auf, können sich aber auch erst später zeigen. Viele dieser Erbfehler sind letal und führen somit zu erheblichen wirtschaftlichen Einbußen in der Rinderhaltung.

Die meisten Erbfehler werden monogen homozygot rezessiv vererbt, wodurch die Häufigkeiten von Erbfehlern in Populationen sehr gering sind. Durch bestimmte Faktoren kann diese Häufigkeit allerdings durch Zufall erhöht werden. So kann z.B. ein übermäßiger Einsatz eines für einen Erbfehler heterozygoten aber sonst sehr leistungsstarken Besamungsbullen zu einer massiven Erhöhung des Auftretens dieses Erbfehlers nach einigen Generationen führen. Auch können sich homozygot unerwünschte Gene leichter ausbreiten, wenn sie in heterozygoten Tieren günstige Effekte bewirken. So wirkt sich z.B. das mutierte Gen beim Braunvieh, das homozygot zum Zwergenwuchs führt, bei heterozygoten Tieren in einem kleineren und gedrungenem Körperbau aus, was vor einigen Jahren dem Zuchtziel dieser Rasse entsprach. Ungewollt wurden also heterozygote Trägartiere des unerwünschten Gens selektiert. Ein weiteres Beispiel ist das Weaver-Gen bei Brown Swiss Rindern. Dieses Gen ist eng gekoppelt mit einem Gen, das zu erhöhter Milchleistung führt und wurde daher indirekt mit selektiert [KRÄUSSLICH 1994].

Aktuelle Informationen über den molekulargenetischen Hintergrund verschiedener genetischer Defekte beim Rind sind in der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) zu finden. Im Moment werden 376 ver-

schiedene Phänotypen beim Rind beschrieben, wobei 75 davon zu den Single-Locus Merkmalen zählen. Für 43 Phänotypen konnte bereits die ursächliche DNA-Mutation ermittelt werden.

Die wirtschaftlich wichtigsten Erbfehler beim Rind sollen im Folgenden kurz beschrieben werden.

### **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Erblich bedingt Immunschwäche. Kälber sterben meist in den ersten Lebenswochen an banalen Infektionen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Missbildungen an der Wirbelsäule mit Auswirkungen auf die Gliedmaßen. Kälber sterben spätestens kurz nach der Geburt.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Es kommt zu einer Unterproduktion von Uridin-Monophosphat, das ein wichtiger Baustein der Pyrimidin-Nukleotide darstellt. Betroffene Tiere sterben schon im embryonalen Stadium ab.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **Citrullinämie**

Harnstoff-Zyklus ist durch einen Enzymdefekt gestört. Die Kälber sterben 3–5 Tage nach der Geburt an einer Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Motorische Neuronen in Rückenmark, Hirnstamm und motorischen Hirnrindengebieten sind stark dezimiert. Die betroffenen Kälber zeigen im Alter von wenigen Wo-



chen Muskelschwäche bzw. Schwund der Skelettmuskulatur mit Festliegen in Brustlage, herabgesetzten spinalen Reflexen und pumpender Atmung. Die Erkrankung verläuft innerhalb weniger Wochen tödlich.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **SDM (Spinale Dysmelisierung)**

Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nervenzellgebieten gekennzeichnet ist. Die erkrankten Kälber liegen zumeist gleich nach der Geburt in Seitenlage mit nach vorne gestreckten Gliedmaßen fest. Der Kopf ist häufig nach oben hinten gerichtet ('Mondguckerhaltung').

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Erste Krankheitszeichen entwickeln sich bei den betroffenen Tieren im Alter von mehreren Monaten. Diese zeigen sich in Form von Nachhandschwäche, Schwierigkeiten beim Aufstehen und unsicherem, schwankendem Gang. Innerhalb von 1-3 Jahren kommt es zum Festliegen des erkrankten Tieres und zum Tod.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Neben übermäßig langen, dünnen Gliedmaßen mit abnorm beweglichen und steifen, verkrümmten Gelenken als offensichtlichste Mißbildung weisen erkrankte Tiere häufig Schädeldeformationen, Wirbelsäulenverkrümmungen sowie Veränderungen an Blutgefäßen und zentralem Nervensystem auf. Kälber werden tot geboren oder verenden kurz nach der Geburt.

Betroffene Rassen: Fleckvieh, Brown Swiss, Deutsche Holsteins, Limousin

## 11.2 Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Braunvieh

Bei der Rasse Braunvieh wird seit einigen Jahren regelmäßig der Erbfehlerstatus bei Risikotieren für die beim Braunvieh bekannten Erbfehler untersucht. In der nachfolgenden Tabelle 11.1 wird ein Überblick über den Erbfehlerstatus und den Hornstatus von Bullen der Geburtsjahrgänge 1997 bis 2006 gegeben. Es gingen nur Bullen in die Analyse ein, die im Besitz einer bayerischen oder baden-württembergischen Besamungsstation waren bzw. sind.

Tab. 11.1: Überblick über den Erbfehler- und Hornstatus (*PP* = homozygot hornlos, *Pp* = heterozygot hornlos) beim Braunvieh

Jahr	Weaver			SMA			
	lt. Test frei	aufgrund NK Träger	lt. Test Träger	lt. Test frei	aufgrund NK Träger	lt. Test Träger	
1997	3	0	0	13	0	4	
1998	7	0	0	10	2	7	
1999	6	0	0	14	1	4	
2000	4	0	0	31	0	0	
2001	3	0	0	15	0	0	
2002	3	0	0	11	1	0	
2003	2	0	0	10	0	1	
2004	4	0	0	9	0	0	
2005	4	0	0	9	0	0	
2006	0	0	0	27	0	0	

Jahr	Arachnomelie		SDM		Hornstatus	
	lt. Test frei	aufgrund NK Träger	lt. Test frei	aufgrund NK Träger	PP	Pp
1997	0	0	0	0	0	0
1998	0	0	0	0	0	0
1999	0	0	0	0	0	0
2000	0	0	0	0	0	0
2001	0	0	0	0	0	1
2002	0	0	0	0	0	0
2003	0	0	2	0	0	2
2004	0	0	1	0	1	0
2005	0	1	0	0	0	1
2006	1	0	0	0	0	1

# Literaturverzeichnis

[ASR 2009] ASR (2009). *Jahresbericht 2008*. Technischer Bericht, Arbeitsgemeinschaft Süddeutscher Rinderzucht- und Besamungsorganisationen e.V.

[KRÄUSSLICH 1994] KRÄUSSLICH, H. (1994). *Tierzüchtungslehre*. Eugen Ulmer, Stuttgart, 4. Aufl.

[SAMBRAUS 2001] SAMBRAUS, H. H. (2001). *Farbatlas Nutzierrassen*. Eugen Ulmer, Stuttgart, 6. Aufl.

# MONITORING TIERGENETISCHER RESSOURCEN

## Teil I

-Deutsches Schwarzbuntes Niederungsgrind (DSN)-



herausgegeben von  
Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung e.V.

## **Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

## **Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V.

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft - Institut für Tierzucht

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

## **Berichtsautor**

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

Adresse: Heideweg 1  
27281 Verden

Internet: [www.vit.de](http://www.vit.de)

e-mail: [info@vit.de](mailto:info@vit.de)

Telefon: 04231-955-10

Fax: 04231-955-166

Ansprechpartner: Friedrich Reinhardt  
Doris Vogel



# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Allgemeine Informationen</b>	<b>4</b>
1.1	Rasseschlüssel . . . . .	4
1.2	Anerkannte Züchtervereinigungen . . . . .	4
1.3	Sonstige Verbände . . . . .	5
1.4	Hauptzuchtgebiet . . . . .	6
<b>2</b>	<b>Rassebeschreibung</b>	<b>7</b>
2.1	Zuchtziel . . . . .	7
2.2	Herkunft und Zuchtgeschichte . . . . .	8
2.2.1	Entstehung . . . . .	8
2.2.2	Entwicklung . . . . .	9
2.3	Zuchtprogramm . . . . .	10
2.4	Heutiger Stand . . . . .	11
2.5	Leistungen . . . . .	12
<b>3</b>	<b>Erbfehler</b>	<b>14</b>
3.1	Erbfehlerproblematik . . . . .	14
3.2	Bekannte Erbfehler beim Rind . . . . .	15

# Tabellenverzeichnis

1	Verteilung der Tiere in MLP-Betrieben . . . . .	6
2	Maße und Gewichte . . . . .	7
3	Anteil Schwarzbunte am Gesamtrinderbestand des deutschen Reiches in den Grenzen von 1937 . . . . .	8
4	Anteil Schwarzbunte in den alten Bundesländern . . . . .	8
5	Ergebnisse der MLP- und HB-Kühe 2008 . . . . .	12
6	Ergebnisse der Kühe in Herdbuchbetrieben in den einzelnen Verbänden . . . . .	13
7	Leistungsentwicklung der Kühe (A+B) . . . . .	13

# 1 Allgemeine Informationen

## 1.1 Rasseschlüssel

TGRDEU - 74

ADR - 10

## 1.2 Anerkannte Züchtervereinigungen

### Masterrind GmbH



Adresse: Lindhooper Strasse 103  
27283 Verden

Internet: [www.masterrind.com](http://www.masterrind.com)

e-mail: [info@masterrind.com](mailto:info@masterrind.com)

Telefon: 04231-679-0

Fax: 04231-679-216

### Rinderzuchtverband Berlin-Brandenburg e.G. (RBB)



Adresse: Lehniner Strasse 9  
14550 Groß Kreutz

Internet: [www.rinderzucht-bb.de](http://www.rinderzucht-bb.de)

e-mail: [info@rinderzucht-bb.de](mailto:info@rinderzucht-bb.de)

Telefon: 033207-533-0

Fax: 033207-533-199

### Verein Ostfriesischer Stammviehzüchter e.G. (VOST)



Adresse: Nessestrasse 1  
26789 Leer

Internet: [www.vost.de](http://www.vost.de)

e-mail: [info@vost.de](mailto:info@vost.de)

Telefon: 0491-8004-0

Fax: 0491-8004-22

### Zucht- und Besamungsunion Hessen e.G. (ZBH)



Adresse: An der Hessenhalle 1  
36304 Alsfeld

Internet: [www.zbh.de](http://www.zbh.de)

e-mail: [kontakt@zbh.de](mailto:kontakt@zbh.de)

Telefon: 06631-784-10

Fax: 06631-784-48

## 1.3 Sonstige Verbände

### Verein zur Erhaltung und Förderung des Alten Schwarzbunten Niederungsrindes



Adresse: Wiesenweg 35

36318 Schwalmtal-Rainrod

Internet: [www.schwarzbuntes-niederungsrind.de](http://www.schwarzbuntes-niederungsrind.de)

e-mail: [info@schwarzbuntes-niederungsrind.de](mailto:info@schwarzbuntes-niederungsrind.de)

Telefon: 06638-918481 oder 355

Fax: 06638-918479



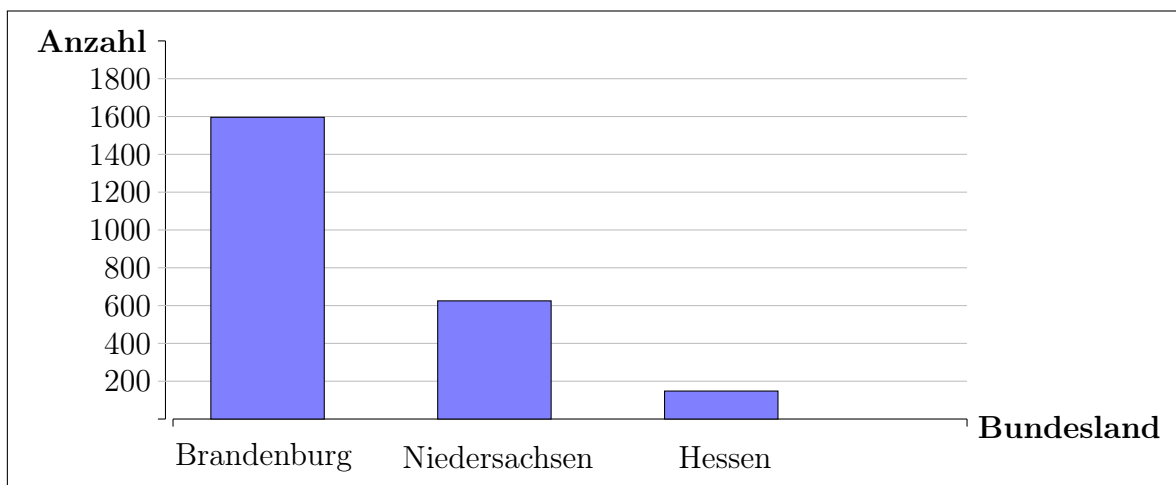
## 1.4 Hauptzuchtgebiet

Das Hauptzuchtgebiet des Deutschen Schwarzbunten Niederungsrindes liegt in den Bundesländern:

- Brandenburg
- Niedersachsen
- Hessen.

**Abbildung 1:** Verbreitung der Herdbuchkühe in den einzelnen Bundesländern

(Quelle: Angaben aus der Verarbeitung der MLP-Ergebnisse 2009 beim **vit**)



**Tabelle 1:** Verteilung der Tiere in MLP-Betrieben

(MLP-Ergebnisse aus dem **vit**-Jahresbericht 2009)

Anzahl	1 - 5	6 - 10	11 - 25	26 - 50	51 - 100	101 - 200	> 750	Summe
Betriebe	151	12	20	10	7	2	1	203
Tiere	267	89	341	360	527	309	782	2675

## 2 Rassebeschreibung

### 2.1 Zuchtziel

Angestrebt wird ein mittelrahmiges, langlebiges Zweinutzungs- und Milch-Fleischverhältnis 60:40).

Aufgrund seiner Jahrhunderte langen Haltung in der norddeutschen Tiefebene bis ans Mittelgebirge hat es sich sehr gut an das Klima und die pflanzliche Substanz angepasst. Auch geringwertige Pflanzen werden optimal verwertet.

Durch seine ruhige Art ist es umgänglicher als HF und verursacht nur geringe Trittschäden. Dadurch ist es sowohl für die Mutter- und Ammenkuhhaltung als auch für die Landschaftspflege geeignet.

**Tabelle 2:** Maße und Gewichte

Maße und Gewichte	Bullen	Kühe
Widerristhöhe, cm	150 - 162	130 - 140
Gewicht, kg	1000 - 1150	550 - 650

Körperbau: langer Rumpf  
mittelrahmig  
mittlere Muskelfülle

Farbe: schwarz-weißes, behornes Rind mit vorwiegend dunkler Zeichnung  
schwarzer Kopf mit weißen Abzeichen  
Augen sind stets von pigmentierter Haut umgeben

Eigenschaften: langlebig  
fruchtbar  
stabile Gesundheit  
angepasst an das Klima  
Eignung für Ammen- und Mutterkuhhaltung  
gute Eignung für Bullen- und Ochsenmast  
hervorragende Grundfutterverwertung  
gute Weidefähigkeit

## 2.2 Herkunft und Zuchtgeschichte

### 2.2.1 Entstehung

Das Schwarzbunte Rind gehört zu den Niederungsrassen.

Der Ursprung dieser einst bedeutendsten Rinderrasse Nord- und Mitteleuropas war vor mehr als 150 Jahren in den Marsch- und Niederungsgebieten im holländisch-friesischen Nordsee-Raum. Trotz der staatlichen Trennung von West- (Holland) und Ostfriesland (Deutschland) bestand zwischen diesen Regionen bis zum Ende des 19. Jahrhunderts ein reger Zuchtviehaustausch. Beide Rinderpopulationen waren phänotypisch ähnlich und genotypisch sehr nahe verwandt. Farblich stellten damals schwarz-weiße Tiere die Mehrzahl.

1876 wurde in Fischbeck (Sachsen-Anhalt) das erste Herdbuch gegründet. Kurze Zeit später (1878) wurden der Verein Ostfriesischer Stammviehzüchter und das Jeverländer Herdbuch gegründet.

Immer wieder wurden in andere Regionen Zuchttiere verkauft. Daher ging die gesamte Schwarzbuntpopulation auf ostfriesische Blutlinien zurück.

Der Zuchttieraustausch mit Westfriesland ging Ende des 19. Jahrhunderts stark zurück und wurde erst nach 1950 wieder ausgedehnt.

Welche starke Verbreitung die Rasse erlangte, wird aus den beiden folgenden Tabellen deutlich:

**Tabelle 3:** Anteil Schwarzbunte am Gesamtrinderbestand des deutschen Reiches in den Grenzen von 1937  
(Quelle: Comberg)

Jahr	Anzahl Schwarzbunte	Anteil am Gesamtrinderbestand
1896	4 480 080	28,8%
1906	4 464 084	32,7%
1936	9 202 320	48,7%

**Tabelle 4:** Anteil Schwarzbunte in den alten Bundesländern  
(Quelle: Comberg)

Jahr	Anzahl Schwarzbunte	Anteil am Gesamtrinderbestand
1896	1 586 631	16,2%
1906	2 355 028	22,7%
1936	3 653 798	31,4%
1973	5 721 131	39,8%

Das Zuchtziel bestand 1951 in einem gesunden, fruchtbaren, im mittleren Rahmen stehenden Rind mit harmonischen Körperformen. Hohe Dauerleistungen bei guter Mastfähigkeit wurden gewünscht. Die angestrebte Durchschnittsleistung sollte bei 5.000 kg Milch mit 4 % Fett liegen, wobei die Leistungen vorrangig aus wirtschaftseigenem Futter erbracht werden sollten. Ferner wurde ein Gewicht von 625 kg bei einer Widerristhöhe um die 132 cm angestrebt. Das Sitzbein sollte sich drei Fingerbreit tiefer als der Hüfthöcker befinden.

### 2.2.2 Entwicklung

1964 wurden die ersten Holstein-Friesian (HF) aus Nordamerika importiert. Daher wird dieser Zeitpunkt als Wendepunkt in der deutschen Schwarzbuntzucht angesehen. Bis sich die Holstein-Friesian durchsetzten, dauerte es aber noch einige Zeit.

1964 wurde das Zuchtziel neu definiert. Ziel blieb die Züchtung einer milchbetonten Zweinutzungskuh. Eine durchschnittliche Jahresleistung von 6.000 kg Milch bei 4 % Fett wurde angestrebt. Mit der Erhöhung der Milchleistung wurde von einer gewissen Vergrößerung des Rahmens ausgegangen, die allerdings im Hinblick auf die Fleischleistung auch gewünscht wurde.

Da ab Ende der 50er Jahre zwischen den Beständen in den alten und den neuen Bundesländern fast kein Blutaustausch mehr erfolgte, haben sich auch hier kleine genetische Unterschiede herausgebildet.

#### In den alten Bundesländern

In den Siebziger Jahren machte sich zunehmend der Druck der Holsteins bemerkbar. Zwar gab es noch eine große Zahl HF-freier Kühe mit hohen Leistungen, diese wurden aber, da sie in Hochzuchtbetrieben standen, mit Holstein-Bullen angepaart. Vor allem Betriebe mit hohem Grünlandanteil setzten weiterhin auf deutsch-holländische Blutlinien. Solche Betriebe waren meist nicht in Zuchtverbänden organisiert, so dass aus diesen Herden auch keine neuen Bullen für den Besamungseinsatz erstellt werden konnten.

Ende der Siebziger Jahre bestand das Gros der Zuchtbullen aus Holsteins neben einer Minderheit "HF-freier Holländer".

Ende der Achtziger Jahre gab es nur noch sechs HF-freie Zuchtbullen (alle mit holländischer Abstammung). Neue Jungbullen wurden nicht mehr angekauft. Da auch die Zahl der weiblichen Tiere auf nur noch ca. 500 Tiere herabgesunken war, erfolgte 1989 die Gründung des "Vereins zur Erhaltung des alten Schwarzbunten Niederungsrindes".

Es stellte sich heraus, dass es noch einen reindeutschen Besamungsbullen "Balduin" gab. Von zahlreichen weiteren Bullen mit holländischer, deutscher und schwedischer Abstammung gab es noch Tiefgefriersperma. Durch den Einsatz dieser Bullen auf die verbliebenen Kühe konnte die Zucht wiederbelebt werden.

#### In den neuen Bundesländern

Als sich in den Sechziger Jahren abzeichnete, dass der gesamte schwarzbunte Rinderbestand durch das Kombinationszuchtprogramm mit Jersey und Holstein-Friesian zum "Schwarzbunten Milchrind" (SMR) im Osten Deutschlands verloren gehen könnte, erfolgte 1972 durch die VVB Tierzucht Paretz die Errichtung einer Genreserve für das DSN. Das Ziel war es, einen kleinen Bestand dieser Rasse zu erhalten. Der Umfang der Genreserve umfasste zu DDR-Zeiten etwa 3.500 Herdbuchkühe, die auf sieben Zuchtbetrieben im Kreis Herzberg des damaligen Bezirkes Cottbus verteilt waren.

Nach 1990 entstanden für die Genreservebetriebe wirtschaftliche Zwänge, die zum Teil den weiteren Erhalt dieses Genpools in Frage stellten. Durch die aktive Einflussnahme des Rinderzuchtverbandes Berlin-Brandenburg e.G., der sich dieser Rasse annahm, wurde ein Erhaltungszuchtprogramm fortgeführt und weiterentwickelt.

Die Gründung des Vereins "Genreserve Alte Deutsche Schwarzbunte e.V." bildete die züchterische Heimat für die Genreservebetriebe.

## **2.3 Zuchtprogramm**

Genreservezuchtprogramm

## 2.4 Heutiger Stand

Mittlerweile sind wieder Besamungsbullen aus verschiedenen Linien im Einsatz. Auch ein weiteres Absinken der Anzahl weiblicher Tiere konnte verhindert werden. 2008 gab es lt. Jahresbericht der ADR wieder 2.305 Herdbuchtiere, darunter 10 Bullen.

### Brandenburg

Derzeit stehen in 14 Betrieben des Landes Brandenburg etwa 1.500 reinrassige Herdbuchkühe sowie deren Nachzucht für das Genreservezuchtprogramm dieser Rasse zur Verfügung.

Darüber hinaus sind ca. 100.000 Portionen Sperma von 100 DSN-Bullen in 8 genealogischen Linien im Depot der Rinderproduktion Berlin-Brandenburg GmbH vorhanden.

Die Agrargenossenschaft Gräfendorf ist seit 16 Jahren der wichtigste Betrieb innerhalb der Genreserve. Hier stehen die Bullenmütter und werden die Jungbullen für das Genreservezuchtprogramm produziert. 777 reinrassige Kühe in Gräfendorf (Jahresabschluß 2007) sind der größte Bestand dieser Rasse an einem Standort in Deutschland.

Die Zucht erfolgt mit der Zielstellung, die vorhandenen Gene im Sinne einer Genreservehaltung von lebenden Tieren zu sichern und die Inzucht stark zu begrenzen. Über Ländergrenzen hinweg ist man dabei bemüht, für Blutauffrischung zu sorgen. So wurden im Dezember 2007 fünf DSN-Bullen nach Irland exportiert.

### Niedersachsen

1990 wurden nur noch ca. 90 Kühe des alten Typs, die bereits ein Durchschnittsalter von 11,7 Jahren aufwiesen, bei privaten Haltern ermittelt.

2006 gab es wieder laut Jahresbericht der Milchleistungsprüfung 574 Kühe in 157 Betrieben. Es wurden neun Bullen gekört und 287 Tiere besamt bzw. gedeckt.

## 2.5 Leistungen

**Tabelle 5:** Ergebnisse der MLP- und HB-Kühe 2008  
(Quelle: ADR-Jahresbericht)

Leistung		Anzahl Kühe	Milch kg	Fett %	Fett kg	Eiweiß %	Eiweiß kg
	<b>305-TL 1.LA</b>	728	5.970	4,21	251	3,45	206
<b>MLP</b>	<b>305-TL aller Kühe</b>	2.157	6.816	4,19	286	3,44	234
	<b>Durchschnittsl. aller Kühe</b>	2.640	6.809	4,24	288	3,46	235
	<b>305-TL 1.LA</b>	636	5.953	4,22	251	3,47	206
<b>HB</b>	<b>305-TL aller Kühe</b>	1.862	6.877	4,19	288	3,45	237
	<b>Durchschnittsl. aller Kühe</b>	2.228	6.870	4,24	291	3,47	238

**Tabelle 6:** Ergebnisse der Kühe in Herdbuchbetrieben in den einzelnen Verbänden  
(Angaben aus der Verarbeitung der MLP-Ergebnisse 2008 beim **vit**)

Verband	Anzahl Kühe	Milch kg	Fett %	Fett kg	Eiweiß %	Eiweiß kg
Verein Ostfriesischer Stammviehzüchter e.G.	291	6.761	4,22	285	3,49	236
Masterrind GmbH, Verden	150	5.928	4,23	251	3,41	202
Zucht- und Besamungsunion Hessen e.G.	138	5.987	4,08	244	3,34	200
Rinderzuchtverband Berlin-Brandenburg e.G.	1.504	7.150	4,27	305	3,48	249

**Tabelle 7:** Leistungsentwicklung der Kühe (A+B)  
(MLP-Ergebnisse aus den **vit**-Jahresberichten 2004 bis 2008)

Jahr	Anzahl Kühe	Milch kg	Fett %	Fett kg	Eiweiß %	Eiweiß kg	Alter Jahre	ZKZ Tage
2004	2.488	6.748	4,21	284	3,50	236	4,7	379
2005	2.398	6.956	4,15	289	3,51	244	4,6	380
2006	2.427	6.993	4,15	290	3,46	242	4,6	385
2007	2.428	7.065	4,19	296	3,47	245	4,6	386
2008	2.568	6.836	4,24	290	3,45	236	4,7	388



## 3 Erbfehler

### 3.1 Erbfehlerproblematik

Erbfehler und Mißbildungen sind Abweichungen von der Norm in Körperbau, Körperfunktion und Verhalten mit nachteiliger Wirkung für das betroffene Tier oder die Population (Rasse).

Sie führen nicht nur zu wirtschaftlichen Schäden, sondern verursachen auch oft Leiden und Schmerzen bei den betroffenen Tieren. Es liegt deshalb schon in der ethischen Verantwortung, Anomalien zu erfassen und wenn möglich durch züchterische Maßnahmen zu vermeiden.

Wirtschaftlich gesehen entstehen direkte Kosten durch die Schädigungen am Tier selbst, aber auch durch Beschränkungen in den züchterischen Maßnahmen und vermindertem Zuchtfortschritt. Nicht zu unterschätzen sind auch eventuelle Imageschäden für die Rasse.

Erbfehler sind vor allem solche Defekte, denen ein monogener oder digener Erbgang oder eine Chromosomenanomalie zugrunde liegen. Soweit Erbfehler durch ein dominantes Gen verursacht werden, sind Anlageträger zugleich Merkmalsträger. Dies vereinfacht die Selektion gegen solche Merkmale, so dass im Allgemeinen keine besonderen diagnostischen, jedoch züchterische Maßnahmen erforderlich sind. Rezessive Schadgene dagegen führen nur in homozygotem Zustand, bei zwei beteiligten Genorten erst bei deren Kombination zur Manifestation des Erbfehlers und damit zum Auftreten erkennbarer Merkmalsträger.

Erbkrankheiten gewinnen besonders seit dem vermehrten Einsatz der künstlichen Besamung immer mehr an Bedeutung. So kann ein KB-Bulle mit hervorragenden Leistungsallelen, der aber ein Erbfehlerträger ist, seinen Erbfehler in einen großen Teil der Population verbreiten. Er kann erst als Erbfehlerträger erkannt werden, wenn er an einen weiteren Anlagenträger angepaart wird und aus dieser Paarung ein krankes Kalb entsteht.

Der Nachweis einer genetischen Abhängigkeit wird oft erschwert durch die relative Seltenheit der Defekte, unvollständige Penetranz, Umweltfaktoren mit ähnlicher Wirkung sowie durch Befürchtungen der Züchter vor Diskriminierung ihrer Zucht.

In Abhängigkeit von der Frequenz des Schadgens ist die Häufigkeit der phänotypisch gesunden Anlageträger in der Population um ein Vielfaches größer als die erkennbaren Merkmalsträger. Die heutige Molekulargenetik erlaubt die Entwicklung von Markertests für die frühzeitige Erkennung von Erbfehlern. Diese Tests ermöglichen eine effiziente Reduktion der Letalgene in den Populationen bei gleichzeitiger züchterischer Nutzung von Anlageträgern.

In der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) ist der aktuelle genomanalytische Wissensstand über genetische Defekte ersichtlich. Für das Rind sind z.Zt. (Stand: 01.09.2009) insgesamt 379 Merkmale aufgeführt, 80 davon als "Single-Locus-traits", von 47 Merkmalen wurde die kausale Mutation bereits auf DNA-Ebene identifiziert.

Die zuständigen Rassdachverbände in der ADR legen eine verbindliche Liste der genetischen Besonderheiten und Erbfehler fest. Das Verfahren der Festlegung von Erbfehlern erfolgt nach wissenschaftlich anerkannten Grundsätzen und wird auf bestimmte Gruppen (wie z.B. Besamungsbullen, deren Bullenmütter, ET-Spendertiere) beschränkt. Die Ergebnisse durchgeführter Untersuchungen auf genetische Besonderheiten und Erbfehler sind nach Vorliegen im Zuchtbuch zu führen und auf der Zuchtbescheinigung anzugeben. Die Entwicklung weiterer Erbfehler wird hinsichtlich ihrer Tierschutzrelevanz und/oder ökonomischen Bedeutung ständig geprüft und entsprechend behandelt.

## 3.2 Bekannte Erbfehler beim Rind

Nachfolgend werden die z.Zt. wirtschaftlich und erbhgienisch wichtigsten Defekte beim Rind beschrieben:

- **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Hierbei handelt es sich um eine Immunschwäche, die durch eine Punktmutation verursacht wird und zum Fehlen bestimmter Glukoproteine auf der Oberfläche von Leukozyten führt, wodurch sie nicht mehr aus dem Blut in Richtung eines Infektionsherdes auswandern können. Die Krankheit äußert sich in auffallender Neigung zu wiederkehrenden bakteriellen Infektionen. Die Kälber sterben oft in den ersten Lebenswochen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Es handelt sich um eine schwere Entwicklungsstörung der Wirbelsäule. Die Kälber werden abortiert, zu früh oder tot geboren. Typische Kennzeichen sind Mißbildungen an den Wirbelkörpern, verkürzte Wirbelsäule, versteifte, nach innen verdrehte Gelenke an allen vier Gliedmaßen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Uridin-Monophosphat, das eine essentielle Komponente der Pyrimidin-Nukleotide darstellt, kann nicht ausreichend synthetisiert werden. Die schwerwiegende Konsequenz ist embryonaler Fröhrtod.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Citrullinämie**

Aufgrund eines Enzymdefektes ist der Harnstoffzyklus gestört. Die Kälber sterben innerhalb von 3-5 Tagen nach der Geburt an Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Die Entwicklung der Knorpel- und Knochenbildung ist gestört. Die in der Regel toten Neugeborenen haben überlange, sehr dünne, leichtbrüchige Röhrenknochen. Die Sehnen der Gliedmaßen sind verkürzt, die Gelenke verkrümmt oder versteift. Außerdem sind häufig Verformungen des Schädels und Verkürzungen des Unterkiefers zu beobachten. Da der Defekt sich schon beim Fötus entwickelt, sind bereits bei der Geburt des Kalbes Knochenbrüche zu erwarten und dadurch Verletzungen der Geburtswege beim Muttertier möglich.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh

- **Syndactylie (Mulefoot)**

Die beiden Hauptzehen der betroffenen (eine oder mehrere) Gliedmaßen sind teilweise bis komplett verschmolzen, wobei meistens nur ein Hornschuh ausgebildet ist. Diese kegelförmig zugespitzten Hufe zwingen die Tiere zum Auftreten auf kleinsten Flächen, zu schwankender Haltung und bevorzugtem Liegen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh, Braunvieh

- **Chondrodysplasie (Bulldog)**

Hierbei handelt es sich um eine Punktmutation, die zu einer Störung der Knorpelbildung führt. Die Knochenwachstumszone wird verfröhrt verknöchert, was zur Einschränkung des Längenwachstums vor

allem der Extremitäten führt. Die Tiere fallen durch ihren unförmigen Körperbau mit kurzem Kopf und stummelartigen Gliedmaßen auf und zählen zu dem Komplex disproportionierten Zwergenwuchses.

Betroffene Rasse: Dexter

- **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Es handelt sich um eine neurogene Atrophie und Schwäche der Skelettmuskulatur, besonders der Extremitäten, hervorgerufen durch Degeneration und Schwund der Motoneuronen im Rückenmark. In der Regel zeigen sich erst im Alter von 3 bis 5 Wochen Lähmungserscheinungen. Als häufigste Komplikation tritt eine sekundäre meist therapieresistente Pneumonie auf, so dass die Kälber selten älter als zwei Monate werden.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **SDM (Spinale Dysmyelinisierung)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nerverzellgebieten gekennzeichnet ist. Die davon betroffenen Kälber liegen ab Geburt häufig in Seitenlage mit gestreckten Beinen fest. Den Kopf halten sie meist nach oben hinten ("Mondguckerhaltung"). Da die betroffenen Kälber auf keine Behandlung ansprechen, gehen sie in der Regel in den ersten Lebenswochen ein oder werden eingeschläfert.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems. Erste Krankheitszeichen treten im Alter von 5 bis 8 Monaten auf. Die betroffenen Kälber zeigen Schwächen in den Hinterbeinen und einen schwankenden, ungleichmäßigen Gang. Stärker werdende Koordinationsstörungen führen zum Festliegen und Tod durch Pansenlähmung mit 1 bis 3 Jahren.

Betroffene Rasse: Braunvieh

**Genetisches Monitoring der Rasse  
'Deutsches Schwarzbuntes Niederungsrind'  
Teil II  
(statistische Auswertungen)**

vit Verden

05.07.2010

**Inhaltsverzeichnis**

<b>1</b>	<b>Übersicht Datengrundlage</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Pedigreevollständigkeit</b>	<b>6</b>
<b>3</b>	<b>Genanteile</b>	<b>10</b>
<b>4</b>	<b>Generationsintervall</b>	<b>13</b>
<b>5</b>	<b>Inzucht und effektive Populationsgröße</b>	<b>13</b>
<b>6</b>	<b>Bewertung der Ergebnisse</b>	<b>17</b>

**Abbildungsverzeichnis**

<b>1</b>	<b>Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index . . . . .</b>	<b>9</b>
<b>2</b>	<b>Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI &gt; 0.70 auf Geburtsjahrgang . . . . .</b>	<b>15</b>
<b>3</b>	<b>Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen . . . . .</b>	<b>16</b>

---

---

## Tabellenverzeichnis

1	Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht . . . . .	4
2	Verteilung der Tiere auf Regionen . . . . .	5
3	Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge . . . . .	5
4	Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population . . . . .	7
5	Mittlere Genanteile der Bullen in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	11
6	Mittlere Genanteile der Kühe in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	12
7	Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden . . . . .	13

## 1 Übersicht Datengrundlage

Für das Monitoring der genetischen Variabilität des Deutschen Schwarzbunten Niederungsrindes (DSN, Rassecode=10) wurden zunächst alle seit 1990 registrierten Geburten bzw. Tiere seit Geburtsjahr 1990 bereitgestellt. In Tabelle 1 sind alle geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. Aus den vollständigen Jahrgängen 2000 bis 2007 ist ersichtlich, dass pro Jahr ca. 2500 bis 3000 Kälber geboren werden.

In Tabelle 2 ist eine regionale Verteilung der Geburten über die Bundesländer gegeben. Darin zeigt sich die Zweiteilung der Population. Der größte Teil bezieht sich auf die Genreserve DSN in den neuen Bundesländern und hier vor allem in Brandenburg. Von der Entstehung und wahrscheinlich auch von der Genetik unterschiedlich ist die Westpopulation hauptsächlich in Niedersachsen zu sehen.

In Tabelle 3 ist aufgelistet, welche Tiere der Ausgangspopulation Eltern geworden sind und welche Eltern wiederum heute noch leben. Die letzten 2 Spalten sind unter dem Vorbehalt zu betrachten, dass in den Ursprungsdateien alle Abgangsdaten vollständig verzeichnet sind.

Die Ausgangsbasis für das Genetische Monitoring bilden alle lebenden Eltern seit 2001 (aktuelles Jahr - 9). Diese Tiere sind als jüngste Elterngeneration (1) bzw. aktuelle Zuchtpopulation zu sehen und sollten selbst noch nicht als Großeltern im Datenmaterial erscheinen.

Jahrgang	männlich	weiblich
1990	16	1.381
1991	29	1.543
1992	21	1.191
1993	19	1.287
1994	34	1.333
1995	79	1.300
1996	308	1.379
1997	522	1.344
1998	1.101	1.564
1999	996	1.625
2000	1.099	1.448
2001	1.145	1.403
2002	1.070	1.371
2003	1.252	1.524
2004	1.401	1.618
2005	1.400	1.671
2006	1.425	1.608
2007	1.435	1.395
2008	1.554	1.441
2009	1.285	1.312
2010	0	0

Tabelle 1: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

Region	Anz.Tiere
Schleswig-Holstein	18
Niedersachsen	8.941
Bremen	6
Nordrhein-Westfalen	770
Hessen	1.526
Rheinland-Pfalz	582
Baden Württemberg	433
Bayern	9
Saarland	2
Berlin	2
Brandenburg	25.650
Mecklenburg-Vorpommern	229
Sachsen	34
Sachsen-Anhalt	19
Thüringen	53
NBL, <sup>1</sup> nicht zuzuordnen	6.655

<sup>1</sup> Neue Bundesländer

Tabelle 2: Verteilung der Tiere auf Regionen

Jahrgang	Alle		Eltern		noch lebende Eltern	
	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe
2001	1.145	1.403	20	802	1	76
2002	1.070	1.371	15	887	0	147
2003	1.252	1.524	21	908	2	239
2004	1.401	1.618	26	903	8	388
2005	1.400	1.671	25	871	5	557
2006	1.425	1.608	30	834	10	637
gesamt	7.693	9.195	137	5.205	26	2.044

Tabelle 3: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge



## 2 Pedigreevollständigkeit

Für die in Tabelle 3/Spalten 6 und 7 (noch lebende Eltern) genannte Ausgangseltern-generation wurden alle Ahnen bis 1950 zurück, sofern bekannt und plausibel, aus den Abstammungsdateien des **vit** herausgesucht. Die Pedigrees enden, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt. Für DSN muß hier allerdings eine Erweiterung gemacht werden. Bei Ahnen der Rasse Schwarzbunt läuft das verwendete Pedigree weiter. Dies ist auf Grund der nicht eindeutigen Rasseangabe für original Schwarzbunte vor allem in den alten Bundesländern vor 1990 nötig. Die Rassedefinition DSN mit Rassecode = 10 wurde erst nach 1990 von der ADR eingeführt. Es ist nicht sicher, ob alle vorher geborenen Ahnen entsprechend von RC = 01 auf RC = 10 umgeschlüsselt wurden.

Für eine korrekte Berechnung und Darstellung des Inzuchtzuwachses und der daraus abgeleiteten effektiven Populationsgröße sind Mindestanforderungen bezüglich Vollständigkeit und Tiefe der Pedigreeinformationen zu setzen. Um diesen Informationsgehalt zu quantifizieren, wird für jedes Tier der sogenannte Pedigree Completeness Index (PCI) berechnet (MacCluer 1983). Der PCI ist eine Relativzahl, die in Abhängigkeit zur geforderten Pedigreetiefe (Anzahl Ahnengenerationen) zu sehen ist. D.h., bei 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier den PCI=1, wenn alle 32 Ahnen bekannt sind.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1960 in Tabelle 4 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf eine Pedigreetiefe von 6 Ahnengenerationen. Für die Monitoringausgangspopulation (C) erreichen 19 männliche und 1.621 weibliche Tiere den geforderten PCI > 0,70.

In Abbildung 1 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 4 nochmal graphisch dargestellt. Je aktueller die Geburtsjahrgänge desto höher sind die mittleren PCI der Tiere. Dieses Ergebnis ergibt sich automatisch aus den verfügbaren Pedigreeinformationen.

Tabelle 4: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1960	72	0.09	63	0.04
1961	73	0.09	59	0.06
1962	52	0.13	83	0.04
1963	59	0.07	75	0.08
1964	64	0.12	69	0.07
1965	71	0.14	114	0.10
1966	54	0.14	114	0.10
1967	71	0.17	144	0.05
1968	55	0.20	145	0.09
1969	53	0.18	146	0.14
1970	62	0.17	187	0.14
1971	53	0.21	176	0.17
1972	55	0.28	166	0.19
1973	52	0.30	147	0.24
1974	38	0.36	175	0.26
1975	43	0.31	211	0.28
1976	33	0.32	187	0.29
1977	47	0.33	185	0.32
1978	48	0.39	166	0.36
1979	43	0.36	184	0.38
1980	43	0.42	229	0.39
1981	55	0.50	170	0.42
1982	35	0.49	160	0.46
1983	42	0.46	184	0.47
1984	25	0.52	172	0.46
1985	32	0.53	159	0.48
1986	41	0.56	240	0.50
1987	25	0.63	162	0.54
1988	28	0.59	167	0.56
1989	23	0.67	169	0.58
1990	22	0.72	234	0.57
1991	33	0.74	207	0.60
1992	22	0.68	165	0.62
1993	33	0.72	195	0.63
1994	37	0.69	203	0.63
1995	24	0.69	247	0.67
1996	30	0.67	225	0.69
1997	26	0.74	225	0.68

Weiter auf nächster Seite

---

---

## 2 PEDIGREEVOLLSTÄNDIGKEIT

---

---

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1998	20	0.74	281	0.73
1999	16	0.78	275	0.73
2000	15	0.77	278	0.72
2001	23	0.77	303	0.77
2002	16	0.77	334	0.77
2003	14	0.84	310	0.80
2004	12	0.80	393	0.82
2005	3	0.89	442	0.83
2006	10	0.88	550	0.85

Anzahl Tiere in Monitoring-Ausgangspopulation : 1.640

Grenzwert für PC-Index : 0.70

Bei Pedigreetiefe von : 6 Gen.

Erfüllt bei männl. Tieren : 19

Erfüllt bei weibl. Tieren : 1.621

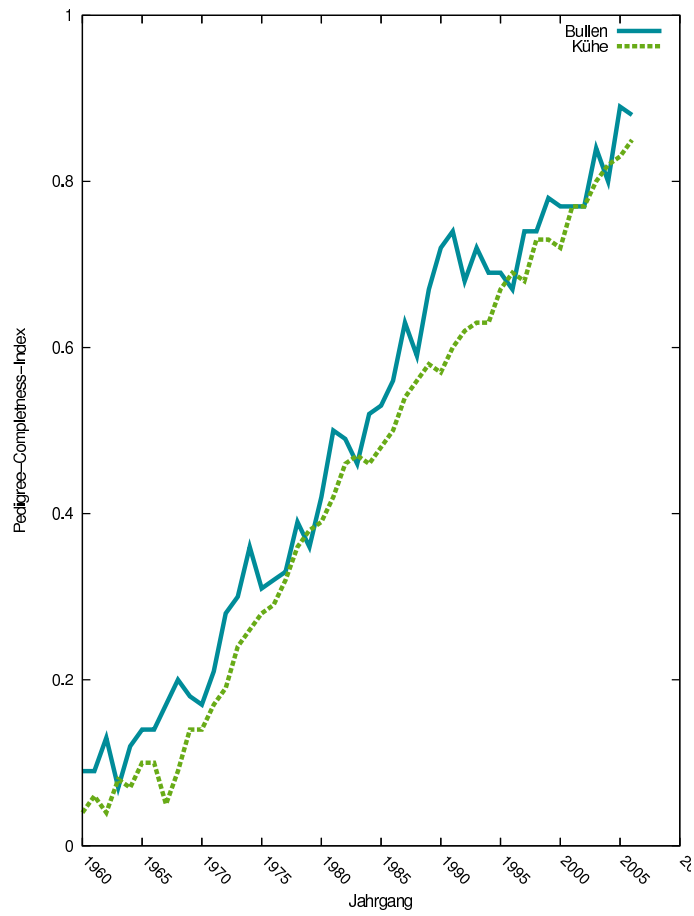


Abbildung 1: Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index

### 3 Genanteile

Für die Berechnung der Herkunftsgenanteile in den Tabellen 5 (Väter) und 6 (Mütter) wurden für alle Milchrinderrassen einheitlich die in den Spaltenköpfen genannten Rassen/Herkünfte definiert. Die Angaben beziehen sich auf die definierten Geburtsjahre der Ausgangsmonitoringpopulation (C). In Spalte 3 ist der mittlere Inzuchtgrad in den Jahrgängen ausgewiesen. In den folgenden Spalten die Herkunftsgenanteile in Prozent, die sich innerhalb Zeile zu 100 aufaddieren. Wie bereits erwähnt, baut sich die Rasse DSN hauptsächlich aus Gründertieren der Rassen Schwarzbunt (01) und DSN (10) auf. Dieses Ergebnis ist auf Grund der nicht einheitlichen Rasseangabe vor 1990 zu erwarten.

Die Rasse DSN setzt sich letztendlich aus zwei Teilpopulationen zusammen:

1. original Schwarzbuntes Niederungsind in den westlichen Bundesländern
2. Genreserve Schwarzbunt in Brandenburg mit starkem holländischen Ursprung

Jahrgang	Anzahl Tiere	Inzuchtgrad	Genanteile der Rassen in Prozent																	
			Holstein/Schwarzbunt, Europa	Holstein/Rotbunt, Europa	Jersey	Braunvieh/Brown Swiss	Rotvieh/Angler (5/6)	Rotes Hoehenvieh (71)	Limpurger	Glanrind	Doppelnutzung Rotbunt (DN)	Dt. Schwarzb. Niederungsr.	Fleckvieh	Holstein, Nordamerika	Skandinavisches Rotvieh	Andere Milchrasen	Andere Fleischrasen	Sonstige/Unbekannt		
2001	1	12.75	92.58	-	-	-	-	-	-	-	-	7.42	-	-	-	-	-	-	-	-
2003	1	0.01	51.17	-	-	-	-	-	-	-	-	48.83	-	-	-	-	-	-	-	-
2004	3	7.25	78.13	-	-	-	-	-	-	-	-	21.88	-	-	-	-	-	-	-	-
2005	3	10.42	82.29	-	-	-	-	-	-	-	-	17.71	-	-	-	-	-	-	-	-
2006	9	7.76	60.44	-	-	-	-	-	-	-	-	36.17	-	2.84	-	-	-	-	-	0.55

Tabelle 5: Mittlere Genanteile der Bullen in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr &gt; 1999)

Jahrgang	Anzahl Tiere	Inzuchtgrad	Genanteile der Rassen in Prozent																
			Holstein/Schwarzbunt, Europa	Holstein/Rotbunt, Europa	Jersey	Braunvieh/Brown Swiss	Rotvieh/Angler (5/6)	Rotes Hoehenvieh (71)	Limburger	Glanrind	Doppelnutzung Rotbunt (DN)	Dr. Schwarzb. Niederrungsr.	Fleckvieh	Holstein, Nordamerika	Skandinavisches Rotvieh	Andere Milchrassen	Andere Fleischrassen	Sonstige/Unbekannt	
2001	41	2.84	37.35	0.61	0.04	-	-	-	-	-	-	55.42	6.02	-	-	-	-	0.56	
2002	82	2.03	42.54	0.15	0.04	-	-	-	-	-	-	48.87	7.51	-	-	-	-	0.89	
2003	165	2.00	36.42	-	0.03	-	-	-	-	-	-	57.29	5.58	-	-	-	-	0.68	
2004	285	2.08	35.41	0.15	0.04	-	-	-	-	-	0.09	56.26	7.43	-	-	-	-	0.61	
2005	412	2.23	33.41	0.15	0.02	-	-	-	-	-	0.12	61.16	4.58	-	-	-	-	0.55	
2006	526	2.00	31.87	0.25	-	-	-	-	-	-	0.05	61.24	6.05	-	-	-	-	0.50	

Tabelle 6: Mittlere Genanteile der Kühe in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999)

## 4 Generationsintervall

In einer weiteren Analyse werden die Generationsintervalle in den vier Selektionspfaden Bullenväter, Bullenmütter, Kuhväter und Kuhmütter ermittelt. Das Generationsintervall ergibt sich aus dem mittleren Alter der Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die in Tabelle 7 angegebenen Werte beziehen sich wiederum auf das mittlere Alter (in Jahren) der Eltern der Ausgangsgeneration der Monitoringpopulation (C). Das mittlere Generationsintervall ist als ungewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße benötigt, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich direkt mit der effektiven Populationsgröße zusammenhängt.

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Bullenväter	19	5.55
Bullenmütter	19	6.41
Kuhväter	1.621	6.41
Kuhmütter	1.621	4.09

Tabelle 7: Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade 5.62

## 5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres drückt die mittlere Wahrscheinlichkeit herkunftsgleicher Allele an einem Genort aus. Er ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene und damit auch von Erbfehlern.

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoringpopulation (C) einbezogen, die einen PCI > 0,70 unter Berücksichtigung von 6 Ahnengenerationen aufweisen. Damit ist gewährleistet, dass bei allen Tieren aufgrund der verfügbaren Pedigreeinformation auf Vater- und Mutterseite eine vergleichbare Chance besteht, Inzucht überhaupt zu berechnen - sofern tatsächlich vorhanden.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 2 ist die Verteilung aller Tiere und Ahnen in der gesamten Monitoringpopulation (helle Balken) sowie der Tiere mit PCI > 0,70 (dunkle Balken, Monitoringpopulation (C)) ersichtlich. Die effektive Populationsgröße wird danach nur noch an ca. einem Drittel der Ausgangstiere berechnet.

Die effektive Populationsgröße ist nach der von Wooliams beschriebenen Methode als Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet.

In der DSN-Population resultiert eine noch überraschend hohe effektive Populationsgröße von nahezu 172 Tieren, da fast kein Inzuchtanstieg zu verzeichnen ist. Dies ist nicht zuletzt eine Folge des Zuchtprogramms des Zuchtverbandes RBB, das besonders auf eine Verpaarung nicht verwandter Tiere achtet. Das Verhältnis effektiver zu absoluter Populationsgröße ist damit 1 : 12.



Die berechnete Anzahl effektiver Foundertiere mit  $f_e = 101$  und die Anzahl effektiver Ahnen mit  $f_a = 37$  weisen allerdings auf eine wesentlich engere Blutführung vor allem innerhalb der beiden Subpopulationen hin.

Die einflussreichsten Ahnen der DSN-Genreserve sind:

der holländische Bulle BEDO (528000028522994), geb. 1995 mit 8 % und  
der deutsche Bulle PRIM (276002222705670), geb. 1994 mit 7 % marginalen Genanteilen in der aktiven Population.

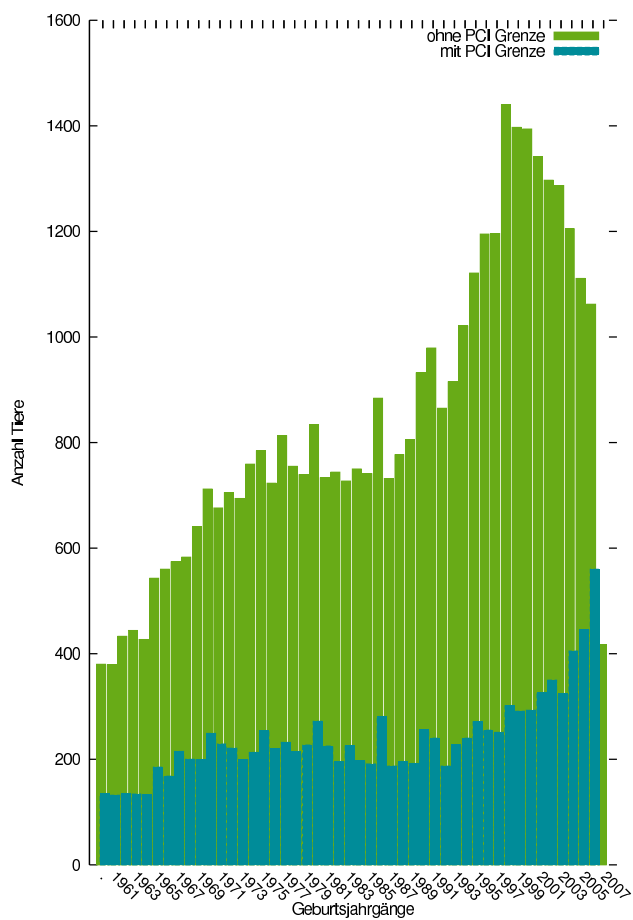


Abbildung 2: Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI > 0.70 auf Geburtsjahrgang

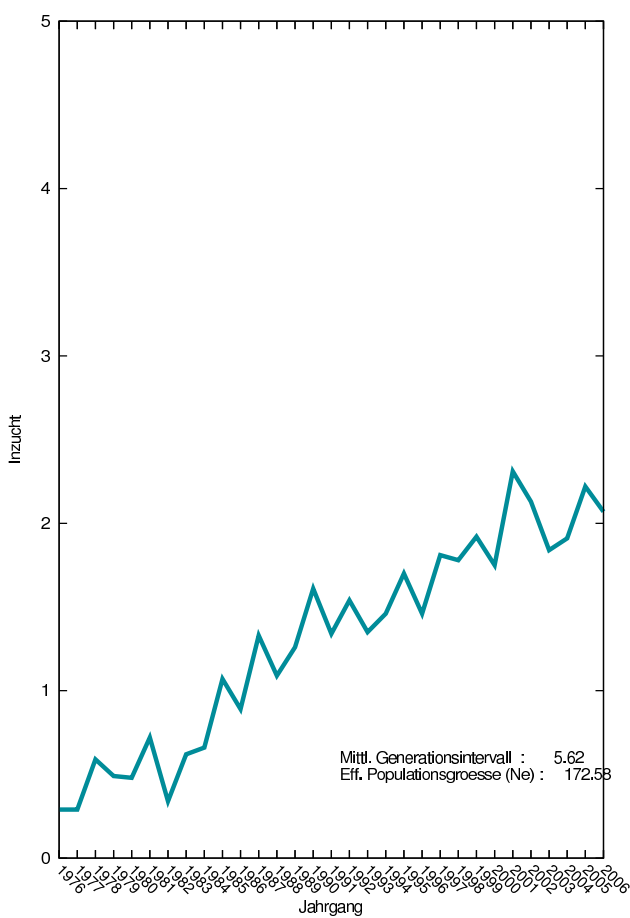


Abbildung 3: Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen

## 6 Bewertung der Ergebnisse

Die Rasse besteht praktisch aus zwei Subpopulationen. Zum einen aus den original deutschen Schwarzbunten in den alten Bundesländern und aus der sogenannten schwarzbunten Genreserve in Brandenburg, die stark durch holländische Ahnen geprägt ist. Die noch recht hohe effektive Populationsgröße von  $N_e I = 172$  wurde an der Gesamtpopulation berechnet. Für die beiden Teilpopulationen, die nach wie vor kein gemeinsames Zuchtprogramm fahren, ergeben sich erwartungsgemäß wesentlich niedrigere Werte. Die Genreserve-Population in Brandenburg wird züchterisch sehr intensiv betreut. Bei der Anpaarung wird schon seit Jahren soweit möglich auf Inzuchtvermeidung geachtet. Durch das Zuchtprogramm in Brandenburg scheint der Fortbestand dieser Teilpopulation gesichert. Die Teilpopulation in den westlichen Bundesländern wird nicht einheitlich züchterisch betreut. Ein gemeinsames Zuchtprogramm zur Erhaltung der Rasse ist zu empfehlen.

# MONITORING TIERGENETISCHER RESSOURCEN

## Teil I

-Deutsches Shorthorn (SH)-



herausgegeben von  
Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung e.V.

## **Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

## **Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V.

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft - Institut für Tierzucht

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

## **Berichtsautor**

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

Adresse: Heideweg 1  
27281 Verden

Internet: [www.vit.de](http://www.vit.de)

e-mail: [info@vit.de](mailto:info@vit.de)

Telefon: 04231-955-10

Fax: 04231-955-166

Ansprechpartner: Friedrich Reinhardt  
Doris Vogel



# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Allgemeine Informationen</b>	<b>4</b>
1.1	Rasseschlüssel . . . . .	4
1.2	Anerkannte Züchtervereinigungen . . . . .	4
1.3	Sonstige Verbände . . . . .	6
1.4	Hauptzuchtgebiet . . . . .	7
<b>2</b>	<b>Rassebeschreibung</b>	<b>8</b>
2.1	Zuchtziel . . . . .	8
2.2	Herkunft und Zuchtgeschichte . . . . .	9
2.2.1	Entstehung . . . . .	9
2.2.2	Entwicklung . . . . .	9
2.3	Zuchtprogramm . . . . .	10
2.4	Heutiger Stand . . . . .	11
2.5	Leistungen . . . . .	12
<b>3</b>	<b>Erbfehler</b>	<b>13</b>
3.1	Erbfehlerproblematik . . . . .	13
3.2	Bekannte Erbfehler beim Rind . . . . .	14

# Tabellenverzeichnis

1	Verteilung der HB-Tiere in in den Mitgliedsbetrieben . . . . .	7
2	Maße und Gewichte . . . . .	8

# 1 Allgemeine Informationen

## 1.1 Rasseschlüssel

TGRDEU - 79

ADR - 44

## 1.2 Anerkannte Züchtervereinigungen

### Rinderzucht Schleswig-Holstein e.G. (RSH)



Adresse: Rendsburger Strasse 178  
24537 Neumünster

Internet: [www.rsheg.de](http://www.rsheg.de)

e-mail: [rsheg@rsheg.de](mailto:rsheg@rsheg.de)

Telefon: 04321-905300

Fax: 04321-905395

### Zucht- und Besamungsunion Hessen e.G. (ZBH)



Adresse: An der Hessenhalle 1  
36304 Alsfeld

Internet: [www.zbh.de](http://www.zbh.de)

e-mail: [kontakt@zbh.de](mailto:kontakt@zbh.de)

Telefon: 06631-784-10

Fax: 06631-784-48

### Masterrind GmbH



Adresse: Lindhooper Strasse 103  
27283 Verden

Internet: [www.masterrind.com](http://www.masterrind.com)

e-mail: [info@masterrind.com](mailto:info@masterrind.com)

Telefon: 04231-679-0

Fax: 04231-679-216

### Rinderunion Baden-Württemberg e.V. (RBW)



Adresse: Ölkofer Strasse 41  
88518 Herbertingen

Internet: [www.rind-bw.de](http://www.rind-bw.de)

e-mail: [info@rind-bw.de](mailto:info@rind-bw.de)

Telefon: 07586-9206-0

Fax: 07586-9206-35



**Verband Schleswig-Holsteiner Fleischrindzüchter e.V.**



Adresse: Steenbeker Weg 151  
24106 Kiel

Internet: [www.fleischrinderzucht.de](http://www.fleischrinderzucht.de)

e-mail: [info@fleischrinderzucht.de](mailto:info@fleischrinderzucht.de)

Telefon: 0431-338916

Fax: 0431-337147

## 1.3 Sonstige Verbände

### Bundesverband Deutscher Fleischrindzüchter und -halter e.V. (BDF)



Adresse: Adenauerallee 174

53113 Bonn

Internet: [www.bdf-web.de](http://www.bdf-web.de)

e-mail: [info@bdf-web.de](mailto:info@bdf-web.de)

Telefon: 0228-91447-24

Fax: 0228-91447-11

### Bundesverband Shorthorn Züchter und Halter



Adresse: Westerhever Strasse 4

25836 Osterhever

Internet: [www.deutsches-shorthorn.de](http://www.deutsches-shorthorn.de)

e-mail: [jens.kohrs@gmx.de](mailto:jens.kohrs@gmx.de)

Telefon: 04865-901842

Fax:

## 1.4 Hauptzuchtgebiet

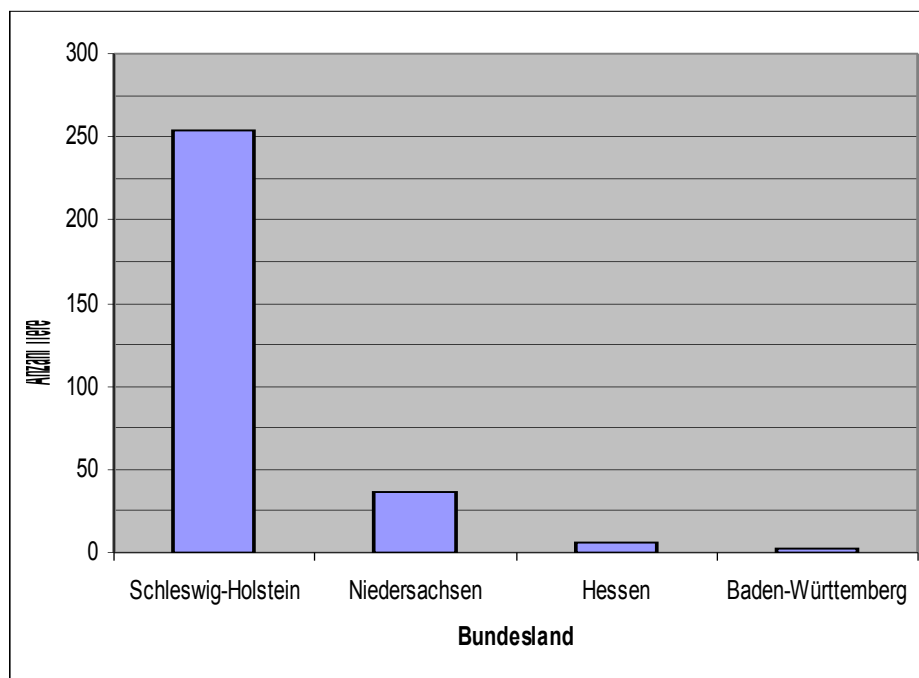
Das Hauptzuchtgebiet der Rasse Deutsches Shorthorn liegt in Schleswig-Holstein.

Kleinere Bestände existieren in den Bundesländern:

- Niedersachsen
- Hessen
- Baden-Württemberg.

**Abb. 1: Verbreitung der weiblichen Herdbuchtiere 2003**

(Quelle: www.genres.de)



**Tabelle 1: Verteilung der HB-Tiere in in den Mitgliedsbetrieben**  
(Statistischer Jahresbericht 2009 des BDF)

	Anzahl Betriebe			Anzahl Tiere		
	Herdbuch	Haltung	Gesamt	HB-Bullen	HB-Kühe	Gesamt
<b>Gesamt</b>	26	5	31	44	219	263

## 2 Rassebeschreibung

### 2.1 Zuchtziel

Angestrebt wird ein robustes, sich dem jeweiligen Klima anpassendes, frühreifes Fleischrind, im mittelgroßen Rahmen, das gut marmoriertes Fleisch von feinfaseriger, saftiger Qualität liefert, dessen Schlachtkörper jedoch nicht mit unerwünscht hohem Fettanteil behaftet sein soll. Der Körper soll lang und kastenförmig sein. Ferner sollen die Tiere neben einem ruhigen Temperament eine große Muskelfülle sowie relativ feine und korrekte Gliedmaßen aufweisen.

Die vererbungssichere Leichtkalbigkeit in Folge geringer Geburtsgewichte unterstreicht die Eignung von Shorthornbullen für die Gebrauchskreuzungen mit anderen Rassen, speziell auch für die Belegung von Färsen. Durch ihre Witterungsbeständigkeit und Genügsamkeit ist die Rasse sehr gut für die Robustrinderhaltung geeignet. Die Zugabe von Kraftfutter ist bei den Deutschen Shorthorn überflüssig.

**Tabelle 2:** Maße und Gewichte

Maße und Gewichte	Bullen	Kühe
Widerristhöhe, cm	138 - 145	130 - 137
Gewicht, kg	1000 - 1200	550 - 700

Körperbau:	mittel- bis großrahmig tiefgestellt lang und kastenförmig kurzer Kopf kurze, leicht nach vorn gebogene und stumpf endende Hörner (heute überwiegend genetisch hornlos)
Farbe:	rot, weiß, rotschimmelfarben und rotweißgefleckt (variierend) Flotzmaul fleischfarben
Haarkleid:	kurz- bis mittelhaarig glatt
Eigenschaften:	frühreif schnellwüchsig witterungshart ruhiges Temperament leichtkalbig große Muskelfülle korrekte Gliedmaßen feste Klauen

## 2.2 Herkunft und Zuchtgeschichte

### 2.2.1 Entstehung

Die Shorthorns sind als die älteste Kultur- und Zuchtrasse der Welt anzusehen. Der Rassenname resultiert aus den kurzen, leicht nach vorn gebogenen und stumpf endenden Hörnern.

Die ersten Herdbücher in England, aber auch in Deutschland wurden für Shorthornrinder geführt. Die Gebrüder Collins betrieben die erste planmäßige Rinderzucht mit In- und Inzestzucht sowie Leistungsprüfungen.

Die Grundlagen der Shorthornzucht in Schleswig-Holstein wurden um 1840 geschaffen. Um Qualitätsvieh für den wachsenden Export nach England zu erhalten, wurden zuerst Bullen für Kreuzungszwecke, später auch weibliches Vieh importiert. Es kam zur Gründung von Ortsvereinen für die Shorthornzucht. 1886 wurde die "Gesellschaft Deutscher Shorthornzüchter" ins Leben gerufen.

### 2.2.2 Entwicklung

1918 umfasste die "Gesellschaft Deutscher Shorthornzüchter" bereits 3.298 Mitglieder mit knapp 10.000 eingetragenen Kühen.

1937 standen 29.230 Kühe unter Milchkontrolle mit einer Leistung von

*2.787 kg Milch und einem Fettgehalt von 3,38 %.*

Da nach dem Zweiten Weltkrieg der Milchleistung in der Rinderzucht der Vorrang vor der Fleischleistung eingeräumt wurde, wurden die Shorthorns durch Schwarz- und Rotbunte verdrängt. Zudem kam es noch zur Trennung von Shorthorn und Fleischshorthorn. 1970, dem letzten Jahr, in dem die Rasse noch als eigenständig im Geschäftsbericht des Landeskontrollverbandes Schleswig-Holstein aufgeführt wurde, zählte man nur noch 41 Shorthorn- und 4 Fleischshorthornkühe unter Milchkontrolle. Die Milchshorthorn gingen im Rotbuntzuchtverband auf, während die Fleischshorthornhalter den "Verband Schleswig Holsteiner Fleischshorthornzüchter" gründeten. Heute bilden sie zusammen mit Züchtern anderer Fleischrindrassen den "Verband Schleswig Holsteiner Fleischrindzüchter".

## 2.3 Zuchtprogramm

Das Zuchtziel wird mit den Mitteln der Reinzucht angestrebt.

Zur beschleunigten Verbesserung der angestrebten Eigenschaften ist eine Zufuhr von Genen aus anderen Populationen nicht ausgeschlossen. Hierüber entscheidet der Zuchtausschuss der Abteilung Fleischrinder der RSH eG.

Grundlagen der Selektion sind die Abstammung und die Ergebnisse der Leistungsprüfung (Station oder Feld) sowie die subjektive Bewertung der Merkmale Typ, Bemuskelung, Skelett und Rahmen.

Es werden Rinder gezüchtet, die den wirtschaftlichen Erfordernissen der mutterkuhhaltenden Betriebe und der Gebrauchskreuzung mit Fleischrindbullen in Milchviehherden möglichst optimal entsprechen. Auf der Mutterseite wird die Aufzucht eines gut entwickelten Kalbes pro Jahr verlangt. Auf der Vaterseite sind leistungsstarke Bullen mit korrekten Gliedmaßen für den Deckeinsatz auch unter schwierigen Verhältnissen das Ziel. Ein gutartiger Charakter der männlichen und weiblichen Tiere wird angestrebt.

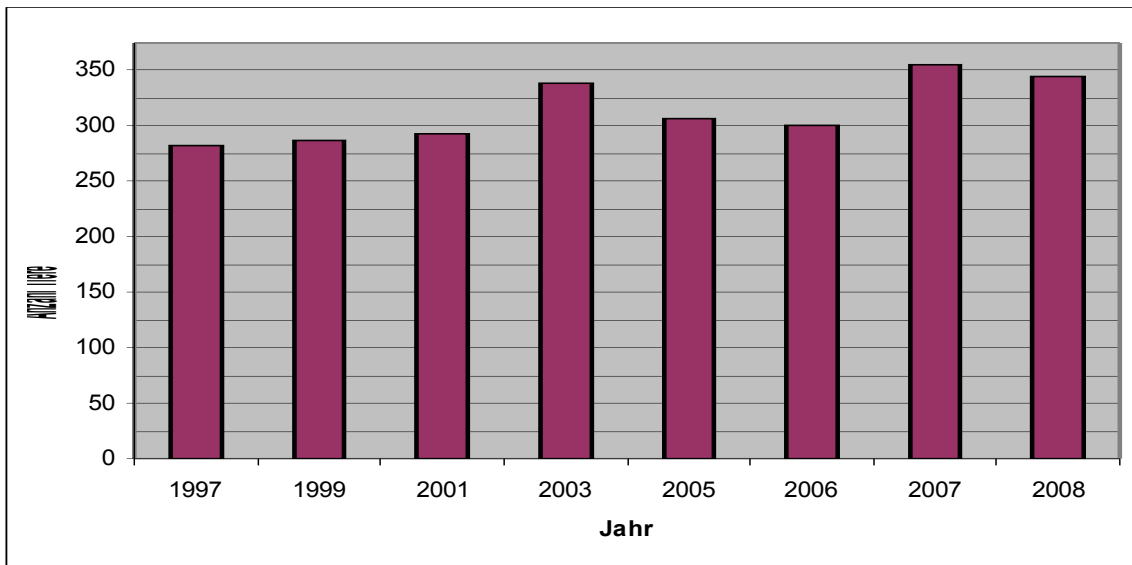
(Quelle: Satzung der Rinderzucht Schleswig-Holstein eG)

## 2.4 Heutiger Stand

Der derzeitige Bestand umfasst 345 Herdbuchtiere (Statistischer Jahresbericht 2008 des BDF). Die Tiere befinden sich vorrangig in vielen kleinen Herden bei Hobbyzüchtern. Nur in drei Herden stehen mehr als 20 Herdbuchkühe.

### Abb. 2: Bestandsentwicklung im Zeitraum 1997 - 2008

(Quelle: Bundesverbandes Deutscher Fleischrindzüchter und -halter e.V. Jahresberichte 2003 - 2008, [www.genres.de](http://www.genres.de) 1997 - 2001)



Im Jahre 2001 wurde das Zuchtziel verändert. Die Geburts- und Endgewichte wurden angehoben und fleckige Tiere zugelassen.

1994 wurde eine größere Partie Shorthorns aus Kanada importiert. Da diese Tiere einen ganz anderen Typ verkörpern, bietet sich eher eine Zusammenarbeit mit der kleinen dänischen Zucht an.

## **2.5 Leistungen**



## 3 Erbfehler

### 3.1 Erbfehlerproblematik

Erbfehler und Mißbildungen sind Abweichungen von der Norm in Körperbau, Körperfunktion und Verhalten mit nachteiliger Wirkung für das betroffene Tier oder die Population (Rasse).

Sie führen nicht nur zu wirtschaftlichen Schäden, sondern verursachen auch oft Leiden und Schmerzen bei den betroffenen Tieren. Es liegt deshalb schon in der ethischen Verantwortung, Anomalien zu erfassen und wenn möglich durch züchterische Maßnahmen zu vermeiden.

Wirtschaftlich gesehen entstehen direkte Kosten durch die Schädigungen am Tier selbst, aber auch durch Beschränkungen in den züchterischen Maßnahmen und vermindertem Zuchtfortschritt. Nicht zu unterschätzen sind auch eventuelle Imageschäden für die Rasse.

Erbfehler sind vor allem solche Defekte, denen ein monogener oder digener Erbgang oder eine Chromosomenanomalie zugrunde liegen. Soweit Erbfehler durch ein dominantes Gen verursacht werden, sind Anlageträger zugleich Merkmalsträger. Dies vereinfacht die Selektion gegen solche Merkmale, so dass im Allgemeinen keine besonderen diagnostischen, jedoch züchterische Maßnahmen erforderlich sind. Rezessive Schadgene dagegen führen nur in homozygotem Zustand, bei zwei beteiligten Genorten erst bei deren Kombination zur Manifestation des Erbfehlers und damit zum Auftreten erkennbarer Merkmalsträger.

Erbkrankheiten gewinnen besonders seit dem vermehrten Einsatz der künstlichen Besamung immer mehr an Bedeutung. So kann ein KB-Bulle mit hervorragenden Leistungsallelen, der aber ein Erbfehlerträger ist, seinen Erbfehler in einen großen Teil der Population verbreiten. Er kann erst als Erbfehlerträger erkannt werden, wenn er an einen weiteren Anlagenträger angepaart wird und aus dieser Paarung ein krankes Kalb entsteht.

Der Nachweis einer genetischen Abhängigkeit wird oft erschwert durch die relative Seltenheit der Defekte, unvollständige Penetranz, Umweltfaktoren mit ähnlicher Wirkung sowie durch Befürchtungen der Züchter vor Diskriminierung ihrer Zucht.

In Abhängigkeit von der Frequenz des Schadgens ist die Häufigkeit der phänotypisch gesunden Anlageträger in der Population um ein Vielfaches größer als die erkennbaren Merkmalsträger. Die heutige Molekulargenetik erlaubt die Entwicklung von Markertests für die frühzeitige Erkennung von Erbfehlern. Diese Tests ermöglichen eine effiziente Reduktion der Letalgene in den Populationen bei gleichzeitiger züchterischer Nutzung von Anlageträgern.

In der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) ist der aktuelle genomanalytische Wissensstand über genetische Defekte ersichtlich. Für das Rind sind z.Zt. (Stand: 01.09.2009) insgesamt 379 Merkmale aufgeführt, 80 davon als "Single-Locus-traits", von 47 Merkmalen wurde die kausale Mutation bereits auf DNA-Ebene identifiziert.

Die zuständigen Rassedachverbände in der ADR legen eine verbindliche Liste der genetischen Besonderheiten und Erbfehler fest. Das Verfahren der Festlegung von Erbfehlern erfolgt nach wissenschaftlich anerkannten Grundsätzen und wird auf bestimmte Gruppen (wie z.B. Besamungsbullen, deren Bullenmütter, ET-Spendertiere) beschränkt. Die Ergebnisse durchgeführter Untersuchungen auf genetische Besonderheiten und Erbfehler sind nach Vorliegen im Zuchtbuch zu führen und auf der Zuchtbescheinigung anzugeben. Die Entwicklung weiterer Erbfehler wird hinsichtlich ihrer Tierschutzrelevanz und/oder ökonomischen Bedeutung ständig geprüft und entsprechend behandelt.

## 3.2 Bekannte Erbfehler beim Rind

Nachfolgend werden die z.Zt. wirtschaftlich und erbhgienisch wichtigsten Defekte beim Rind beschrieben:

- **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Hierbei handelt es sich um eine Immunschwäche, die durch eine Punktmutation verursacht wird und zum Fehlen bestimmter Glukoproteine auf der Oberfläche von Leukozyten führt, wodurch sie nicht mehr aus dem Blut in Richtung eines Infektionsherdes auswandern können. Die Krankheit äußert sich in auffallender Neigung zu wiederkehrenden bakteriellen Infektionen. Die Kälber sterben oft in den ersten Lebenswochen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Es handelt sich um eine schwere Entwicklungsstörung der Wirbelsäule. Die Kälber werden abortiert, zu früh oder tot geboren. Typische Kennzeichen sind Mißbildungen an den Wirbelkörpern, verkürzte Wirbelsäule, versteifte, nach innen verdrehte Gelenke an allen vier Gliedmaßen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Uridin-Monophosphat, das eine essentielle Komponente der Pyrimidin-Nukleotide darstellt, kann nicht ausreichend synthetisiert werden. Die schwerwiegende Konsequenz ist embryonaler Fröhrtod.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Citrullinämie**

Aufgrund eines Enzymdefektes ist der Harnstoffzyklus gestört. Die Kälber sterben innerhalb von 3-5 Tagen nach der Geburt an Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Die Entwicklung der Knorpel- und Knochenbildung ist gestört. Die in der Regel toten Neugeborenen haben überlange, sehr dünne, leichtbrüchige Röhrenknochen. Die Sehnen der Gliedmaßen sind verkürzt, die Gelenke verkrümmt oder versteift. Außerdem sind häufig Verformungen des Schädels und Verkürzungen des Unterkiefers zu beobachten. Da der Defekt sich schon beim Fötus entwickelt, sind bereits bei der Geburt des Kalbes Knochenbrüche zu erwarten und dadurch Verletzungen der Geburtswege beim Muttertier möglich.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh

- **Syndactylie (Mulefoot)**

Die beiden Hauptzehen der betroffenen (eine oder mehrere) Gliedmaßen sind teilweise bis komplett verschmolzen, wobei meistens nur ein Hornschuh ausgebildet ist. Diese kegelförmig zugespitzten Hufe zwingen die Tiere zum Auftreten auf kleinsten Flächen, zu schwankender Haltung und bevorzugtem Liegen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh, Braunvieh

- **Chondrodysplasie (Bulldog)**

Hierbei handelt es sich um eine Punktmutation, die zu einer Störung der Knorpelbildung führt. Die Knochenwachstumszone wird verfröhrt verknöchert, was zur Einschränkung des Längenwachstums vor

allem der Extremitäten führt. Die Tiere fallen durch ihren unförmigen Körperbau mit kurzem Kopf und stummelartigen Gliedmaßen auf und zählen zu dem Komplex disproportionierten Zwergenwuchses.

Betroffene Rasse: Dexter

- **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Es handelt sich um eine neurogene Atrophie und Schwäche der Skelettmuskulatur, besonders der Extremitäten, hervorgerufen durch Degeneration und Schwund der Motoneuronen im Rückenmark. In der Regel zeigen sich erst im Alter von 3 bis 5 Wochen Lähmungserscheinungen. Als häufigste Komplikation tritt eine sekundäre meist therapieresistente Pneumonie auf, so dass die Kälber selten älter als zwei Monate werden.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **SDM (Spinale Dysmyelinisierung)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nerverzellgebieten gekennzeichnet ist. Die davon betroffenen Kälber liegen ab Geburt häufig in Seitenlage mit gestreckten Beinen fest. Den Kopf halten sie meist nach oben hinten ("Mondguckerhaltung"). Da die betroffenen Kälber auf keine Behandlung ansprechen, gehen sie in der Regel in den ersten Lebenswochen ein oder werden eingeschläfert.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems. Erste Krankheitszeichen treten im Alter von 5 bis 8 Monaten auf. Die betroffenen Kälber zeigen Schwächen in den Hinterbeinen und einen schwankenden, ungleichmäßigen Gang. Stärker werdende Koordinationsstörungen führen zum Festliegen und Tod durch Pansenlähmung mit 1 bis 3 Jahren.

Betroffene Rasse: Braunvieh

Genetisches Monitoring der Rasse  
'Deutsches Shorthorn'  
Teil II  
(statistische Auswertungen)

vit Verden

05.07.2010

**Inhaltsverzeichnis**

<b>1</b>	<b>Übersicht Datengrundlage</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Pedigreevollständigkeit</b>	<b>6</b>
<b>3</b>	<b>Genanteile</b>	<b>10</b>
<b>4</b>	<b>Generationsintervall</b>	<b>13</b>
<b>5</b>	<b>Inzucht und effektive Populationsgröße</b>	<b>13</b>
<b>6</b>	<b>Bewertung der Ergebnisse</b>	<b>17</b>

**Abbildungsverzeichnis**

1	Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index . . . . .	9
2	Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI > 0.70 auf Geburtsjahrgang . . . . .	15
3	Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen . . . . .	16

---

---

## Tabellenverzeichnis

1	Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht . . . . .	4
2	Verteilung der Tiere auf Regionen . . . . .	5
3	Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge . . . . .	5
4	Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population . . . . .	7
5	Mittlere Genanteile der Bullen in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	11
6	Mittlere Genanteile der Kühe in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	12
7	Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden . . . . .	13

## 1 Übersicht Datengrundlage

Für das Monitoring der genetischen Variabilität des Deutschen Shorthorns (DSH, Rassecode=44) wurden zunächst alle seit 1990 registrierten Geburten bzw. Tiere seit Geburtsjahr 1990 bereitgestellt. In Tabelle 1 sind alle geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In den letzten 10 Jahren wurden ca. 200 bis 300 Kälber pro Jahr registriert.

In Tabelle 2 ist eine regionale Verteilung der Geburten über die Bundesländer gegeben. Die Rasse wird vor allem in Schleswig-Holstein und in geringem Umfang in Niedersachsen und Mecklenburg-Vorpommern gehalten.

In Tabelle 3 ist aufgelistet, welche Tiere der Monitoringausgangspopulation Eltern geworden sind und welche Eltern wiederum heute noch leben. Die letzten 2 Spalten sind unter dem Vorbehalt zu betrachten, dass in den Ursprungsdateien alle Abgangsdaten vollständig verzeichnet sind.

Die Ausgangsbasis für das Genetische Monitoring bilden alle lebenden Eltern seit 2001 (aktuelles Jahr - 9). Diese Tiere sind als jüngste Elterngeneration (1) bzw. aktuelle Zuchtpopulation zu sehen und sollten selbst noch nicht als Großeltern im Datenmaterial erscheinen.

Jahrgang	männlich	weiblich
1990	1	13
1991	0	17
1992	4	30
1993	5	39
1994	10	74
1995	11	43
1996	85	71
1997	108	106
1998	108	103
1999	116	109
2000	133	110
2001	125	136
2002	162	112
2003	152	152
2004	141	132
2005	136	124
2006	133	138
2007	128	122
2008	110	101
2009	55	63
2010	0	0

Tabelle 1: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

Region	Anz.Tiere
Schleswig-Holstein	2.904
Hamburg	2
Niedersachsen	387
Nordrhein-Westfalen	1
Hessen	49
Baden Württemberg	33
Bayern	1
Mecklenburg-Vorpommern	112
NBL, <sup>1</sup> nicht zuzuordnen	29

<sup>1</sup> Neue Bundesländer

Tabelle 2: Verteilung der Tiere auf Regionen

Jahrgang	Alle		Eltern		noch lebende Eltern	
	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe
2001	125	136	11	73	1	34
2002	162	112	23	45	6	22
2003	152	152	13	77	3	40
2004	141	132	15	62	5	41
2005	136	124	14	62	2	43
2006	133	138	9	40	5	32
gesamt	849	794	85	359	22	212

Tabelle 3: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge



## 2 Pedigreevollständigkeit

Für die in Tabelle 3/Spalten 6 und 7 (noch lebende Eltern) genannte Ausgangselterngeneration wurden alle Ahnen bis 1950 zurück, sofern bekannt und plausibel, aus den Abstammungsdateien des **vit** herausgesucht. Die Pedigrees enden, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt.

Für eine korrekte Berechnung und Darstellung des Inzuchtzuwachses und der daraus abgeleiteten effektiven Populationsgröße sind Mindestanforderungen bezüglich Vollständigkeit und Tiefe der Pedigreeinformationen zu setzen. Um diesen Informationsgehalt zu quantifizieren, wird für jedes Tier der sogenannte Pedigree Completeness Index (PCI) berechnet (MacCluer 1983). Der PCI ist eine Relativzahl, die in Abhängigkeit zur geforderten Pedigreetiefe (Anzahl Ahnengenerationen) zu sehen ist. D.h., bei 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier den  $PCI=1$ , wenn alle 32 Ahnen bekannt sind.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1960 in Tabelle 4 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf eine Pedigreetiefe von 4 Ahnengenerationen. Für die Monitoringausgangspopulation (C) erreichen nur noch 9 männliche und 97 weibliche Tiere den geforderten  $PCI > 0,70$ . Offensichtlich werden die häufig auf englische Shorthorns zurücklaufenden Pedigrees nicht ausreichend mit der Abstammungsinformation des Herkunftslandes ergänzt.

In Abbildung 1 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 4 nochmal graphisch dargestellt. Je aktueller die Geburtsjahrgänge desto höher sind die mittleren PCI der Tiere. Dieses Ergebnis ergibt sich automatisch aus den verfügbaren Pedigreeinformationen.

Auf Grund der geringen Ausgangspopulation sind die Ergebnisse über die Jahre sehr instabil und entsprechend zu bewerten. Dies gilt für alle weiteren Auswertungen in gleichem Maße.

Tabelle 4: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1967	0	0.00	1	0.00
1969	0	0.00	1	0.00
1970	0	0.00	3	0.00
1971	0	0.00	1	0.00
1972	0	0.00	1	0.00
1973	0	0.00	3	0.00
1974	0	0.00	1	0.00
1975	0	0.00	2	0.00
1976	0	0.00	3	0.00
1977	1	0.00	3	0.00
1978	1	0.00	4	0.00
1979	1	0.00	4	0.00
1980	0	0.00	4	0.00
1981	1	0.25	0	0.00
1982	1	0.00	4	0.22
1983	2	0.00	2	0.31
1984	2	0.15	5	0.19
1985	3	0.17	6	0.10
1986	0	0.00	4	0.33
1987	4	0.00	4	0.08
1988	1	0.35	11	0.18
1989	1	0.00	6	0.32
1990	3	0.22	13	0.18
1991	4	0.17	8	0.25
1992	3	0.12	14	0.20
1993	2	0.36	16	0.24
1994	8	0.19	25	0.19
1995	8	0.22	9	0.25
1996	3	0.46	14	0.33
1997	12	0.35	16	0.40
1998	6	0.34	14	0.40
1999	11	0.40	20	0.59
2000	10	0.56	12	0.60
2001	6	0.58	14	0.66
2002	9	0.67	12	0.71
2003	6	0.67	21	0.72
2004	3	0.72	21	0.78
2005	0	0.00	24	0.82

Weiter auf nächster Seite

---

---

## 2 PEDIGREEVOLLSTÄNDIGKEIT

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2006	5	0.78	22	0.85

Anzahl Tiere in Monitoring-Ausgangspopulation : 106

Grenzwert für PC-Index : 0.70

Bei Pedigreetiefe von : 4 Gen.

Erfüllt bei männl. Tieren : 9

Erfüllt bei weibl. Tieren : 97

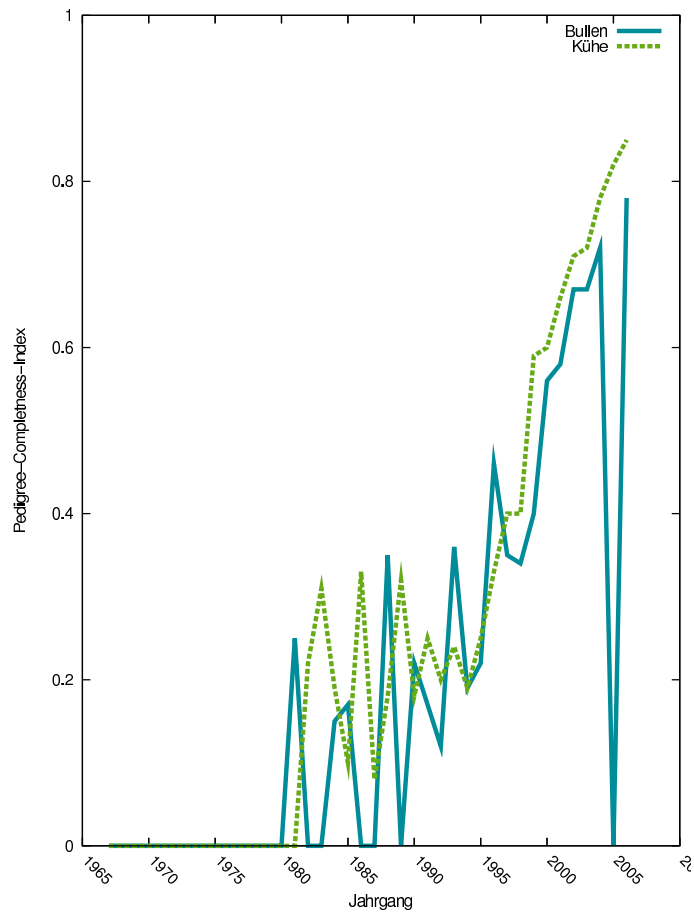


Abbildung 1: Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index

### 3 Genanteile

Für die Berechnung der Herkunftsgenanteile in den Tabellen 5 (Väter) und 6 (Mütter) wurden für alle Fleischrinderrassen einheitlich die in den Spaltenköpfen genannten Rassen/Herkünfte definiert. Die Angaben beziehen sich auf die definierten Geburtsjahre der Ausgangsmonitoringpopulation (C). In Spalte 3 ist der mittlere Inzuchtgrad in den Jahrgängen ausgewiesen. In den folgenden Spalten die Herkunftsgenanteile in Prozent, die sich innerhalb Zeile zu 100 aufaddieren.

Aus dem Ergebnis ist eindeutig abzuleiten, dass in der Herdbuchführung nur reinrassige Tiere geführt werden. Auch bei den Ahnen tritt daher kein fremdrassiges Tier auf. Das Ergebnis ist unter diesem Aspekt zu bewerten und kann mit den entsprechenden Ergebnissen anderer Rassen nicht verglichen werden.





## 4 Generationsintervall

In einer weiteren Analyse werden die Generationsintervalle in den vier Selektionspfaden Bullenväter, Bullenmütter, Kuhväter und Kuhmütter ermittelt. Das Generationsintervall ergibt sich aus dem mittleren Alter der Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die in Tabelle 7 angegebenen Werte beziehen sich wiederum auf das mittlere Alter (in Jahren) der Eltern der Ausgangsgeneration der Monitoringpopulation (C). Das mittlere Generationsintervall ist als ungewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße benötigt, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich direkt mit der effektiven Populationsgröße zusammenhängt.

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Bullenväter	9	4.80
Bullenmütter	9	5.67
Kuhväter	97	3.78
Kuhmütter	97	4.66

Tabelle 7: Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade 4.73

## 5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres drückt die mittlere Wahrscheinlichkeit herkunftsgleicher Allele an einem Genort aus. Er ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene und damit auch von Erbfehlern.

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoringpopulation (C) einbezogen, die einen PCI > 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen. Damit ist gewährleistet, dass bei allen Tieren aufgrund der verfügbaren Pedigreeinformation auf Vater- und Mutterseite eine vergleichbare Chance besteht, Inzucht überhaupt zu berechnen - sofern tatsächlich vorhanden.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 2 ist die Verteilung aller Tiere und Ahnen in der gesamten Monitoringpopulation (helle Balken) sowie der Tiere mit PCI > 0,70 (dunkle Balken, Monitoringpopulation (C)) ersichtlich. Die effektive Populationsgröße wird danach nur noch an ca. einem Drittel der Ausgangstiere berechnet. Damit ist die erforderliche Stichprobengröße für eine Berechnung der effektiven Populationsgröße nicht mehr gegeben.

Die effektive Populationsgröße ist nach der von Wooliams beschriebenen Methode als Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet.

In der DSH-Population resultiert unter den oben angegebenen Vorbehalten eine zu hoch eingeschätzte effektive Populationsgröße von 91 Tieren. bei 106 Tieren in der Ausgangsgeneration der Monitoringpopulation (C) ist dieser Wert nicht realistisch.



Die berechnete Anzahl effektiver Foundertiere mit  $f_e = 31$  und die Anzahl effektiver Ahnen mit  $f_a = 24$  scheint der Realität besser zu entsprechen.

Einflussreichster Ahne und zugleich Founder ist der englische Bulle ARGONAUT (000007307301220), geb. 1987, Genanteil: 11,4 %

Andere einflußreiche Ahnen sind ebenfalls ausländische Bullen aus Großbritannien oder Dänemark.

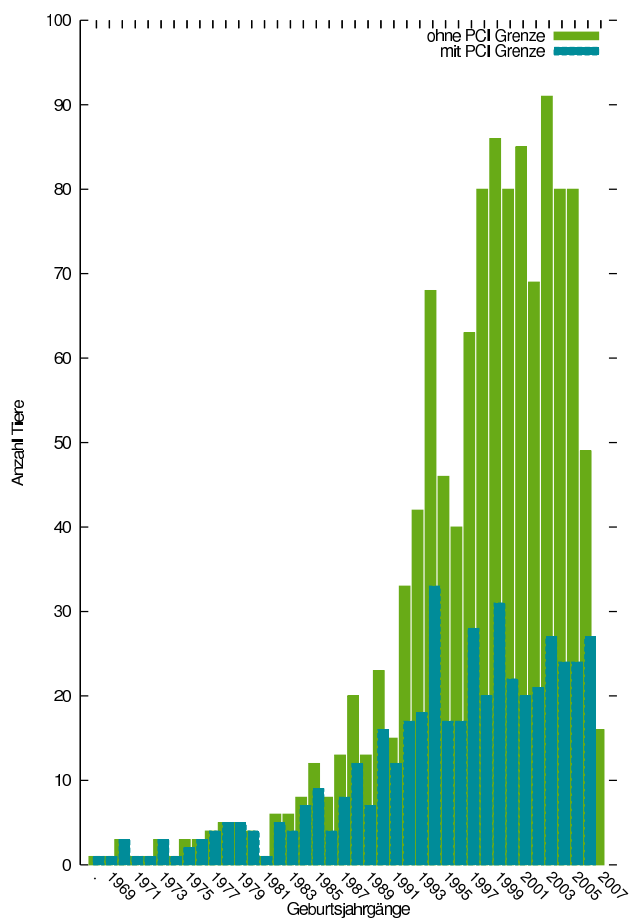


Abbildung 2: Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI > 0.70 auf Geburtsjahrgang

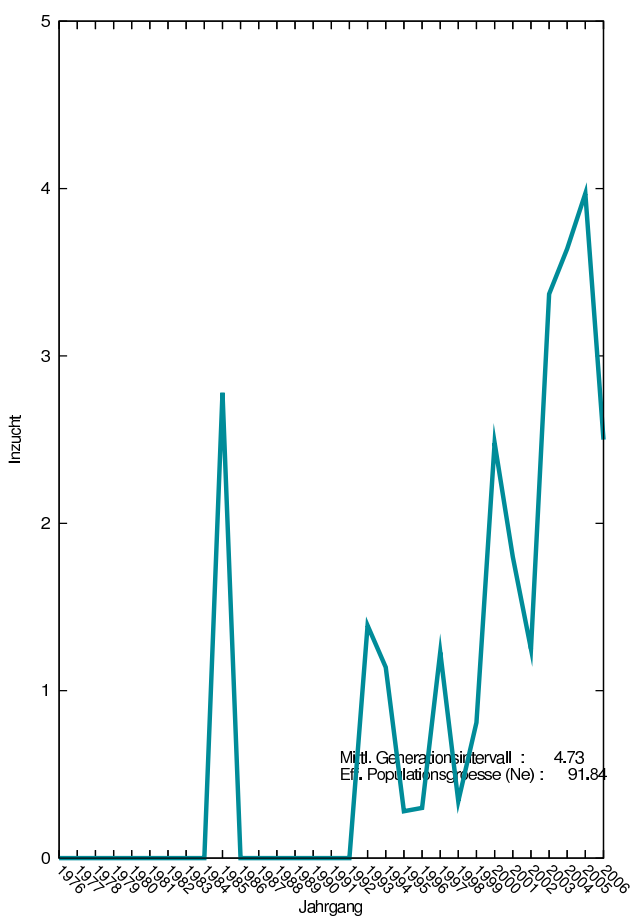


Abbildung 3: Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen

## 6 Bewertung der Ergebnisse

Die Fleischrasse "Deutsches Shorthorn" wird in erster Linie in Schleswig-Holstein mit ca. 230 aktiven Zuchttieren gehalten. Insgesamt ist nur sehr wenig Pedigreeinformation verfügbar, da nur reine Pedigrees in der Herdbuchführung registriert werden. Die effektive Populationsgröße konnte daher auch nur mit einer geringen Pedigreetiefe (4 Generationen) mit  $N_e I = 92$  geschätzt werden. Diese dürfte überschätzt sein, bei der Berechnung über effektive Basistiere bzw. effektive Ahnen resultieren lediglich Werte von 31 bzw. 24. Die verfügbare Datengrundlage für ein aussagefähiges genetisches Monitoring wird nicht erreicht. Ein genetisches Monitoring in Deutschland ist auch unter dem Gesichtspunkt zu hinterfragen, dass der Ursprung der Rasse und die größte züchterisch bearbeitete Population im Ausland ist.

# MONITORING TIERGENETISCHER RESSOURCEN

## Teil I

-Doppelnutzung Rotbunt (RDN)-



herausgegeben von  
Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung e.V.

## **Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

## **Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V.

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft - Institut für Tierzucht

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

## **Berichtsautor**

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

Adresse: Heideweg 1  
27281 Verden

Internet: [www.vit.de](http://www.vit.de)

e-mail: [info@vit.de](mailto:info@vit.de)

Telefon: 04231-955-10

Fax: 04231-955-166

Ansprechpartner: Friedrich Reinhardt  
Doris Vogel



# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Allgemeine Informationen</b>	<b>4</b>
1.1	Rasseschlüssel . . . . .	4
1.2	Anerkannte Züchtervereinigungen . . . . .	4
1.3	Sonstige Verbände . . . . .	5
1.4	Hauptzuchtgebiet . . . . .	6
<b>2</b>	<b>Rassebeschreibung</b>	<b>7</b>
2.1	Zuchtziel . . . . .	7
2.2	Herkunft und Zuchtgeschichte . . . . .	9
2.2.1	Entstehung . . . . .	9
2.2.2	Entwicklung . . . . .	9
2.3	Zuchtprogramm . . . . .	10
2.4	Heutiger Stand . . . . .	11
2.5	Leistungen . . . . .	12
<b>3</b>	<b>Erbfehler</b>	<b>13</b>
3.1	Erbfehlerproblematik . . . . .	13
3.2	Bekannte Erbfehler beim Rind . . . . .	14

# Tabellenverzeichnis

1	Verteilung der Tiere in MLP-Betrieben . . . . .	6
2	Maße und Gewichte . . . . .	7
3	Ergebnisse der MLP- und HB-Kühe 2008 . . . . .	12
4	Leistungsentwicklung der Kühe in MLP-Betrieben . . . . .	12

# 1 Allgemeine Informationen

## 1.1 Rasseschlüssel

TGRDEU - 81  
ADR - 09

## 1.2 Anerkannte Züchtervereinigungen

### Rinderzucht Schleswig-Holstein e.G. (RSH)



Adresse: Rendsburger Strasse 178  
24537 Neumünster  
Internet: [www.rsheg.de](http://www.rsheg.de)  
e-mail: [rsheg@rsheg.de](mailto:rsheg@rsheg.de)  
Telefon: 04321-905300  
Fax: 04321-905395

### Zucht- und Besamungsunion Hessen e.G. (ZBH)



Adresse: An der Hessenhalle 1  
36304 Alsfeld  
Internet: [www.zbh.de](http://www.zbh.de)  
e-mail: [kontakt@zbh.de](mailto:kontakt@zbh.de)  
Telefon: 06631-784-10  
Fax: 06631-784-48



## 1.3 Sonstige Verbände

### Verein zur Erhaltung und Förderung des alten Rotbunten Niederungsrides

Adresse: Bernhard Westermeier  
Wiley 14  
33154 Scharmede  
Telefon: 05258-6257

## 1.4 Hauptzuchtgebiet

Das Hauptzuchtgebiet der Rasse Doppelnutzung Rotbunt liegt in den Bundesländern:

- Schleswig-Holstein
- Hessen.

Abb. 1: Bestandsentwicklung der HB- und MLP-Kühe im Zeitraum 1998 bis 2008  
(Quelle: ADR-Jahresberichte)

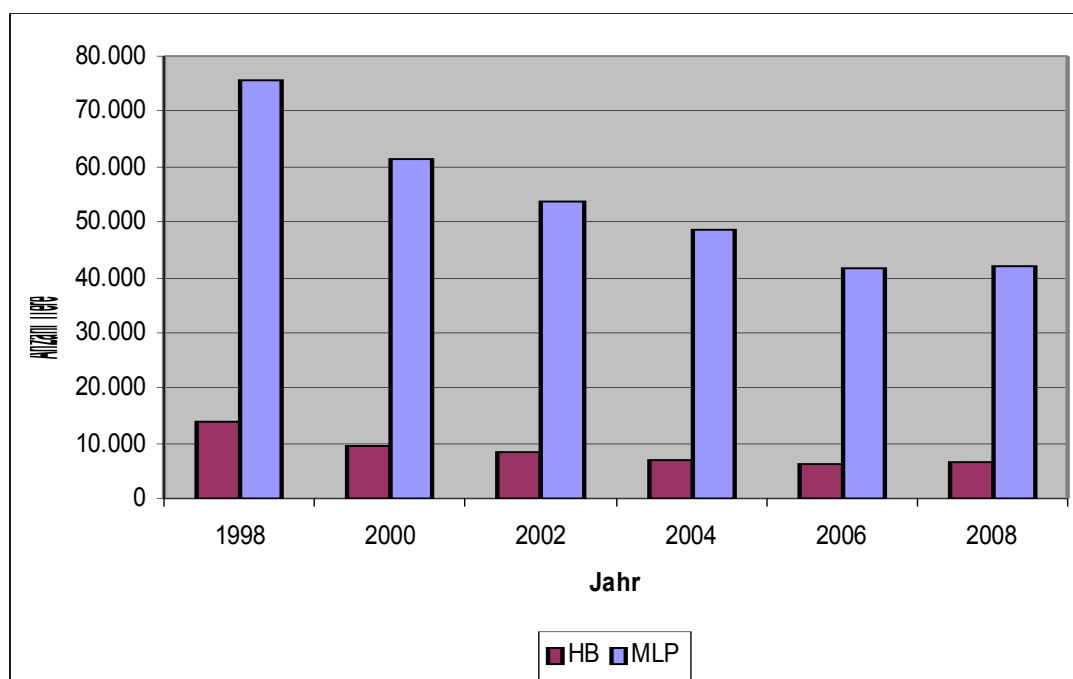


Tabelle 1: Verteilung der Tiere in MLP-Betrieben  
(MLP-Ergebnisse aus dem vit-Jahresbericht 2009)

Anzahl	1 - 5	6 - 10	11 - 20	21 - 40	41 - 100	Summe
Betriebe	248	23	13	10	7	301
Tiere	377	177	205	271	427	1457

## 2 Rassebeschreibung

### 2.1 Zuchtziel

Angestrebt wird ein wüchsiges, gut bemuskeltes, widerstandsfähiges und fruchtbares Zweinutzungsrind mit guten Tiefen- und Breitenmaßen, welches auf vorwiegend wirtschaftseigener Futtergrundlage auch unter weniger günstigen Umweltverhältnissen zu hoher Milch- und Fleischleistung befähigt ist. Ziel ist ein genetisches Leistungspotenzial von über

*7.000 kg Milch mit einem Fettgehalt von 4,0 % und einem Proteingehalt von 3,5 %.*

In der Fleischleistung wird ein Schlachtkörper, der sich auch bei hohen Mastendgewichten durch höchste Schlachtausbeute, hinreichende Fettabdeckung des Schlachtkörpers und vorzügliche Fleischqualität auszeichnet, angestrebt.

Eine im Zuchtziel geringere Milchleistung soll durch eine höhere Fleischleistung kompensiert werden. Körperbau und Bewegungsmechanik einschließlich eines korrekten und widerstandsfähigen Fundamentes müssen den hohen Leistungsanforderungen entsprechen. Verlangt wird außerdem ein gut melkbares Euter, das in Qualität und Funktionsfähigkeit hohe Tagesleistungen über viele Laktationen ermöglicht.

**Tabelle 2:** Maße und Gewichte

Maße und Gewichte	Bullen	Kühe
Widerristhöhe, cm	137 - 143	130 - 140
Gewicht, kg	1000	650 - 700
tägl. Zunahme, g (Jährlingswiegun)	1300	-

Körperbau: gut bemuskelt  
gute Tiefen- und Breitenmaße  
korrektes Fundament  
gut melkbares Euter

Farbe: rot-weiß, wobei das Rot nach Möglichkeit überwiegen soll  
Gliedermaßen, Bauch und Euter in der Regel weiß  
Kopf und Hals meist rot  
häufig weißes Abzeichen auf der Stirn

Eigenschaften: fruchtbar  
widerstandsfähig  
gute Anpassungsfähigkeit  
gute Grundfutterverwertung  
hervorragende Fleischbeschaffenheit  
gute Mastfähigkeit

## 2.2 Herkunft und Zuchtgeschichte

### 2.2.1 Entstehung

Die Rotbunten stammen aus dem norddeutschen Raum und sind verwandt mit dem Schwarzbunten Niederungsrind, mit dem sich auch die Ursprungszuchtgebiete überschneiden. Die Hauptzuchtgebiete lagen in Schleswig-Holstein, Süddoldenburg und im Münsterland.

In den meisten Zuchtorganisationen wurden schwarzbunte und rotbunte Tiere zunächst im gleichen Zuchtbuch geführt und das Zuchtziel für beide Farbrichtungen war identisch. In der späteren Zeit erfolgte dann die Gründung von Zuchtverbänden, die nur für Schwarzbunte oder Rotbunte zuständig waren. Durch Einkreuzung anderer Rassen wurden sehr verschiedene Schläge gezüchtet, bis man sich in den 30er Jahren des 20. Jahrhunderts in allen Zuchtgebieten auf eine Zuchtrichtung einigte.

Im Gegensatz zu den Schwarzbunten wurde die Zucht gleichwertig auf Milch- und Fleischleistung gelegt.

### 2.2.2 Entwicklung

Da nach dem 2. Weltkrieg die Wirtschaft florierte und sich damit die Lebensgewohnheiten der Menschen änderten, wurde nun die Nachfrage nach mehr Milch mit höheren Inhaltsstoffen (Fett, Eiweiß) größer. Nach verschiedenen Zuchtversuchen mit Dänischen Jerseys und British Friesian wurden 1968 150 weibliche und 5 männliche HF-Rinder aus Kanada importiert.

Bei den Rotbunten wurde allerdings vorerst auf einen Einsatz neuer Rassen verzichtet, da die Nachkommen der Holstein Friesian-Rinder schmalwüchsiger waren und an Muskulatur verloren hatten und somit dem Zweinutzungsziel der Rotbuntzüchter entgegenstanden.

Erst ab Mitte der 80er und insbesondere in den 90er Jahren des 20. Jahrhunderts wurde mit der Hereinnahme von Holsteinblut in die Rotbuntzucht die Leistungsentwicklung deutlich in Richtung Milchmenge verstärkt.

Um die Anforderung an die Rotbunten für die Weidemast bzw. die Markenfleischprogramme erfüllen zu können, wurde die Zuchtrichtung Doppelnutzung eingerichtet. Was gleichzeitig den entscheidenden Vorteil bietet, dass eine weitgehende Spezialisierung sowohl auf Milch- als auch auf Fleischproduktion möglich ist und somit das Marktrisiko auf zwei voneinander unabhängige Produktlinien verteilt wird.

## 2.3 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm der Rasse Doppelnutzung Rotbunt ist auf die Umsetzung des Zuchtziels ausgerichtet. Als Zuchtmethode wird in der Regel Reinzucht betrieben. Bei der vorgegebenen Variation innerhalb der Rasse sollen für die Leistung und Exterieur wirtschaftlich wichtige Merkmale durch entsprechende Selektion der Elterntiere sinnvoll kombiniert werden.

Die Einkreuzung mit Tieren anderer Rassen zum Zwecke der Verbesserung bestimmter Eigenschaften bleiben als flankierende Maßnahme des Zuchtprogramms auf den Einzelfall beschränkt und bedürfen der Zustimmung des Vorstandes.

Für die Selektion der Bullenmütter gelten folgende Anforderungen:

- Eintragung im Zuchtbuch, Herdbuch - Hauptabteilung A
- Milchleistungsergebnis und Zuchtwert müssen vorliegen
- Eine Herdbuchkuhbewertung muß vorliegen.

In Herdbuchbetrieben dürfen nur Bullen eingesetzt werden, die gekört und in das Zuchtbuch, Herdbuch - Hauptabteilung A, der RSH aufgenommen wurden.

Für die Körung und Aufnahme in das Zuchtbuch gelten folgende Anforderungen:

- Der Bulle muß zum Zeitpunkt der Körung mindestens 12 Monate alt sein
- Der Vater und beide Großväter müssen im Zuchtbuch (Herdbuch - Hauptabteilung A) oder in der gleichen Abteilung einer anderen anerkannten Züchtervereinigung dieser Rasse eingetragen sein
- Die Mutter muß den Anforderungen einer Bullenmutter entsprechen
- Der Bulle selbst den Rassemerkmalen in Typ und Form entsprechen und bei der Einstufung die Mindestnote 4 erreichen. Ausnahmen sind für Bullen aus dem Ausland und für Bullen, deren Eltern im Ausland stehen, mit Zustimmung der Zuchtleitung möglich.

(Quelle: Satzung der Rinderzucht Schleswig-Holstein eG)

Lt. Geschäftsbericht (2007/2008) der RSH werden im Zeitraum 2008/2009 voraussichtlich 6 Bullen getestet. Derzeit sind Anpaarungen von ca. 8 Bullen aus dem RSH-Gebiet und den Niederlanden mit Bullenmüttern geplant.

## 2.4 Heutiger Stand

Aufgrund des zunehmenden Red Holstein-Einflusses in der deutschen Rotbunt-Population wurde 1992 die Zucht- und Herdbuchführung in zwei getrennte Abteilungen eingeführt. Zur Zuchtrichtung "Doppelnutzung" gehören alle Rotbunttiere bis 25 % Red-Holstein-Blutanteil. Dieser Schritt war notwendig für die züchterische Erhaltung und Bearbeitung der rassetypischen Doppelnutzungseigenschaften, wie die traditionell gute Mast- und Anpassungsfähigkeit der Rotbunten.

Heute werden sie teilweise als Mutterkühe gehalten, wo sie sich zwar bestens bewähren, aber die Zucht dann automatisch auf ein fleischbetontes Rind selektiert und die ehemals gute Melkbarkeit verloren gehen könnte.

## 2.5 Leistungen

**Tabelle 3:** Ergebnisse der MLP- und HB-Kühe 2008  
(Quelle: ADR-Jahresbericht)

Leistung		Anzahl Kühe	Milch kg	Fett %	Fett kg	Eiweiß %	Eiweiß kg
MLP	305-TL 1.LA	10.947	6.140	4,24	260	3,44	211
	305-TL aller Kühe	35.275	6.836	4,22	289	3,44	235
	Durchschnittsl. aller Kühe	42.189	6.848	4,27	292	3,45	236
HB	305-TL 1.LA	1.571	6.410	4,23	271	3,47	223
	305-TL aller Kühe	4.988	7.220	4,24	306	3,47	250
	Durchschnittsl. aller Kühe	6.414	7.308	4,29	313	3,49	255

**Tabelle 4:** Leistungsentwicklung der Kühe in MLP-Betrieben  
(Angaben aus der Verarbeitung der MLP-Ergebnisse 2003 - 2008 beim vit)

Jahr	Anzahl Kühe	Milch kg	Fett %	Fett kg	Eiweiß %	Eiweiß kg	Alter Jahre	ZKZ Tage
2003	695	6.047	4,20	254	3,44	208	5,0	380
2004	877	6.149	4,21	259	3,46	213	4,9	377
2005	964	6.299	4,24	267	3,46	218	5,0	391
2006	1.341	6.071	4,28	260	3,44	209	5,6	409
2007	1.279	6.222	4,26	265	3,44	214	5,4	397
2008	1.325	6.246	4,29	268	3,46	216	5,2	400



## 3 Erbfehler

### 3.1 Erbfehlerproblematik

Erbfehler und Mißbildungen sind Abweichungen von der Norm in Körperbau, Körperfunktion und Verhalten mit nachteiliger Wirkung für das betroffene Tier oder die Population (Rasse).

Sie führen nicht nur zu wirtschaftlichen Schäden, sondern verursachen auch oft Leiden und Schmerzen bei den betroffenen Tieren. Es liegt deshalb schon in der ethischen Verantwortung, Anomalien zu erfassen und wenn möglich durch züchterische Maßnahmen zu vermeiden.

Wirtschaftlich gesehen entstehen direkte Kosten durch die Schädigungen am Tier selbst, aber auch durch Beschränkungen in den züchterischen Maßnahmen und vermindertem Zuchtfortschritt. Nicht zu unterschätzen sind auch eventuelle Imageschäden für die Rasse.

Erbfehler sind vor allem solche Defekte, denen ein monogener oder digener Erbgang oder eine Chromosomenanomalie zugrunde liegen. Soweit Erbfehler durch ein dominantes Gen verursacht werden, sind Anlageträger zugleich Merkmalsträger. Dies vereinfacht die Selektion gegen solche Merkmale, so dass im Allgemeinen keine besonderen diagnostischen, jedoch züchterische Maßnahmen erforderlich sind. Rezessive Schadgene dagegen führen nur in homozygotem Zustand, bei zwei beteiligten Genorten erst bei deren Kombination zur Manifestation des Erbfehlers und damit zum Auftreten erkennbarer Merkmalsträger.

Erbkrankheiten gewinnen besonders seit dem vermehrten Einsatz der künstlichen Besamung immer mehr an Bedeutung. So kann ein KB-Bulle mit hervorragenden Leistungsallelen, der aber ein Erbfehlerträger ist, seinen Erbfehler in einen großen Teil der Population verbreiten. Er kann erst als Erbfehlerträger erkannt werden, wenn er an einen weiteren Anlagenträger angepaart wird und aus dieser Paarung ein krankes Kalb entsteht.

Der Nachweis einer genetischen Abhängigkeit wird oft erschwert durch die relative Seltenheit der Defekte, unvollständige Penetranz, Umweltfaktoren mit ähnlicher Wirkung sowie durch Befürchtungen der Züchter vor Diskriminierung ihrer Zucht.

In Abhängigkeit von der Frequenz des Schadgens ist die Häufigkeit der phänotypisch gesunden Anlageträger in der Population um ein Vielfaches größer als die erkennbaren Merkmalsträger. Die heutige Molekulargenetik erlaubt die Entwicklung von Markertests für die frühzeitige Erkennung von Erbfehlern. Diese Tests ermöglichen eine effiziente Reduktion der Letalgene in den Populationen bei gleichzeitiger züchterischer Nutzung von Anlageträgern.

In der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) ist der aktuelle genomanalytische Wissensstand über genetische Defekte ersichtlich. Für das Rind sind z.Zt. (Stand: 01.09.2009) insgesamt 379 Merkmale aufgeführt, 80 davon als "Single-Locus-traits", von 47 Merkmalen wurde die kausale Mutation bereits auf DNA-Ebene identifiziert.

Die zuständigen Rassdachverbände in der ADR legen eine verbindliche Liste der genetischen Besonderheiten und Erbfehler fest. Das Verfahren der Festlegung von Erbfehlern erfolgt nach wissenschaftlich anerkannten Grundsätzen und wird auf bestimmte Gruppen (wie z.B. Besamungsbullen, deren Bullenmütter, ET-Spendertiere) beschränkt. Die Ergebnisse durchgeführter Untersuchungen auf genetische Besonderheiten und Erbfehler sind nach Vorliegen im Zuchtbuch zu führen und auf der Zuchtbescheinigung anzugeben. Die Entwicklung weiterer Erbfehler wird hinsichtlich ihrer Tierschutzrelevanz und/oder ökonomischen Bedeutung ständig geprüft und entsprechend behandelt.

## 3.2 Bekannte Erbfehler beim Rind

Nachfolgend werden die z.Zt. wirtschaftlich und erbhgienisch wichtigsten Defekte beim Rind beschrieben:

- **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Hierbei handelt es sich um eine Immunschwäche, die durch eine Punktmutation verursacht wird und zum Fehlen bestimmter Glukoproteine auf der Oberfläche von Leukozyten führt, wodurch sie nicht mehr aus dem Blut in Richtung eines Infektionsherdes auswandern können. Die Krankheit äußert sich in auffallender Neigung zu wiederkehrenden bakteriellen Infektionen. Die Kälber sterben oft in den ersten Lebenswochen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Es handelt sich um eine schwere Entwicklungsstörung der Wirbelsäule. Die Kälber werden abortiert, zu früh oder tot geboren. Typische Kennzeichen sind Mißbildungen an den Wirbelkörpern, verkürzte Wirbelsäule, versteifte, nach innen verdrehte Gelenke an allen vier Gliedmaßen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Uridin-Monophosphat, das eine essentielle Komponente der Pyrimidin-Nukleotide darstellt, kann nicht ausreichend synthetisiert werden. Die schwerwiegende Konsequenz ist embryonaler Frühtod.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Citrullinämie**

Aufgrund eines Enzymdefektes ist der Harnstoffzyklus gestört. Die Kälber sterben innerhalb von 3-5 Tagen nach der Geburt an Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Die Entwicklung der Knorpel- und Knochenbildung ist gestört. Die in der Regel toten Neugeborenen haben überlange, sehr dünne, leichtbrüchige Röhrenknochen. Die Sehnen der Gliedmaßen sind verkürzt, die Gelenke verkrümmt oder versteift. Außerdem sind häufig Verformungen des Schädels und Verkürzungen des Unterkiefers zu beobachten. Da der Defekt sich schon beim Fötus entwickelt, sind bereits bei der Geburt des Kalbes Knochenbrüche zu erwarten und dadurch Verletzungen der Geburtswege beim Muttertier möglich.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh

- **Syndactylie (Mulefoot)**

Die beiden Hauptzehen der betroffenen (eine oder mehrere) Gliedmaßen sind teilweise bis komplett verschmolzen, wobei meistens nur ein Hornschuh ausgebildet ist. Diese kegelförmig zugespitzten Hufe zwingen die Tiere zum Auftreten auf kleinsten Flächen, zu schwankender Haltung und bevorzugtem Liegen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh, Braunvieh

- **Chondrodysplasie (Bulldog)**

Hierbei handelt es sich um eine Punktmutation, die zu einer Störung der Knorpelbildung führt. Die Knochenwachstumszone wird verfrüht verknöchert, was zur Einschränkung des Längenwachstums vor

allem der Extremitäten führt. Die Tiere fallen durch ihren unförmigen Körperbau mit kurzem Kopf und stummelartigen Gliedmaßen auf und zählen zu dem Komplex disproportionierten Zwergenwuchses.

Betroffene Rasse: Dexter

- **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Es handelt sich um eine neurogene Atrophie und Schwäche der Skelettmuskulatur, besonders der Extremitäten, hervorgerufen durch Degeneration und Schwund der Motoneuronen im Rückenmark. In der Regel zeigen sich erst im Alter von 3 bis 5 Wochen Lähmungserscheinungen. Als häufigste Komplikation tritt eine sekundäre meist therapieresistente Pneumonie auf, so dass die Kälber selten älter als zwei Monate werden.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **SDM (Spinale Dysmyelinisierung)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nerverzellgebieten gekennzeichnet ist. Die davon betroffenen Kälber liegen ab Geburt häufig in Seitenlage mit gestreckten Beinen fest. Den Kopf halten sie meist nach oben hinten ("Mondguckerhaltung"). Da die betroffenen Kälber auf keine Behandlung ansprechen, gehen sie in der Regel in den ersten Lebenswochen ein oder werden eingeschläfert.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems. Erste Krankheitszeichen treten im Alter von 5 bis 8 Monaten auf. Die betroffenen Kälber zeigen Schwächen in den Hinterbeinen und einen schwankenden, ungleichmäßigen Gang. Stärker werdende Koordinationsstörungen führen zum Festliegen und Tod durch Pansenlähmung mit 1 bis 3 Jahren.

Betroffene Rasse: Braunvieh

Genetisches Monitoring der Rasse  
'Doppelnutzung Rotbunt'  
Teil II  
(statistische Auswertungen)

vit Verden

05.07.2010

**Inhaltsverzeichnis**

<b>1</b>	<b>Übersicht Datengrundlage</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Pedigreevollständigkeit</b>	<b>6</b>
<b>3</b>	<b>Genanteile</b>	<b>10</b>
<b>4</b>	<b>Generationsintervall</b>	<b>13</b>
<b>5</b>	<b>Inzucht und effektive Populationsgröße</b>	<b>13</b>
<b>6</b>	<b>Bewertung der Ergebnisse</b>	<b>17</b>

**Abbildungsverzeichnis**

1	Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index . . . . .	9
2	Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI > 0.70 auf Geburtsjahrgang . . . . .	15
3	Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen . . . . .	16

---

---

## Tabellenverzeichnis

1	Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht . . . . .	4
2	Verteilung der Tiere auf Regionen . . . . .	5
3	Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge . . . . .	5
4	Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population . . . . .	7
5	Mittlere Genanteile der Bullen in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	11
6	Mittlere Genanteile der Kühe in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	12
7	Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden . . . . .	13

## 1 Übersicht Datengrundlage

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Rasse Doppelnutzung Rotbunt (RDN, Rassecode=09) wurden zunächst alle seit 1990 registrierten Geburten bzw. Tiere seit Geburtsjahr 1990 bereitgestellt. In Tabelle 1 sind alle geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. Aus den vollständigen Jahrgängen 2000 bis 2007 ist ersichtlich, dass pro Jahr ca. 50.000 Kälber geboren werden, allerdings mit deutlich abnehmender Tendenz. In den letzten vollständigen Geburtsjahren wurden lediglich noch ca. 40.000 Kälber gemeldet.

In Tabelle 2 ist eine regionale Verteilung der Geburten über die Bundesländer gegeben. Die Rasse wird fast ausschließlich in Schleswig-Holstein gehalten. Dies ist darin begründet, dass die Rassebezeichnung Doppelnutzung Rotbunt erst vor ca. 20 Jahren in Schleswig-Holstein eingeführt und ein eigenes Zuchtprogramm aufgebaut wurde.

Die Rassezugehörigkeit bzw. -abgrenzung zu Rotbunt ist an einem HF-Blutanteil von weniger als 25 % definiert.

In Tabelle 3 ist aufgelistet, welche Tiere der Ausgangspopulation Eltern geworden sind und welche Eltern wiederum heute noch leben. Die letzten 2 Spalten sind unter dem Vorbehalt zu betrachten, dass in den Ursprungsdateien alle Abgangsdaten vollständig verzeichnet sind.

Die Ausgangsbasis für das Genetische Monitoring bilden alle lebenden Eltern seit 2001 (aktuelles Jahr - 9). Diese Tiere sind als jüngste Elterngeneration (1) bzw. aktuelle Zuchtpopulation zu sehen und sollten selbst noch nicht als Großeltern im Datenmaterial erscheinen.

Jahrgang	männlich	weiblich
1990	269	32.910
1991	11.582	33.464
1992	14.026	36.240
1993	13.098	32.266
1994	20.816	31.945
1995	35.231	37.717
1996	38.371	35.878
1997	35.859	34.349
1998	33.771	32.054
1999	33.039	30.132
2000	29.766	27.670
2001	29.022	27.393
2002	28.500	28.352
2003	26.314	26.789
2004	25.157	24.439
2005	23.159	21.746
2006	21.367	20.581
2007	18.254	17.269
2008	6.373	6.043
2009	3.947	3.771
2010	0	0

Tabelle 1: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

Region	Anz.Tiere
Schleswig-Holstein	968.622
Hamburg	293
Niedersachsen	8.442
Bremen	494
Nordrhein-Westfalen	5.904
Hessen	2.259
Rheinland-Pfalz	1.753
Baden Württemberg	715
Bayern	13
Saarland	116
Brandenburg	110
Mecklenburg-Vorpommern	86
Sachsen	1
Sachsen-Anhalt	32
Thüringen	22
NBL, <sup>1</sup> nicht zuzuordnen	68

<sup>1</sup> Neue Bundesländer

Tabelle 2: Verteilung der Tiere auf Regionen

Jahrgang	Alle		Eltern		noch lebende Eltern	
	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe
2001	29.022	27.393	61	13.878	22	1.567
2002	28.500	28.352	56	13.337	15	2.636
2003	26.314	26.789	52	12.228	5	3.638
2004	25.157	24.439	47	10.623	5	4.518
2005	23.159	21.746	37	4.684	2	2.665
2006	21.367	20.581	33	2.128	6	1.576
gesamt	153.519	149.300	286	56.878	55	16.600

Tabelle 3: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge



## 2 Pedigreevollständigkeit

Für die in Tabelle 3/Spalten 6 und 7 (noch lebende Eltern) genannte Ausgangselterngeneration wurden alle Ahnen bis 1950 zurück, sofern bekannt und plausibel, aus den Abstammungsdateien des **vit** herausgesucht. Die Pedigrees enden, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt. Für RDN laufen die Pedigrees aber weiter, wenn ein rotbunter Ahne auftritt. Dies ist unter anderem dadurch begründet, dass in anderen Bundesländern Tiere mit einem HF-Anteil von weniger als 25 % als Rotbunte geführt werden. Die Rassebezeichnung RDN, verknüpft mit HF-Blutanteil < 25 %, wird häufig vergeben, wenn ein Elternteil nicht bekannt ist und der Blutanteil nicht korrekt berechnet werden kann. Diese beiden Punkte sind bei allen nachfolgenden Auswertungen zu berücksichtigen.

Für eine korrekte Berechnung und Darstellung des Inzuchtzuwachses und der daraus abgeleiteten effektiven Populationsgröße sind Mindestanforderungen bezüglich Vollständigkeit und Tiefe der Pedigreeinformationen zu setzen. Um diesen Informationsgehalt zu quantifizieren, wird für jedes Tier der sogenannte Pedigree Completeness Index (PCI) berechnet (MacCluer 1983). Der PCI ist eine Relativzahl, die in Abhängigkeit zur geforderten Pedigreetiefe (Anzahl Ahnengenerationen) zu sehen ist. D.h., bei 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier den PCI=1, wenn alle 32 Ahnen bekannt sind.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1960 in Tabelle 4 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf eine Pedigreetiefe von 4 Ahnengenerationen. Für die Monitoringausgangspopulation (C) erreichen nur noch 38 männliche und 2.357 weibliche Tiere den geforderten PCI > 0,70. Dieser niedrige Anteil ist auf die oben angegebenen Ursachen zurück zu führen.

In Abbildung 1 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 4 nochmal graphisch dargestellt. Je aktueller die Geburtsjahrgänge desto höher sind die mittleren PCI der Tiere. Dieses Ergebnis ergibt sich automatisch aus den verfügbaren Pedigreeinformationen.

Tabelle 4: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1960	25	0.01	64	0.00
1961	30	0.00	85	0.00
1962	40	0.02	147	0.00
1963	38	0.03	139	0.00
1964	48	0.05	154	0.01
1965	65	0.05	203	0.01
1966	58	0.13	213	0.03
1967	73	0.08	209	0.07
1968	71	0.14	250	0.10
1969	82	0.15	273	0.15
1970	66	0.18	265	0.19
1971	99	0.23	244	0.24
1972	86	0.23	261	0.26
1973	98	0.34	302	0.30
1974	92	0.31	291	0.33
1975	93	0.37	339	0.34
1976	76	0.39	321	0.40
1977	76	0.40	320	0.41
1978	76	0.44	342	0.41
1979	79	0.44	364	0.45
1980	80	0.50	392	0.46
1981	71	0.53	342	0.46
1982	89	0.57	351	0.52
1983	79	0.53	364	0.55
1984	69	0.58	367	0.55
1985	65	0.57	316	0.49
1986	74	0.60	399	0.55
1987	83	0.64	383	0.53
1988	79	0.67	359	0.57
1989	78	0.64	416	0.58
1990	113	0.65	401	0.57
1991	76	0.71	422	0.60
1992	75	0.72	384	0.62
1993	84	0.72	413	0.55
1994	88	0.69	426	0.59
1995	50	0.75	427	0.63
1996	66	0.75	411	0.58
1997	55	0.73	412	0.68

Weiter auf nächster Seite

---

---

## 2 PEDIGREEVOLLSTÄNDIGKEIT

---

---

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1998	53	0.79	434	0.66
1999	67	0.80	402	0.66
2000	48	0.76	390	0.66
2001	56	0.85	465	0.80
2002	46	0.85	488	0.84
2003	36	0.85	520	0.87
2004	24	0.82	510	0.90
2005	2	0.99	516	0.93
2006	6	0.99	476	0.93

Anzahl Tiere in Monitoring-Ausgangspopulation : 2.395

Grenzwert für PC-Index : 0.70

Bei Pedigreetiefe von : 4 Gen.

Erfüllt bei männl. Tieren : 38

Erfüllt bei weibl. Tieren : 2.357

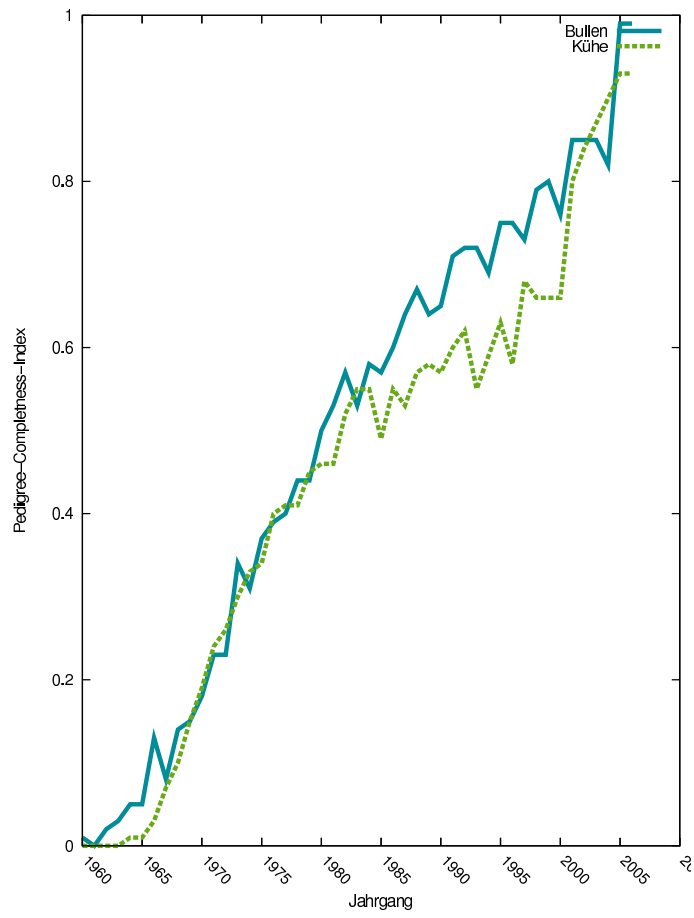


Abbildung 1: Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index

### 3 Genanteile

Für die Berechnung der Herkunftsgenanteile in den Tabellen 5 (Väter) und 6 (Mütter) wurden für alle Milchrinderrassen einheitlich die in den Spaltenköpfen genannten Rassen/Herkünfte definiert. Die Angaben beziehen sich auf die definierten Geburtsjahre der Ausgangsmonitoringpopulation (C). In Spalte 3 ist der mittlere Inzuchtgrad in den Jahrgängen ausgewiesen. In den folgenden Spalten die Herkunftsgenanteile in Prozent, die sich innerhalb Zeile zu 100 aufaddieren.

Aus den Genanteilen der Herkunftsrassen geht hervor, dass Doppelnutzung Rotbunt sehr stark durch HF-Rotbunt und indirekt sogar durch HF-Schwarzbunt beeinflusst ist. Dies ist letztendlich durch die Rassedefinition HF-Blutanteil < 25 % bedingt. Dadurch ist ein kontinuierlicher Zustrom von HF-Genen nicht ausgeschlossen. In dem hohen Anteil HF-Rotbunt-Europa kommt der Genzufluß der MRY-Population aus den Niederlanden zum Ausdruck. Mit dieser Zuchtpopulation besteht eine systematische Kooperation zur Selektion zukünftiger Vätertiere.

Jahrgang	Anzahl Tiere	Inzuchtgrad	Genanteile der Rassen in Prozent															
			Holstein/Schwarzbunt, Europa	Holstein/Rotbunt, Europa	Jersey	Braunvieh/Brown Swiss	Rotvieh/Angler (5/6)	Rotes Hoehenvieh (71)	Limpurger	Glanrind	Doppelnutzung Rotbunt (DN)	Dr. Schwarzb. Niederungsst.	Fleckvieh	Holstein, Nordamerika	Skandinavisches Rotvieh	Andere Milchrassen	Andere Fleischrassen	Sonstige/Unbekannt
2001	10	0.61	11.50	33.54	-	0.02	-	-	-	43.85	-	-	11.09	-	-	-	-	-
2002	11	0.86	12.56	38.08	-	0.19	-	-	-	38.23	-	-	10.94	-	-	-	-	-
2003	4	1.75	5.74	38.92	-	0.02	-	-	-	42.43	-	-	12.89	-	-	-	-	-
2004	5	2.13	11.35	35.00	-	0.02	-	-	-	39.88	-	-	13.75	-	-	-	-	-
2005	2	0.72	14.28	38.11	-	0.22	-	-	-	32.93	-	-	14.45	-	-	-	-	-
2006	6	1.99	6.65	41.37	-	-	-	-	-	43.22	-	-	8.76	-	-	-	-	-

Tabelle 5: Mittlere Genanteile der Bullen in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr &gt; 1999)

Jahrgang	Anzahl Tiere	Inzuchtgrad	Genanteile der Rassen in Prozent																
			Holstein/Schwarzbunt, Europa	Holstein/Rotbunt, Europa	Jersey	Braunvieh/Brown Swiss	Rotvieh/Angler (5/6)	Rotes Hoehenvieh (71)	Limpurger	Glanrind	Doppelnutzung Rotbunt (DN)	Dr. Schwarzb. Niederungsr.	Fleckvieh	Holstein, Nordamerika	Skandinavisches Rotvieh	Andere Milchrasen	Andere Fleischrasen	Sonstige/Unbekannt	
2001	169	0.92	13.64	30.99	-	-	0.04	-	-	-	39.15	-	-	-	16.14	-	0.04	-	-
2002	288	0.96	12.63	33.32	-	-	0.06	-	-	-	38.80	-	-	-	15.09	-	-	-	-
2003	368	1.22	10.48	34.53	-	-	0.06	-	-	-	39.54	-	-	-	14.83	-	-	-	-
2004	444	1.22	9.58	36.12	-	-	0.07	-	-	-	40.22	-	-	-	13.86	-	-	-	-
2005	495	1.32	10.79	36.86	-	-	0.10	-	-	-	38.24	-	-	-	13.72	-	-	-	-
2006	449	1.49	10.17	35.35	-	-	0.05	-	-	-	40.22	-	-	-	13.89	-	-	-	-

Tabelle 6: Mittlere Genanteile der Kühe in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999)

## 4 Generationsintervall

In einer weiteren Analyse werden die Generationsintervalle in den vier Selektionspfaden Bullenväter, Bullenmütter, Kuhväter und Kuhmütter ermittelt. Das Generationsintervall ergibt sich aus dem mittleren Alter der Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die in Tabelle 7 angegebenen Werte beziehen sich wiederum auf das mittlere Alter (in Jahren) der Eltern der Ausgangsgeneration der Monitoringpopulation (C). Das mittlere Generationsintervall ist als ungewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße benötigt, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich direkt mit der effektiven Populationsgröße zusammenhängt.

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Bullenväter	38	6.88
Bullenmütter	38	5.78
Kuhväter	2.357	6.06
Kuhmütter	2.357	4.64

Tabelle 7: Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade 5.84

## 5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres drückt die mittlere Wahrscheinlichkeit herkunftsgleicher Allele an einem Genort aus. Er ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene und damit auch von Erbfehlern.

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoringpopulation (C) einbezogen, die einen PCI > 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen. Damit ist gewährleistet, dass bei allen Tieren aufgrund der verfügbaren Pedigreeinformation auf Vater- und Mutterseite eine vergleichbare Chance besteht, Inzucht überhaupt zu berechnen - sofern tatsächlich vorhanden.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 2 ist die Verteilung aller Tiere und Ahnen in der gesamten Monitoringpopulation (helle Balken) sowie der Tiere mit PCI > 0,70 (dunkle Balken, Monitoringpopulation (C)) ersichtlich. Die effektive Populationsgröße kann danach nur noch an einem geringen Anteil der Ausgangstiere berechnet werden. Die Gründe dafür sind in Abschnitt 2 genannt.

Die effektive Populationsgröße ist nach der von Wooliams beschriebenen Methode als Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet.

In der RDN-Population resultiert, letztendlich aus o. g. Gründen, eine überraschend hohe effektive Populationsgröße von 324 Tieren, da fast kein Inzuchtanstieg zu verzeichnen ist bzw. berechnet werden kann. Das Ergebnis ist daher entsprechend vorsichtig zu interpretieren.



Die berechnete Anzahl effektiver Foundertiere mit  $f_e = 157$  und die Anzahl effektiver Ahnen mit  $f_a = 54$  sind allerdings wesentlich niedriger, dürften aber ebenfalls noch überschätzt sein.

Die Angabe der wichtigsten Foundertiere ist aus diesen Gründen ebenfalls nicht sehr aussagefähig und entfällt daher.

Die einflussreichsten Ahnen der RDN-Population sind die holländischen MRY-Bullen:

DORUS (528000176791744), geb. 1996, Genanteil: 8,2 %

LOUIS (528000951276374), geb. 1982, Genanteil: 4,5 %

Dies zeigt die enge und bedeutende Zusammenarbeit im Zuchtprogramm mit der MRY-Zucht in Holland.

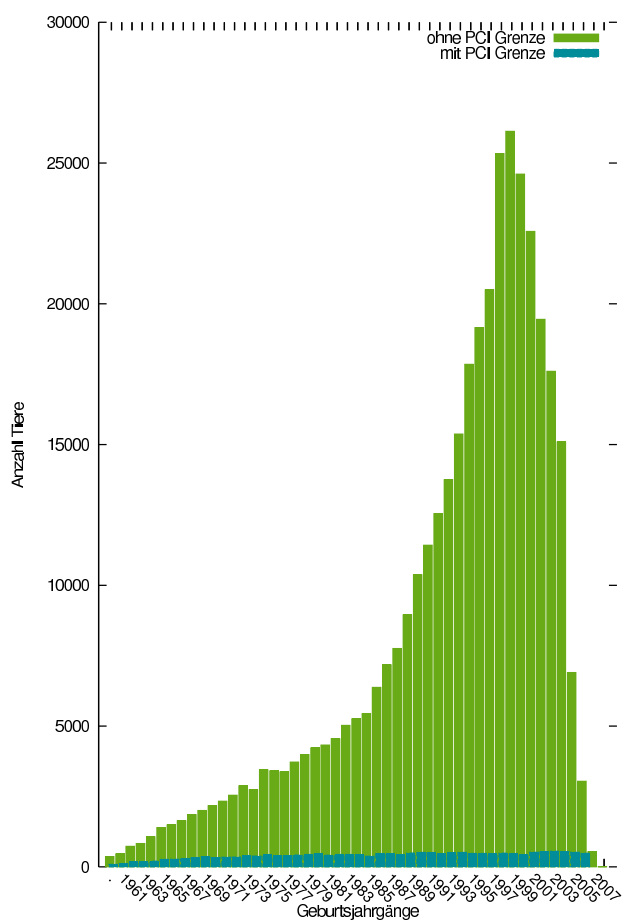


Abbildung 2: Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI > 0.70 auf Geburtsjahrgang

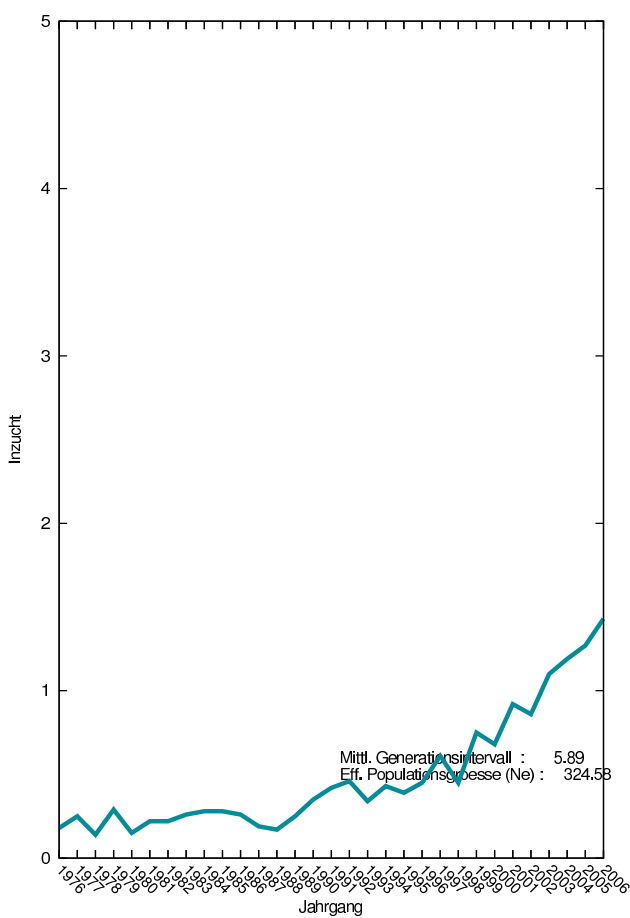


Abbildung 3: Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen

## 6 Bewertung der Ergebnisse

Die Rassebezeichnung “Doppelnutzung Rotbunt” wurde erst vor ca. 20 Jahren für Deutsche Rotbunte mit weniger als 25% Holstein Blutanteil eingeführt. Die Rasse ist nach wie vor auf die o. a. Region begrenzt. Die Bullenselektion erfolgt aktuell zusammen mit der MRY-Population in den Niederlanden. Bedingt durch diesen Genzufluß, das Auslaufen vieler Pedigrees auf Rotbunt und Holstein, sowie die geringe Pedigree-tiefe ist die wahrscheinlich überschätzte  $N_eI$  von 324 zu erklären und entsprechend zu interpretieren. Reinrassige RDN-Tiere über viele Generationen sind in den Daten kaum mehr zu finden.

# Monitoring tiergenetischer Ressourcen

–FLECKVIEH FLEISCH–



herausgegeben von  
Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft  
27. April 2010



**Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

**Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V. (ADR)

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL)

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (VIT)

Quelle Titelbild: LfL

# Inhaltsverzeichnis

1	Anerkannte Zuchtverbände . . . . .	4
2	Rassebeschreibung . . . . .	5
3	Zuchtgeschichte . . . . .	7
4	Zuchtprogramm . . . . .	8
5	Zuchtziel . . . . .	9
6	Heutiger Stand . . . . .	9
7	Verwendete Datensätze . . . . .	9
8	Beschreibende Analyse der aktuellen Population . . . . .	11
9	Berechnung und Analyse der Populationsparameter . . . . .	15
9.1	Generationsintervall . . . . .	16
9.2	Pedigree-Vollständigkeit . . . . .	17
9.3	Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry . . . . .	20
9.4	Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge . . . . .	20
10	Interpretation der Ergebnisse . . . . .	23
11	Erbfehler beim Rind . . . . .	24
11.1	Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind . . . . .	24
11.2	Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Fleckvieh . . . . .	27
	<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>29</b>

# 1 Anerkannte Zuchtverbände

## **Rinderproduktion Berlin-Brandenburg GmbH**

Lehniner Str. 9  
14550 Groß Kreutz  
Tel.: 033207/533-0  
email: [info@rinderzucht-bb.de](mailto:info@rinderzucht-bb.de)  
[www.rinderzucht-bb.de](http://www.rinderzucht-bb.de)



## **Rinderzucht Mecklenburg-Vorpommern GmbH**

Zarchliner Str. 7  
19395 Karow  
Tel.: 038738/73034  
email: [rmv-karow@t-online.de](mailto:rmv-karow@t-online.de)  
[www.rinderzucht-mv.de](http://www.rinderzucht-mv.de)



## **Rinderzuchtverband Sachsen-Anhalt eG**

Angerstr. 6  
06118 Halle/Saale  
Tel.: 0345/5214963  
email: [fleischrind@rsaeg.de](mailto:fleischrind@rsaeg.de)  
[www.rsaeg.de](http://www.rsaeg.de)





**Sächsischer Rinderzuchtverband eG**

Schlettaer Str. 8  
01662 Meißen  
Tel.: 03521/470410  
email: info@srv.de  
www.srv.de



**Landesverband Thüringer Rinderzüchter**

Stottenheimer Str. 19  
99087 Erfurt  
Tel.: 0361/77974-0 email: info@ltr.de  
www.ltr.de



**Fleischrindherdbuch Bonn e.V.**

Endenicher Allee 60  
53115 Bonn  
Tel.: 0228/633029  
email: info@fhb-bonn.de  
www.fhb-bonn.de



**Fleischrinderverband Bayern e.V.**

Jüdtstr. 1 91522 Ansbach  
Tel.: 0981/48841-0  
email: fvb-an@t-online.de  
www.frv.bayern.de



## 2 Rassebeschreibung

Die Rasse Fleckvieh Fleisch weist ein geschecktes Haarkleid auf mit Farbabstufungen von Dunkelrot bis Hellgelb auf weißem Grund. Der Kopf wird dominant weiß ver-

### **Zucht- und Besamungsunion Hessen eG**

An der Hessenhalle 1  
36304 Alsfeld  
Tel.: 06631/784-10  
email: kontakt@zbh.de  
www.zbh.de



### **Zuchtrinder-Erzeugergemeinschaft Hannover eG**

Osterkrug 20  
27283 Verden  
Tel.: 04231/679-0  
email: info@masterrind.de  
www.zeh-verden.de



### **Rinderunion Baden-Württemberg e.V.**

Heinrich-Baumann-Str. 1-3  
70190 Stuttgart  
Tel.: 0711/1665582  
email: fleischrinder@rind-bw.de  
www.rind-bw.de



erbt, lediglich pigmentierte Augenringe kommen vor. Der Unterbauch, die Beine und die Schwanzquaste sind ebenfalls weiß. Im Vergleich zu anderen Fleischrinderrassen ist Fleckvieh Fleisch mittel- bis großrahmig mit einem breiten, langen und tiefen Rumpf. Die Gliedmaßen sind trocken mit guter Bemuskulung und harten Klauen. Fleckvieh Fleisch Kühe haben ein funktionales Euter, beste Muttereigenschaften, gute Fruchtbarkeit und ein umgängliches Temperament. Durch hohe Milchleistungen werden in der Regel hohe Absetzgewichte realisiert.

Durch ein hohes Futteraufnahmevermögen werden hohe tägliche Zunahmen und hohe Endgewichte ermöglicht.

Fleckvieh Fleisch Tiere werden mehr und mehr auf genetische Hornlosigkeit gezücht-



Abb. 2.1: Fleckvieh Fleisch-Kuh mit Zwillingskälbern, Quelle: LfL

tet.

Kühe erreichen ein Gewicht von 700–850 kg und eine Kreuzbeinhöhe von 140–150 cm. Bullen erreichen ein Gewicht von 1100–1300 kg und haben eine Kreuzbeinhöhe von 150–165 cm.

## 3 Zuchtgeschichte

Die Geschichte des "Deutschen Fleckviehs" geht auf die erste Hälfte des 19. Jahrhunderts zurück, als der erste Import von Simmentaler-Bullen aus dem Berner Oberland Süddeutschland erreichte. Ab dem Jahr 1866 wurden erste Zuchtgenossenschaften und Zuchtverbände gegründet, welche den Grundstein für die Herdbuchzucht legten. Durch die überragende Leistung der Simmentaler Tiere, die ursprünglich eine Verbesserung der Landschläge bewirken sollten, wurden die alten Landschläge nach und nach verdrängt, so dass ab 1900 Fleckvieh in Deutschland vorwiegend in Reinzucht gezüchtet wurde. Es gab ein erstes geschlossenes Herdbuch in Süddeutschland, welches als Zuchtziel ein mittelrahmiges Rind mit ausgewogener Betonung von Milch und Fleisch und einer hohen Zugleistung anstrebte [ASR 2007].

Vor etwa 50 Jahren fand auf internationaler Ebene eine Aufspaltung der Rasse in einen Doppelnutzungszweig und einen reinen Fleischzweig statt. In Deutschland erfolgte die zielgerichtete Zucht von Fleisch–Fleckvieh ab 1970. Vor allem im Gebiet der ehemaligen DDR war und ist das Fleckvieh ein bedeutendes Fleischrind. Dort wurde 1971 mit dem Aufbau der Fleckvieh–Zucht zur Produktion von Besamungsbullen für Gebrauchskreuzungen begonnen. Bei der Auswahl der noch vorhandenen Bullen spielten vor allem die Lebendmasse und die Bemuskelung eine Rolle. Es wurde zielgerichtet auf Fleischleistung selektiert ohne Berücksichtigung der Milchleistung [SCHWARK 1989].

Heute ist Fleckvieh Fleisch nach wie vor vor allem in den neuen Bundesländern stark vertreten. Die Rasse bildet die Spitze des deutschen Fleischrinderherdbuchs.

## 4 Zuchtprogramm

Das Hauptverbreitungsgebiet des Fleckvieh Fleisch ist Ostdeutschland. Vom Rinderzuchtverband Sachsen–Anhalt wird folgendes Zuchtprogramm ausgegeben.

Fleckvieh Fleisch wird in Reinzucht gezüchtet. Alle Nachkommen werden im Feld geprüft. Es erfolgt eine gezielte Anpaarung der besten internationalen nachkommenschaftsgeprüften Fleckvieh Fleisch–Bullen an Bullenmütter. Bullenmütter sollten phänotypisch hornlos sein und Augenpigmente aufweisen.

Die Durchführung des Zuchtprogramms läuft folgendermaßen ab:

1. Auswahl der Bullenmütter (Bonitur des gesamten weiblichen Herdbuch–Bestandes, Festlegung der Bullenmütter, Exzellenzbonitur, Auswahl der Bullenmütter für gezielte Anpaarung),
2. Auswahl der Bullenväter
3. Ausgabe der Paarungsempfehlungen an die Züchter
4. Kontrolle der erfolgten Kalbung aus der Paarungsempfehlung

5. Entscheidung über den weiteren Verbleib der aus gezielter Paarung stammenden männlichen Kälber.

## 5 Zuchtziel

Das Zuchtziel beim Fleckvieh Fleisch fordert Rinder mit weißem Kopf und hellgelber bis rotbrauner Scheckung. Auch gedeckte Tiere dürfen vorkommen. Die Tiere sollten mittel- bis großrahmig sein mit einem langen, tiefen und breiten Rumpf.

Die täglichen Zunahmen sollen bei 1000-1400 g liegen. Die gewünschte Schlachtausbeute liegt bei 58 %. Das Fleisch ist zart und gut marmoriert.

Fleckvieh Fleisch Kühe sollten leichtkalbig sein und hohe Milchleistung haben, um hohe Absatzgewichte der Kälber zu garantieren. Sie sollten einen ruhigen Charakter haben, vielseitig und anpassungsfähig sein.

Die im Zuchtziel festgelegten Körpermaße betragen für die Widerristhöhe 148 - 160 cm bei Bullen und 138 - 145 cm bei Kühen sowie für das Körpergewicht 1100 - 1300 kg bei Bullen und 700 - 850 kg bei Kühen.

Weiterhin wird die genetische Hornlosigkeit im Zuchtziel berücksichtigt.

## 6 Heutiger Stand

Im Jahr 2007 wurden insgesamt 11430 Herdbuch-Tiere der Rasse Fleckvieh Fleisch gehalten, wovon 10926 Kühe und 504 waren.<sup>1</sup>

## 7 Verwendete Datensätze

Für die Analysen wurde der Datensatz der Fleischzuchtwertschätzung vom vit in Verden bereitgestellt. Zusätzlich wurden von der gemeinsamen Pedigreedatei aus

---

<sup>1</sup>Alle Angaben dieses Kapitels sind dem ASR Jahresbericht 2007 entnommen [ASR 2008].

Deutschland und Österreich Fleckvieh–Tiere aus der Milchzuchtwertschätzung eingefügt. Diese Tiere sind Ahnen der vom vit gelieferten Fleckvieh Fleisch–Tiere. Fleckvieh Fleisch wird als gesonderte Rasse behandelt, Fleckvieh Doppelnutzung gilt daher als Fremdrasse.

Für die nachfolgenden Analysen wurden 3 verschiedene Datensätze verwendet.

### **Datensatz A**

Für die statistische und deskriptive Analyse der Population (vgl. Kapitel 8) kam der Datensatz A zur Verwendung. Im Datensatz A sind Tiere enthalten, die in den letzten 10 vollständig besetzten Geburtsjahrgängen geboren wurden. Es konnten somit deskriptive Analysen für diesen Zeitraum gemacht werden. Entwicklungen und Verläufe, die an der untersuchten Population beobachtet werden können, konnten so über einen ausreichend großen Zeitraum dargestellt und analysiert werden. Gleichzeitig ist der Bezug zur lebenden, aktiven Zuchtpopulation gegeben, da viele der Tiere im untersuchten Datensatz noch während der Analyse zur lebenden Zuchtpopulation gehörten. Ein ausschließliches Betrachten der lebenden Zuchttiere ist für die deskriptive Datenanalyse jedoch nicht sinnvoll. Ein zu kurzer Untersuchungszeitraum und eine nicht ausreichende Besetzung der Jahrgänge würde für eine fundierte Analyse nicht ausreichen.

### **Datensatz B**

Die Berechnung der Populationsparameter wie Inzucht und effektive Populationsgröße erfolgte auf der Grundlage eines weiteren Datensatzes B. Dieser Datensatz B umfasst alle Tiere der aktuellen Population samt Abstammungen bis zur definierten Basis (Geburtsjahrgang 1950). Als zur aktuellen Population zugehörig wurden alle Tiere behandelt, die zur letzten Generation aktiver Zuchttiere gehörten. Es wurde dazu wieder vom letzten vollbesetzten Geburtsjahrgang ausgegangen und eine Generation zurückgegangen.

Um eine Vereinheitlichung zwischen den Rassen zu erreichen, wurde die Generationslänge für die Generierung des Datensatzes auf 6 Jahre festgelegt. Die tatsächliche Generationslänge kann natürlich von Rasse zu Rasse abweichen.

Für die Tiere, die in dem festgelegten Zeitraum von 6 Jahren geboren wurden, wurde das Pedigree bis zur definierten Basis aufgebaut.

### **Datensatz C**

Um einen Datensatz verwenden zu können, der nur Tiere berücksichtigt, die ein möglichst vollständiges Fleckvieh Fleisch–Pedigree aufweisen, wurde ein weiterer Datensatz C erstellt, der ein Sub–Datensatz des Datensatzes B ist. Der Datensatz C wurde ebenfalls zu Berechnung der Populationsparameter verwendet. Somit konnten die Ergebnisse beider Datensätze direkt gegenüber gestellt werden.

Im Datensatz B werden Einkreuzungen fremder Rassen als Genzufluss aus einer un-  
verwandten Basis betrachtet (Immigration). Immigration kann bereits in geringem Umfang den Inzuchtanstieg abbremsen und führt somit zu höheren Schätzwerten für die inzuchteffektive Populationgröße. Dies kann zu Fehleinschätzungen der Entwicklung der rassespezifischen Diversität führen. Im Datensatz C wurde deshalb unter Verwendung des Kriteriums des ‚pedigree completeness index‘ (PCI) die Gesamtbetrachtung auf die Tiere der aktuellen Population eingeschränkt, die über ein ausreichend tiefes rassespezifisches Pedigree verfügen (PCI von 0.7 auf 4 Generationen). Ein Vergleich der Ergebnisse basierend auf den Datenbeständen B und C erlaubt somit eine ungefähre Abschätzung des Effektes von Immigration auf den Inzuchtanstieg. Ergebnisse basierend auf Datensatz C dürften allerdings mehr Aussagekraft in Bezug auf die Entwicklungen einer rassespezifischen ‚Kernpopulation‘ haben.

## **8 Beschreibende Analyse der aktuellen Population**

Für die nachfolgenden Analysen wurde der Datensatz A als Berechnungsbasis herangezogen (siehe Kapitel 7). Es wurden Daten von Tieren der Geburtsjahrgänge 1999 bis 2008 untersucht. Der Datensatz A bestand aus insgesamt 96429 Tieren (49675 weibliche und 46754 männliche). In der untersuchten 10-Jahresperiode wurden ins-

gesamt 2950 Väter und 31360 Mütter eingesetzt.

Um einen vollständigeren Überblick über das verwendete Datenmaterial zu gewinnen, dient die Tabelle 8.1. Für jeden Geburtsjahrgang ist die Anzahl der in diesem Jahr geborenen Tiere abgetragen. Weiterhin sind in den folgenden Spalten die Anzahl der in diesem Geburtsjahrgang eingesetzten Mütter und der eingesetzten Väter abgetragen. Mütter und Väter können demnach mehrfach gezählt werden, wenn sie in mehreren Jahren zum Einsatz kommen. Für die im jeweiligen Geburtsjahrgang der untersuchten Tiere eingesetzten Väter sind weiterhin die minimale, maximale und durchschnittliche Anzahl von Nachkommen aufgelistet. In der zweiten Tabellenhälfte sind dieselben Angaben enthalten, allerdings werden für diese Berechnungen ausschließlich Tiere verwendet, deren Vater und Mutter Fleisch Fleckvieh-Tiere sind.



Tab. 8.1: Anzahl der Tiere mit Eltern für die gesamte Population und für Tiere mit Fleckvieh Fleisch-Eltern (GJ=Geburtsjahr, n Mütter=Anzahl Mütter, Min., Max., Mitt.= minimale, maximale und mittlere Anzahl Nachkommen je Vater im jeweiligen Geburtsjahrgang)

GJ	Alle Tiere						Nur Tiere mit Fleckvieh Fleisch-Eltern					
	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.
1999	10964	9532	720	1	158	13	8459	8015	569	1	151	15
2000	10452	9266	714	1	156	13	8133	7724	581	1	97	14
2001	9976	8881	709	1	140	13	8268	7839	578	1	131	14
2002	9574	8562	688	1	141	13	8314	7852	579	1	141	14
2003	8802	7940	640	1	127	13	7658	7258	538	1	126	14
2004	9061	8206	614	1	177	14	7971	7519	553	1	156	14
2005	9066	8251	709	1	78	12	7928	7472	591	1	70	13
2006	8901	8247	645	1	113	13	8006	7603	580	1	110	14
2007	9708	8995	691	1	94	13	8405	7931	612	1	94	14
2008	9925	9249	654	1	87	14	8944	8416	601	1	83	15

Die Anzahl der Jahre, in denen ein Vater– bzw. Muttertier eingesetzt wurde, liegt bei 2.45 Jahren für die Väter und bei 2.95 Jahren für die Mütter.

In der Abbildung 8.1 ist die absolute Anzahl von Tieren im verwendeten Datensatz unterteilt nach Rassezugehörigkeit des Vaters gezeigt.

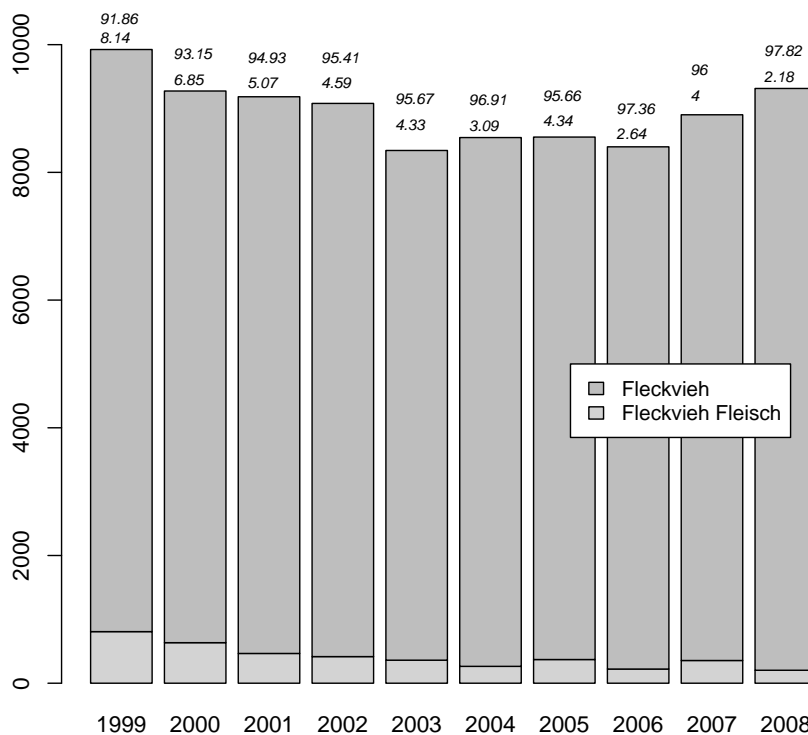


Abb. 8.1: Absolute Anzahl der Tiere im Datensatz und Rassezugehörigkeit (in Prozent) ihrer Väter

Einen Überblick über die Rassezugehörigkeit und die Herkunft der eingesetzten Väter gibt die Tabelle 8.2. In der Tabelle ist sowohl die Anzahl der eingesetzten Väter als auch die Anzahl der Nachkommen dargestellt.

Tab. 8.2: *Herkunftsland und -rasse der Väter (AUT = Österreich, CAN = Kanada, CZE = Tschechien, DK = Dänemark, FRA = Frankreich, DEU = Deutschland, Zahl vor Schrägstrich = Anzahl Väter, Zahl hinter Schrägstrich = Anzahl Nachkommen)*

Herkunft	Total	Fleckvieh	Fleckvieh Fleisch	Sonstige
AUT	57/180	31/76	26/104	0/0
CAN	23/141	2/3	21/138	0/0
CZE	98/265	14/29	84/236	0/0
DK	120/4652	2/7	118/4645	0/0
FRA	4/5	2/2	0/0	2/3
DEU	2559/81520	333/2358	2153/78875	74/288

## 9 Berechnung und Analyse der Populationsparameter

Grundlage für die Berechnungen der Populationsparameter waren der Datensatz B (siehe Kapitel 7), als auch der Datensatz C, bei dem die aktuelle Population auf Basis des PCI eingeschränkt wurde. Es konnten so beide Populationen (Fleisch Fleckvieh–Population mit Einkreuzung rassefremder Tiere (Datensatz B) und Fleisch Fleckvieh–Population mit tiefem Fleisch Fleckvieh–Pedigree (Datensatz C)) direkt miteinander verglichen und die Ergebnisse gegenübergestellt werden.

Die Auswahl der aktuellen Population erfolgte im aktuellen Bericht für den Zeitraum von 2000 bis 2007. In der aktuellen Population von Datensatz B befanden sich 51825 Tiere und von Datensatz C 40969 Tiere. Für die gesamte Population betrachtet (aktuelle Population samt Pedigree) ergaben sich Populationsgrößen von 78397 Tieren im Datensatz B und 65266 Tieren im Datensatz C. Das bedeutet, dass 17 % der im ursprünglichen Datensatz B befindlichen Tiere durch die Einschränkung mittels PCI ausgeschlossen wurden.

Die Besetzung der Geburtsjahrgänge für die Datensätze B und C wird in Abbildung 9.1 dargestellt. Der sprunghafte Anstieg der Tierzahlen im Jahr 2000 ist dadurch begründet, dass ab diesem Jahr alle Tiere, die sich in der Zuchtpopulation befanden, berücksichtigt werden. Von 1950 bis 2000 sind lediglich deren Vorfahren vorhanden.

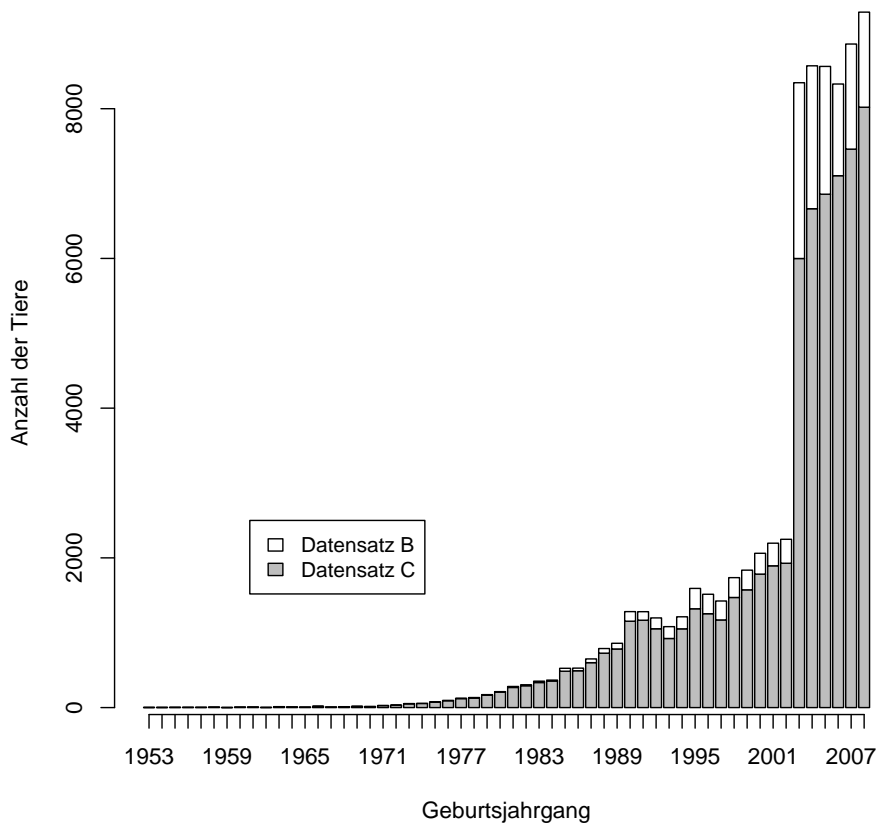


Abb. 9.1: Besetzung der Geburtsjahrgänge für Datensatz B und Datensatz C

## 9.1 Generationsintervall

Das Generationsintervall wurde für den Zeitraum von 1980 bis 2000 berechnet. Dieses Zeitfenster wurde gewählt um sicherzustellen, dass vollständige Generationen berechnet werden können. In der folgenden Abbildung 9.2 ist der Verlauf der Generationsintervalle berechnet für die 4 Vererbungspfade dargestellt. Aus den Einzelwerten für die 4 Vererbungspfade wurde über die Jahre ein arithmetisches Mittel berechnet. Das sich daraus ergebene mittlere Generationsintervall für die Fleckvieh Fleisch-Population lag bei 5.96 Jahren.

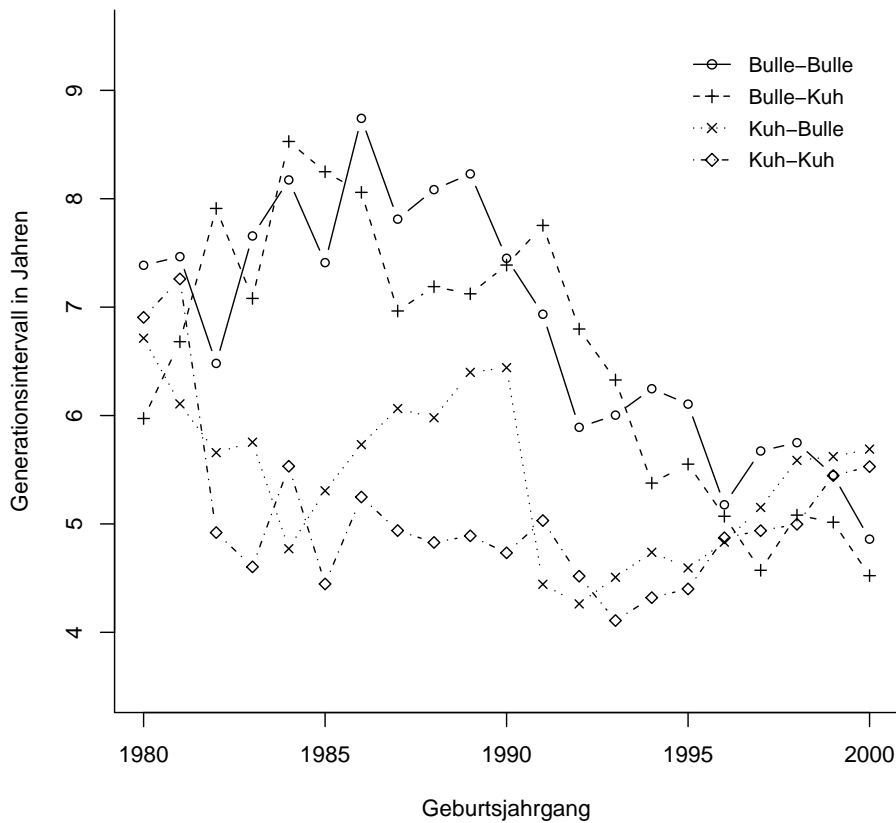


Abb. 9.2: Verlauf des Generationsintervalles für die vier Vererbungspfade für die Geburtsjahrgänge 1980 bis 2000

Tab. 9.1: Mittleres Generationsintervall in Jahren für jeden Vererbungspfad, berechnet für den Zeitraum von 1980 bis 2000

Bulle-Bulle	Bulle-Kuh	Kuh-Bulle	Kuh-Kuh
6.81	6.53	5.45	5.07

## 9.2 Pedigree-Vollständigkeit

Um gezielte Aussagen über die Inzuchtentwicklung und die daraus resultierenden Parameter gewinnen zu können, wurde die vorliegende Population im Datensatz B auf Vollständigkeit des Pedigrees, den Pedigree Completeness Index (PCI), hin untersucht.

Es wurde eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen gefordert, sowie verschiedene

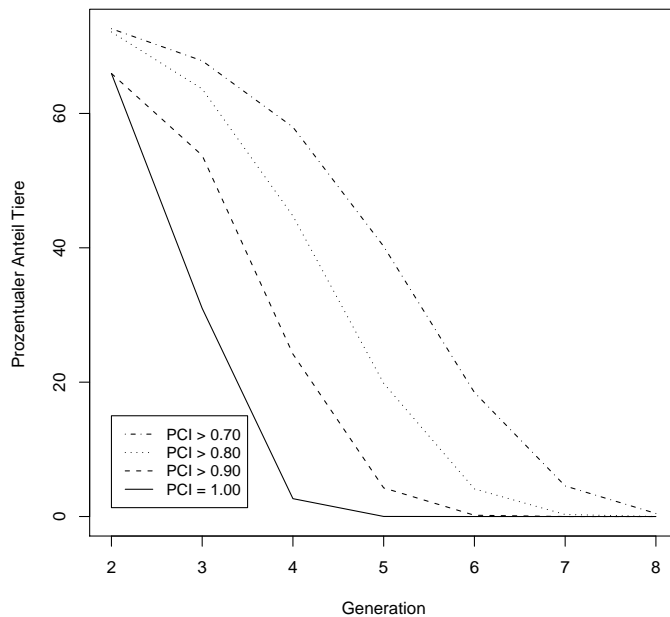


Abb. 9.3: Prozentualer Anteil der Tiere des gesamten Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

Mindestwerte für den PCI. In den Abbildungen 9.3 und 9.4 ist jeweils der prozentuale Anteil der Tiere dargestellt, die für die jeweilige Pedigreetiefe die geforderten Mindestwerte erfüllen. In der Abbildung 9.3 werden alle Tiere im gesamten Pedigree der aktuellen Population berücksichtigt, in Abbildung 9.4 wird die Pedigree Completeness nur für Tiere berechnet, die sich in der aktuellen Population befinden, also zur letzten Generation gehören. Da diese Tiere ein tieferes und vollständigeres Pedigree aufweisen, erhöhen sich die prozentualen Anteile von Tieren, die die geforderten Mindestwerte erreichen.

Der Verlauf der PCI über die Geburtsjahrgänge für eine Pedigreetiefe von 2 Generationen ist für die beiden verwendeten Datensätze gemeinsam in Abbildung 9.5 dargestellt.

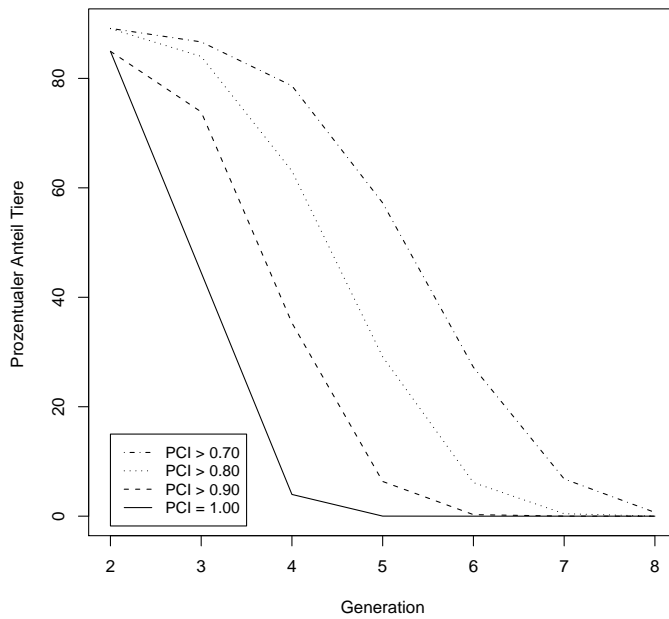


Abb. 9.4: Prozentualer Anteil der Tiere der aktuellen Population des Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

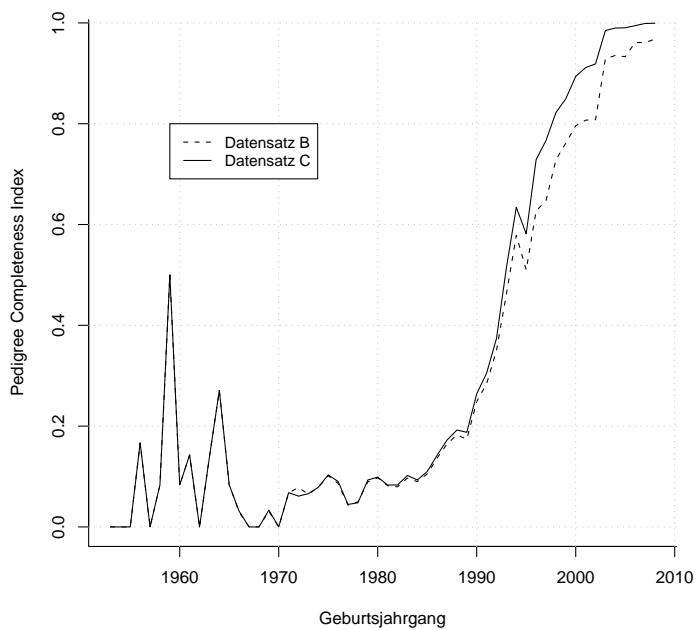


Abb. 9.5: Verlauf des Pedigree Completeness Index berechnet für beide Datensätze mit einer Pedigreetiefe von 2 Generationen

### 9.3 Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry

Die effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) wurde sowohl auf Basis der Inzucht als auch auf Basis der Coancestry berechnet. Es sollte dadurch erreicht werden, eventuelle Differenzen zwischen beiden Methoden sichtbar zu machen und so z.B. gezielt in der Population betriebene Inzuchtvermeidung aufzudecken. In der Abbildung 9.6 sind die Kurvenverläufe der Inzucht und Coancestry dargestellt. Weiterhin ist die effektive Populationsgröße in der jeweiligen Grafik abgetragen. Für die Berechnung der effektiven Populationsgröße wurde das Jahr 1990 als Basisjahr für die Regression festgelegt. Es kann so davon ausgegangen werden, dass die Jahrgänge ausreichend besetzt sind und die Abstammungen weitgehend vollständig sind. Das Generationsintervall, das für die Berechnung ebenfalls benötigt wurde, betrug 5.96 Jahre (vgl. Kapitel 9.1). Um vergleichende Aussagen zwischen Rassen treffen zu können, wurde das Verhältnis von tatsächlicher Populationsgröße der aktuellen Population und effektiver Populationsgröße aus Inzucht berechnet. Es betrug für den verwendeten Datensatz B 1:415 (effektiv:tatsächlich) und für den Datensatz C 1:380.

### 9.4 Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge

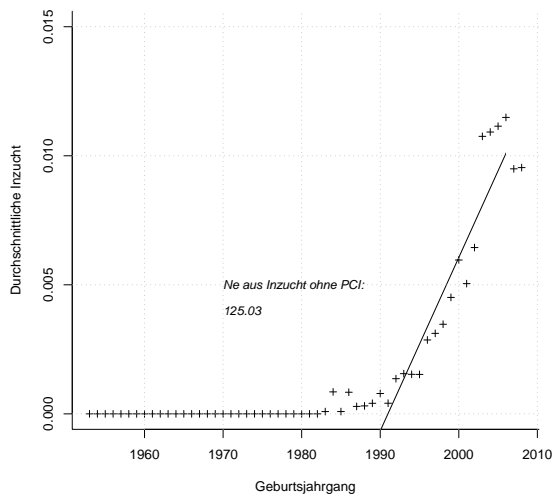
Für die Analyse der effektiven Anzahl der Basistiere (effective founders,  $f_e$ ) und der effektiven Anzahl der Ahnen (effective ancestors,  $f_a$ ) ergaben sich die in Tabelle 9.2 angegebenen Werte. Zusätzlich sind die Schätzwerte für die  $N_e$  angegeben.

Tab. 9.2: Berechnete Populationsparameter

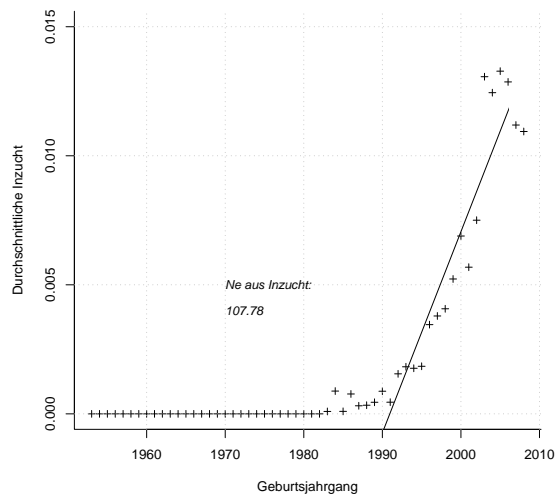
Parameter	Datensatz B	Datensatz C
$N_e$ aus Inzucht / $N_e$ aus Coancestry	125 / 444	108 / 363
$f_e$	295	244
$f_a$	186	166

Um sich einen Überblick über eventuelle Flaschenhalsereignisse in der Population zu verschaffen, wurden die marginalisierten Beiträge der Ahnen berechnet. Der Verlauf

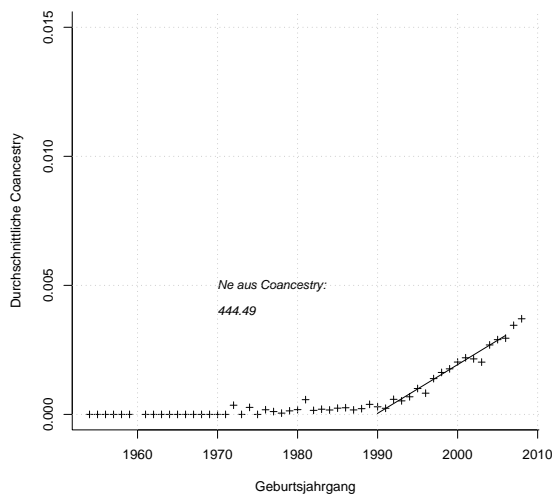




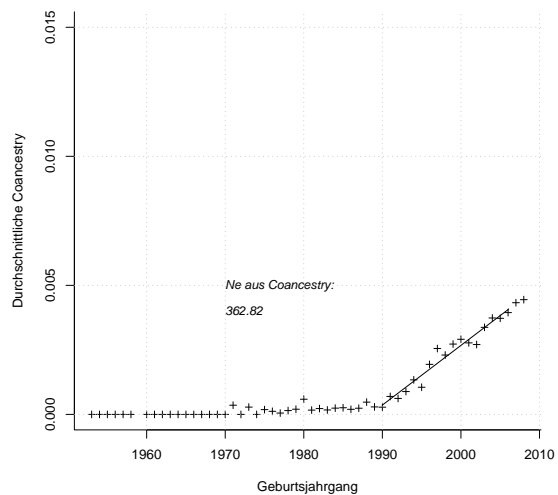
(a) Inzucht (Datensatz B)



(b) Inzucht (Datensatz C)



(c) Coancestry (Datensatz B)

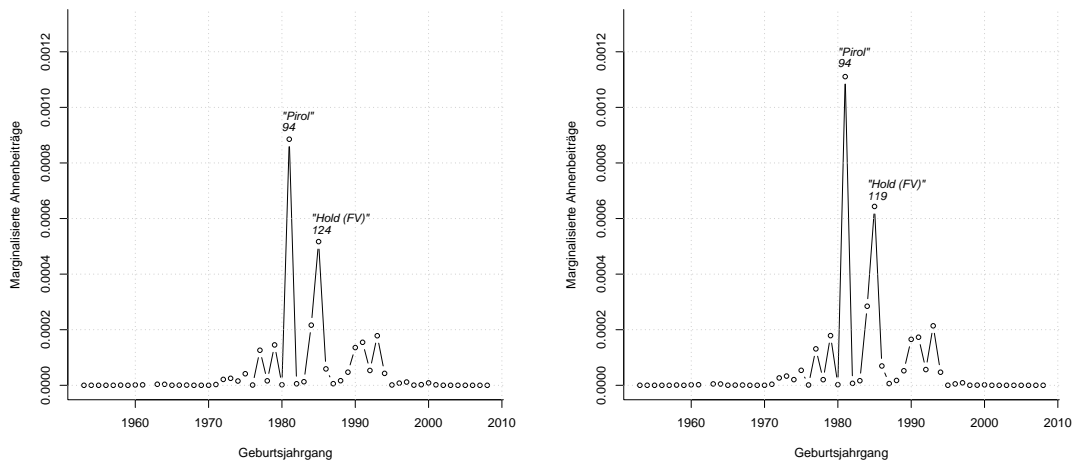


(d) Coancestry (Datensatz C)

Abb. 9.6: Verlauf der Inzucht und Coancestry getrennt nach Datensätzen

dieser Beiträge ist für die Bullen in der Abbildung 9.7 zu sehen. Über den ausgeprägtesten Peaks ist der dazugehörige Bulle namentlich erwähnt sowie die Anzahl seiner direkten Nachkommen. Gehört der Bulle einer Fremdrasse an, so ist dessen Rasse hinter dem Bullennamen eingefügt.

Eine Übersicht über die Rassebeiträge an der aktuellen Population für die Datensätze B und C geben die Tabellen 9.3 und 9.4.



(a) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz B) (b) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz C)

Abb. 9.7: Darstellung der marginalisierten Ahnenbeiträge der Bullen in der Fleisch Fleckvieh-Population, Rassezugehörigkeit bei Fremdrassetieren in Klammern angegeben

Um Aussagen über den zeitlichen Verlauf der Rassebeiträge machen zu können, wurden für Datensatz C die Rassebeiträge je Geburtsjahrgang für die Geburtsjahrgänge 1980 bis 2008 berechnet. Die Ergebnisse sind in Abbildung 9.8 dargestellt. Es muss bei der Interpretation beachtet werden, dass im Datensatz lediglich Fleisch Fleckvieh-Tiere der aktuellen Generation mit ihren Eltern enthalten sind.

Tab. 9.3: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz B)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Sonstige	5.99
Fleckvieh	25.73
Fleckvieh Fleisch	68.27

Tab. 9.4: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz C)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Sonstige	5.58
Fleckvieh	25.52
Fleckvieh Fleisch	68.90

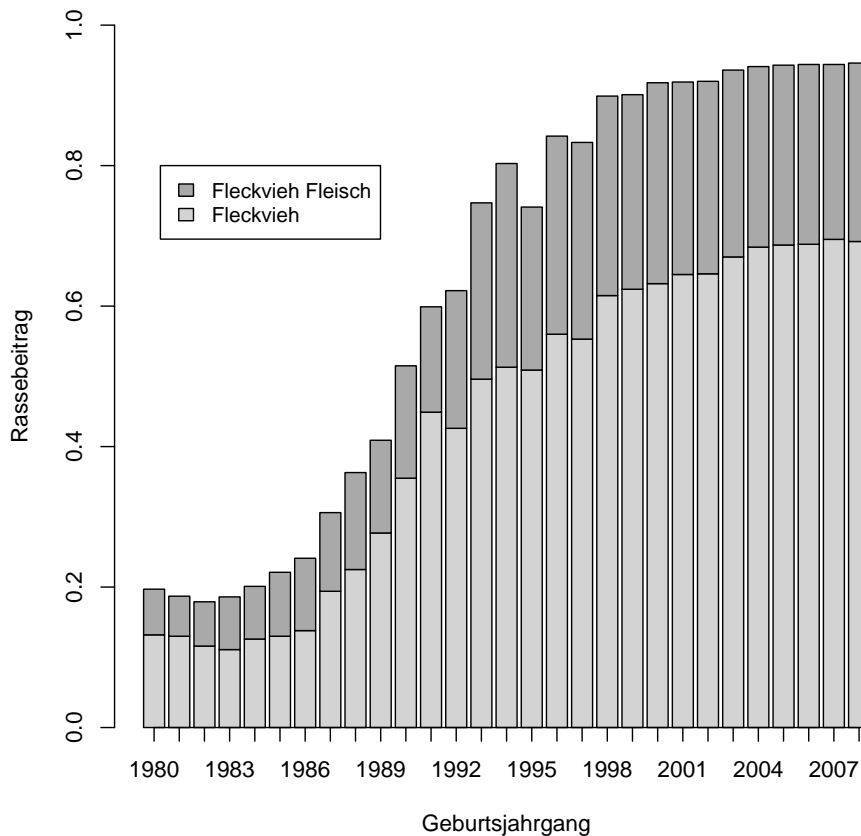


Abb. 9.8: Rassebeiträge im Verlauf über die Geburtsjahrgänge (Datensatz C)

## 10 Interpretation der Ergebnisse

Die Rasse Fleckvieh Fleisch hat in den letzten 10 Jahren eine relativ stabile Populationsgröße vorzuweisen. Auffallend ist allerdings eine permanente Beeinflussung durch Gene der Fleckvieh–Doppelnutzungspopulation. Hier ist eine klare Rasseabgrenzung kaum durchzuführen. Die Ergebnisse sind daher aus populationsgenetischer Sicht nicht oder nur sehr eingeschränkt interpretierbar.

Da es sich bei Fleckvieh Fleisch um eine Rasse handelt, die vorwiegend in Ostdeutschland gehalten wird, sind die Abstammungsinformationen vor 1990 teilweise sehr lückenhaft. Es wurden daher die Forderungen für Datensatz C bezüglich der Pedigreetiefe von 8 auf 4 Generationen gelockert.

In Populationen mit weitgehender Zufallspaarung im Bezug auf das verwandtschaftliche Verhältnis der verpaarten Tiere sollte der Schätzwert für  $N_e$  basierend auf dem Anstieg des durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten in etwa äquivalent zu dem Schätzwert auf der Grundlage des durchschnittlichen Verwandtschaftsverhältnisses (Coancestry) sein. Liegt  $N_e$  aus dem Inzuchtkoeffizienten deutlich unter der aus Coancestry, ist dies ein Beleg für eine intensive Verpaarung von Tieren innerhalb Sub-Populationen. Tiere in einer Sub-Population sind demnach stärker ingezüchtet als der Durchschnitt der Population. Es kommt daher zu niedrigen  $N_e$ -Werten basierend auf dem Anstieg der Inzuchtkoeffizienten. Findet wenig genetischer Austausch zwischen den Sub-Populationen statt, ist die durchschnittliche Verwandtschaft zwischen Tieren verschiedener Sub-Populationen niedriger als erwartet, was hier die Ursache für die hohen  $N_e$ -Werte basierend auf dem Anstieg der Coancestrykoeffizienten ist. Es kann für Fleckvieh Fleisch in guter Näherung eine inzuchteffektive Populationsgröße von **110** angenommen werden.

Kenngößen wie die effektive Anzahl von Basistieren ( $f_e$ ) oder die Anzahl der effektiven Ahnen ( $f_a$ ), sind gut in der Lage, die Effekte von genetischer Drift zu quantifizieren. Im vorliegenden Fall liegen die Schätzwerte dieser beiden Größen mit 170-300 Tieren über der inzuchteffektiven Populationsgröße. Dies ist ein Beleg für einen kontinuierlichen Zustrom von Fleckviehgenen aus der Doppelnutzung-Population und untermauert die Vermutung, dass die Rassen Fleckvieh Fleisch und Fleckvieh Doppelnutzung genetisch nicht klar voneinander abgrenzbar sind.

## 11 Erbfehler beim Rind

### 11.1 Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind

Unter Erbfehlern versteht man „Missbildungen und Störungen normaler Vorgänge, die ererbt worden sind“ [KRÄUSSLICH 1994]. Solche Missbildungen und Störungen treten vorwiegend prä-, peri- und postnatal auf, können sich aber auch erst später zeigen.

Viele dieser Erbfehler sind letal und führen somit zu erheblichen wirtschaftlichen Einbußen in der Rinderhaltung.

Die meisten Erbfehler werden monogen homozygot rezessiv vererbt, wodurch die Häufigkeiten von Erbfehlern in Populationen sehr gering sind. Durch bestimmte Faktoren kann diese Häufigkeit allerdings durch Zufall erhöht werden. So kann z.B. ein übermäßiger Einsatz eines für einen Erbfehler heterozygoten aber sonst sehr leistungsstarken Besamungsbullen zu einer massiven Erhöhung des Auftretens dieses Erbfehlers nach einigen Generationen führen. Auch können sich homozygot unerwünschte Gene leichter ausbreiten, wenn sie in heterozygoten Tieren günstige Effekte bewirken. So wirkt sich z.B. das mutierte Gen beim Braunvieh, das homozygot zum Zwergenwuchs führt, bei heterozygoten Tieren in einem kleineren und gedrungenem Körperbau aus, was vor einigen Jahren dem Zuchtziel dieser Rasse entsprach. Ungewollt wurden also heterozygote Trägartiere des unerwünschten Gens selektiert. Ein weiteres Beispiel ist das Weaver-Gen bei Brown Swiss Rindern. Dieses Gen ist eng gekoppelt mit einem Gen, das zu erhöhter Milchleistung führt und wurde daher indirekt mit selektiert [KRÄUSSLICH 1994].

Aktuelle Informationen über den molekulargenetischen Hintergrund verschiedener genetischer Defekte beim Rind sind in der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) zu finden. Im Moment werden 376 verschiedene Phänotypen beim Rind beschrieben, wobei 75 davon zu den Single-Locus Merkmalen zählen. Für 43 Phänotypen konnte bereits die ursächliche DNA-Mutation ermittelt werden.

Die wirtschaftlich wichtigsten Erbfehler beim Rind sollen im Folgenden kurz beschrieben werden.

### **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Erblich bedingt Immunschwäche. Kälber sterben meist in den ersten Lebenswochen an banalen Infektionen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Missbildungen an der Wirbelsäule mit Auswirkungen auf die Gliedmaßen. Kälber sterben spätestens kurz nach der Geburt.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Es kommt zu einer Unterproduktion von Uridin-Monophosphat, das ein wichtiger Baustein der Pyrimidin-Nukleotide darstellt. Betroffene Tiere sterben schon im embryonalen Stadium ab.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **Citrullinämie**

Harnstoff-Zyklus ist durch einen Enzymdefekt gestört. Die Kälber sterben 3–5 Tage nach der Geburt an einer Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Motorische Neuronen in Rückenmark, Hirnstamm und motorischen Hirnrindengebieten sind stark dezimiert. Die betroffenen Kälber zeigen im Alter von wenigen Wochen Muskelschwäche bzw. Schwund der Skelettmuskulatur mit Festliegen in Brustlage, herabgesetzten spinalen Reflexen und pumpender Atmung. Die Erkrankung verläuft innerhalb weniger Wochen tödlich.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **SDM (Spinale Dysmelisierung)**

Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nervenzellgebieten gekennzeichnet ist. Die erkrankten Kälber liegen zumeist gleich nach der Geburt in Seitenlage mit nach vorne gestreckten Gliedmaßen fest. Der Kopf ist häufig nach oben hinten gerichtet ('Mondguckerhaltung').

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Erste Krankheitszeichen entwickeln sich bei den betroffenen Tieren im Alter von mehreren Monaten. Diese zeigen sich in Form von Nachhandschwäche, Schwierigkeiten beim Aufstehen und unsicherem, schwankendem Gang. Innerhalb von 1-3 Jahren kommt es zum Festliegen des erkrankten Tieres und zum Tod.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Neben übermäßig langen, dünnen Gliedmaßen mit abnorm beweglichen und steifen, verkrümmten Gelenken als offensichtlichste Mißbildung weisen erkrankte Tiere häufig Schädeldeformationen, Wirbelsäulenverkrümmungen sowie Veränderungen an Blutgefäßen und zentralem Nervensystem auf. Kälber werden tot geboren oder verenden kurz nach der Geburt.

Betroffene Rassen: Fleckvieh, Brown Swiss, Deutsche Holsteins, Limousin

## **11.2 Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Fleckvieh**

Es liegen z.Zt. keine bekannten Erbfehler beim Fleckvieh Fleisch vor.





# Literaturverzeichnis

[ASR 2007] ASR (2007). *Deutsches Fleckvieh*. Technischer Bericht, Arbeitsgemeinschaft SÄijddeutscher Rinderzucht - und Besamungsstationen e.V. Centrale Marketinggesellschaft der deutschen Agrarwirtschaft mbH.

[ASR 2008] ASR (2008). *Jahresbericht 2007*. Technischer Bericht, Arbeitsgemeinschaft Süddeutscher Rinderzucht- und Besamungsorganisationen e.V.

[KRÄUSSLICH 1994] KRÄUSSLICH, H. (1994). *Tierzüchtungslehre*. Eugen Ulmer, Stuttgart, 4. Aufl.

[SCHWARK 1989] SCHWARK, H. J. (1989). *Rinderzucht*. Tierproduktion. Deutscher Landwirtschaftsverlag, Berlin.

# Monitoring tiergenetischer Ressourcen

–FLECKVIEH–



herausgegeben von  
Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft  
14. Mai 2010



**Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

**Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V. (ADR)

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL)

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (VIT)

Quelle Titelbild: LfL

# Inhaltsverzeichnis

1	Rassebeschreibung . . . . .	4
2	Zuchtgeschichte . . . . .	5
3	Zuchtprogramm . . . . .	5
4	Zuchtziel . . . . .	6
5	Heutiger Stand . . . . .	7
6	Verwendete Datensätze . . . . .	8
7	Beschreibende Analyse der aktuellen Population . . . . .	10
8	Berechnung und Analyse der Populationsparameter . . . . .	14
8.1	Generationsintervall . . . . .	15
8.2	Pedigree–Vollständigkeit . . . . .	17
8.3	Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry . . . . .	18
8.4	Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge . . . . .	19
9	Interpretation der Ergebnisse . . . . .	22
10	Erbfehler beim Rind . . . . .	24
10.1	Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind . . . . .	24
10.2	Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Fleckvieh . . . . .	27
	<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>29</b>

# 1 Rassebeschreibung



Abb. 1.1: Fleckvieh Bulle, Quelle: LFL

Tiere der Rasse Fleckvieh sind mittel–bis großwüchsig mit einem festen Knochenbau und guter Bemuskelung. Sie sind in der Grundfarbe weiß mit hellgelben bis rotbraunen Flecken. Gelegentlich kommen auch fast vollständig gedeckte Tiere vor. Der Kopf, die Bauchunterseite, die Beine sowie der Schwanz sind stets weiß. Es können pigmentierte Augenringe vorkommen.

Die Jahresmilchmenge beträgt im Mittel 6800 kg mit einem Eiweißgehalt von 3,5 % und einem Fettgehalt von 4,2 %. Die täglichen Zunahmen der Bullen liegen bei 1300 g [SAMBRAUS 2001].

Die Widerristhöhe beträgt bei Kühen 138 bis 142 cm und bei Bullen 150 bis 158 cm. Das Körpergewicht beträgt bei Kühen im Mittel 750 kg und bei Bullen 1200 kg. Genetisch hornlose Tiere kommen vor. Die Zucht auf Hornlosigkeit soll noch weiter ausgebreitet werden.

Die Rasse Fleckvieh hat vor allem als Kreuzungspartner oder als reines Fleischrind weltweite Bedeutung. Die Nutzung der Rasse mit einer Konzentration auf Milchpro-

duktion findet vorwiegend in der Alpenregion statt.

## 2 Zuchtgeschichte

Die Geschichte des "Deutschen Fleckviehs" geht auf die erste Hälfte des 19. Jahrhunderts zurück, als der erste Import von Simmentaler-Bullen aus dem Berner Oberland Süddeutschland erreichte. Ab dem Jahr 1866 wurden erste Zuchtgenossenschaften und Zuchtverbände gegründet, welche den Grundstein für die Herdbuchzucht legten. Durch die überragende Leistung der Simmentaler Tiere, die ursprünglich eine Verbesserung der Landschläge bewirken sollten, wurden die alten Landschläge nach und nach verdrängt, so dass ab 1900 Fleckvieh in Deutschland vorwiegend in Reinzucht gezüchtet wurde. Es gab ein erstes geschlossenes Herdbuch in Süddeutschland, welches als Zuchtziel ein mittelrahmiges Rind mit ausgewogener Betonung von Milch und Fleisch und einer hohen Zugleistung anstrebte [ASR 2007].

Ab den 1960er Jahren erfolgte mit Beginn der künstlichen Besamung der Ausbau der Leistungsprüfung. Die aktive Zuchtpopulation wurde stetig erhöht und die Rasse wurde somit international wettbewerbsfähig.

## 3 Zuchtprogramm

Das Hauptverbreitungsgebiet des Fleckvieh Fleisch ist Ostdeutschland. Vom Rinderzuchtverband Sachsen-Anhalt wird folgendes Zuchtprogramm ausgegeben.

Fleckvieh Fleisch wird in Reinzucht gezüchtet. Alle Nachkommen werden im Feld geprüft. Es erfolgt eine gezielte Anpaarung der besten internationalen nachkommenschaftsgeprüften Fleckvieh Fleisch-Bullen an Bullenmütter. Bullenmütter sollten phänotypisch hornlos sein und Augenpigmente aufweisen.

Die Durchführung des Zuchtprogramms läuft folgendermaßen ab:

1. Auswahl der Bullenmütter (Bonitur des gesamten weiblichen Herdbuch–Bestandes, Festlegung der Bullenmütter, Exzellenzbonitur, Auswahl der Bullenmütter für gezielte Anpaarung),
2. Auswahl der Bullenväter
3. Ausgabe der Paarungsempfehlungen an die Züchter
4. Kontrolle der erfolgten Kalbung aus der Paarungsempfehlung
5. Entscheidung über den weiteren Verbleib der aus gezielter Paarung stammenden männlichen Kälber.

## 4 Zuchtziel

Das Zuchtziel des Fleckviehs konzentriert sich auf eine milchbetonte Doppelnutzung. Die mittlere Jahresmilchleistung sollte bei ca. 9000 kg mit 3,70 % Eiweiß und 4,20 % Fett liegen. Herausragend für diese Rasse ist die besonders gute Eutergesundheit.

Masttiere sollen lang anhaltendes Fleischwachstum ohne nachteilige Verfettung zeigen. Die täglichen Zunahmen sollen bei 1300 g liegen. Die gewünschte Schlachtausbeute liegt bei 58 %.

Fleckvieh zeichnet sich durch eine hohe Fitness und Leistungsbereitschaft aus. Kühe haben eine starke Vorhand mit guter Rücken– und Keulenbemuskelung. Das Euter ist auch nach mehreren Laktationen fest und der Euterboden endet über dem Sprunggelenk.

Die im Zuchtziel festgelegten Körpermaße betragen für die Kreuzbeinhöhe 140 - 150 cm bei Kühen sowie für das Körpergewicht 650 - 850 kg bei Kühen.

Weiterhin wird die genetische Hornlosigkeit im Zuchtziel berücksichtigt. In der nachstehenden Abbildung 4.1 ist der ökonomische Gesamtzuchtwert schematisch aufgezeigt.

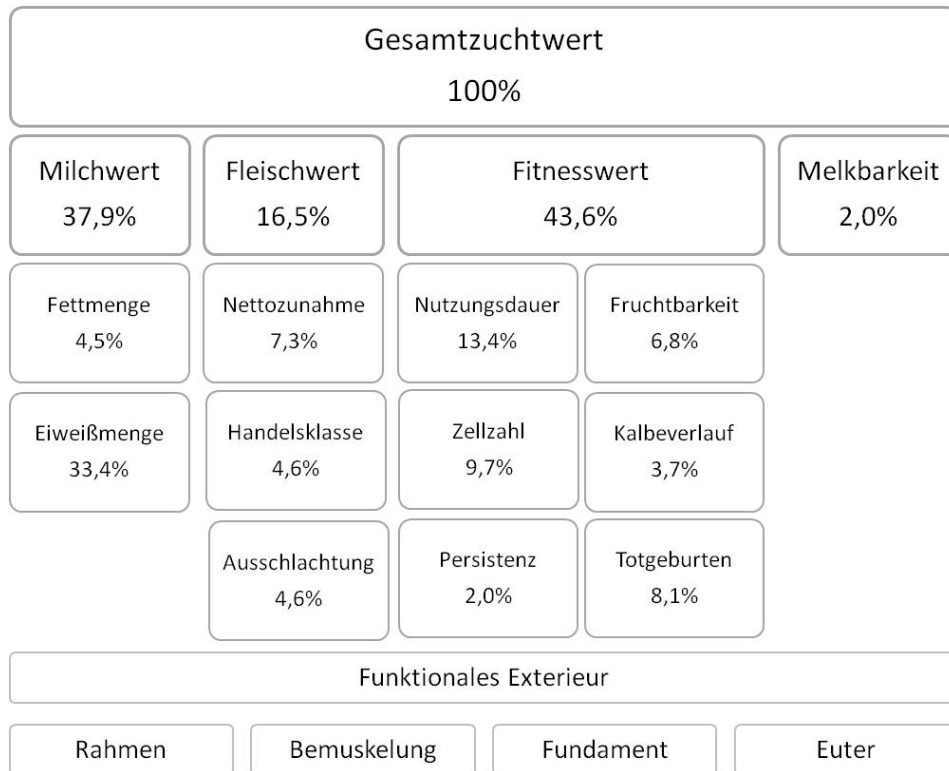


Abb. 4.1: Aufteilung des ökonomischen Gesamtzuchtwertes in Teilzuchtwerte

## 5 Heutiger Stand

Im Jahr 2008 wurden insgesamt 3,460,000 Tiere der Rasse Fleckvieh in Deutschland gehalten, wovon 1,150,000 Kühe waren.<sup>1</sup> Ein Großteil (84,3 %) der Fleckvieh Population wurde in Bayern gehalten. Der überwiegende Rest wurde in Baden–Württemberg (13,5 %) gehalten.

Es gab 18409 Herdbuch–Betriebe in denen 673539 Kühe standen. Der Anteil an Kühen, die in der Milchleistungsprüfung erfasst wurden, lag bei 78,1 %. 836,119 Tiere gehörten zur aktiven Zuchtpopulation. Der Anteil der künstlichen Besamung belief sich auf 93,5 %, der Anteil der Kühe, die unter MLP standen und künstlich besamt wurden machte 73,0 % der Gesamtpopulation aus.

Nachfolgend sind einige Leistungsparameter der MLP-Kühe aufgelistet.

- Durchschnittliche jährliche Milchleistung 6806 kg,

<sup>1</sup>Alle Angaben dieses Kapitels sind dem ASR Jahresbericht 2008 entnommen [ASR 2009].



- 4,14 % Fett und 3,48 % Eiweiß,
- Zwischenkalbezeit 394 Tage,
- Durchschnittsalter 4,7 Jahre,
- Durchschnittliches Abgangsalter 5,4 Jahre.

Die täglichen Zunahmen für Auktionsbullen seit der Geburt beliefen sich im Jahr 2008 auf 1334 g bei der Eigenleistungsprüfung im Feld.

## 6 **Verwendete Datensätze**

Für die nachfolgenden Analysen wurden 3 verschiedene Datensätze verwendet.

### **Datensatz A**

Für die statistische und deskriptive Analyse der Population (vgl. Kapitel 7) kam der Datensatz A zur Verwendung. Im Datensatz A sind Tiere enthalten, die in den letzten 10 vollständig besetzten Geburtsjahrgängen geboren wurden. Es konnten somit deskriptive Analysen für diesen Zeitraum gemacht werden. Entwicklungen und Verläufe, die an der untersuchten Population beobachtet werden können, konnten so über einen ausreichend großen Zeitraum dargestellt und analysiert werden. Gleichzeitig ist der Bezug zur lebenden, aktiven Zuchtpopulation gegeben, da viele der Tiere im untersuchten Datensatz noch während der Analyse zur lebenden Zuchtpopulation gehörten. Ein ausschließliches Betrachten der lebenden Zuchttiere ist für die deskriptive Datenanalyse jedoch nicht sinnvoll. Ein zu kurzer Untersuchungszeitraum und eine nicht ausreichende Besetzung der Jahrgänge würde für eine fundierte Analyse nicht ausreichen.

### **Datensatz B**

Die Berechnung der Populationsparameter wie Inzucht und effektive Populationsgröße erfolgte auf der Grundlage eines weiteren Datensatzes B. Dieser Datensatz B

umfasst alle Tiere der aktuellen Population samt Abstammungen bis zur definierten Basis (Geburtsjahrgang 1950). Als zur aktuellen Population zugehörig wurden alle Tiere behandelt, die zur letzten Generation aktiver Zuchttiere gehörten. Es wurde dazu wieder vom letzten vollbesetzten Geburtsjahrgang ausgegangen und eine Generation zurückgegangen.

Um eine Vereinheitlichung zwischen den Rassen zu erreichen, wurde die Generationenlänge für die Generierung des Datensatzes auf 6 Jahre festgelegt. Die tatsächliche Generationenlänge kann natürlich von Rasse zu Rasse abweichen.

Für die Tiere, die in dem festgelegten Zeitraum von 6 Jahren geboren wurden, wurde das Pedigree bis zur definierten Basis aufgebaut.

### **Datensatz C**

Um einen Datensatz verwenden zu können, der nur Tiere berücksichtigt, die ein möglichst vollständiges Fleckvieh Fleisch–Pedigree aufweisen, wurde ein weiterer Datensatz C erstellt, der ein Sub–Datensatz des Datensatzes B ist. Der Datensatz C wurde ebenfalls zu Berechnung der Populationsparameter verwendet. Somit konnten die Ergebnisse beider Datensätze direkt gegenüber gestellt werden.

Im Datensatz B werden Einkreuzungen fremder Rassen als Genzufluss aus einer unverwandten Basis betrachtet (Immigration). Immigration kann bereits in geringem Umfang den Inzuchtanstieg abbremsen und führt somit zu höheren Schätzwerten für die inzuchteffektive Populationgröße. Dies kann zu Fehleinschätzungen der Entwicklung der rassespezifischen Diversität führen. Im Datensatz C wurde deshalb unter Verwendung des Kriteriums des ‚pedigree completeness index‘ (PCI) die Gesamtbetrachtung auf die Tiere der aktuellen Population eingeschränkt, die über ein ausreichend tiefes rassespezifisches Pedigree verfügen (PCI von 0.7 auf 8 Generationen). Ein Vergleich der Ergebnisse basierend auf den Datenbeständen B und C erlaubt somit eine ungefähre Abschätzung des Effektes von Immigration auf den Inzuchtanstieg. Ergebnisse basierend auf Datensatz C dürften allerdings mehr Aussagekraft in Bezug auf die Entwicklungen einer rassespezifischen ‚Kernpopulation‘ haben.

## 7 Beschreibende Analyse der aktuellen Population

Für die nachfolgenden Analysen wurde der Datensatz A als Berechnungsbasis herangezogen (siehe Kapitel 6). Es wurden Daten von Tieren der Geburtsjahrgänge 1997 bis 2006 untersucht. Der Datensatz A bestand aus insgesamt 3929125 Tieren (3903191 weibliche und 25933 männliche). In der untersuchten 10-Jahresperiode wurden insgesamt 38664 Väter und 2591895 Mütter eingesetzt.

Um einen vollständigeren Überblick über das verwendete Datenmaterial zu gewinnen, dient die Tabelle 7.1. Für jeden Geburtsjahrgang ist die Anzahl der in diesem Jahr geborenen Tiere abgetragen. Weiterhin sind in den folgenden Spalten die Anzahl der in diesem Geburtsjahrgang eingesetzten Mütter und der eingesetzten Väter abgetragen. Mütter und Väter können demnach mehrfach gezählt werden, wenn sie in mehreren Jahren zum Einsatz kommen. Für die im jeweiligen Geburtsjahrgang der untersuchten Tiere eingesetzten Väter sind weiterhin die minimale, maximale und durchschnittliche Anzahl von Nachkommen aufgelistet. In der zweiten Tabellenhälfte sind dieselben Angaben enthalten, allerdings werden für diese Berechnungen ausschließlich Tiere verwendet, deren Vater und Mutter Fleisch Fleckvieh-Tiere sind.

Tab. 7.1: Anzahl der Tiere mit Eltern für die gesamte Population und für Tiere mit Fleckvieh-Eltern (GJ=Geburtsjahr, n Mütter=Anzahl Mütter, Min., Max., Mitt.= minimale, maximale und mittlere Anzahl Nachkommen je Vater im jeweiligen Geburtsjahrgang)

noftab	GJ	Alle Tiere					Nur Tiere mit Fleckvieh-Eltern						
		n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.
1	1997	408554	373034	8329	1	8527	44	350129	342529	7350	1	8331	48
2	1998	408090	379143	8179	1	7627	46	352904	345221	7142	1	7440	49
3	1999	403548	377679	8067	1	8630	46	351623	343250	7033	1	8474	50
4	2000	409636	388855	7690	1	10553	49	358561	349658	6601	1	10348	54
5	2001	399885	384254	7354	1	14172	50	351971	342864	6281	1	13869	56
6	2002	389049	375628	7301	1	10530	49	341328	333255	6157	1	10200	55
7	2003	390016	377318	7166	1	12867	51	342731	334123	5987	1	12591	57
8	2004	383908	372521	7193	1	7731	50	337938	329572	5992	1	7495	56
9	2005	379954	370049	7261	1	12273	49	335721	327409	5966	1	11985	56
10	2006	356484	348047	7230	1	15687	47	316244	308931	5934	1	15196	53

Die Anzahl der Jahre, in denen ein Vater– bzw. Muttertier eingesetzt wurde, liegt bei 2.66 Jahren für die Väter und bei 2.04 Jahren für die Mütter.

In der Abbildung 7.1 ist die absolute Anzahl von Tieren im verwendeten Datensatz unterteilt nach Rassezugehörigkeit des Vaters gezeigt.

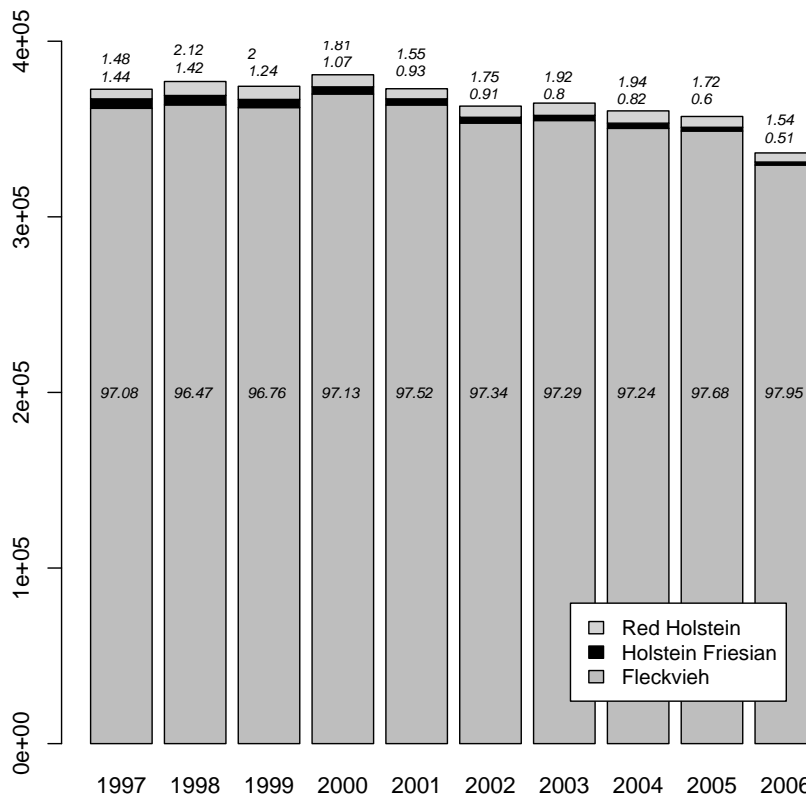


Abb. 7.1: Absolute Anzahl der Tiere im Datensatz und Rassezugehörigkeit (in Prozent) ihrer Väter

Einen Überblick über die Rassezugehörigkeit und die Herkunft der eingesetzten Väter gibt die Tabelle 7.2. In der Tabelle ist sowohl die Anzahl der eingesetzten Väter als auch die Anzahl der Nachkommen dargestellt.

Tab. 7.2: Herkunftsland und -rasse der Väter (AUS= Australien, AUT = Österreich, BEL = Belgien, CAN = Kanada, CZE = Tschechien, DNK = Dänemark, FRA = Frankreich, DEU = Deutschland, HUN = Ungarn, IRL = Irland, ITA = Italien, LUX = Luxemburg, NLD = Niederlande, POL = Polen, SVK = Slowakei, SVN = Slowenien, ESP = Spanien, SWE = Schweden, CHE = Schweiz, GBR = Grossbritannien, Zahl vor Schrägstrich = Anzahl Väter, Zahl hinter Schrägstrich = Anzahl Nachkommen)

Herkunft	Total	Fleckvieh	Braunvieh	Holstein	Red Holstein	Sonstige
AUS	6/108	5/105	0/0	1/3	0/0	0/0
AUT	10605/596997	10081/593150	94/144	237/3098	3/7	206/619
BEL	21/97	0/0	0/0	3/36	3/3	15/58
CAN	145/4863	10/12	0/0	106/1425	29/3421	2/5
CZE	34/1417	27/1316	0/0	0/0	1/87	6/14
DNK	47/119	12/40	0/0	9/23	0/0	26/56
FRA	227/17255	142/16454	0/0	65/640	2/120	27/62
DEU	26525/2984395	22659/2936572	964/2389	1610/12091	868/29697	623/3770
HUN	4/10	1/4	0/0	1/1	0/0	2/5
IRL	4/12	0/0	0/0	2/7	0/0	2/5
ITA	77/2225	31/1824	9/12	21/113	8/43	8/233
LUX	5/2994	1/3	0/0	2/3	3/2988	0/0
NLD	250/8378	0/0	0/0	164/1229	85/7133	3/16
POL	2/3	1/1	0/0	1/2	0/0	0/0
SVK	11/854	11/854	0/0	0/0	0/0	0/0
SVN	4/76	4/76	0/0	0/0	0/0	0/0
ESP	1/1	0/0	0/0	0/0	1/1	0/0
SWE	3/6	0/0	0/0	0/0	0/0	3/6
CHE	123/4156	91/3047	7/11	17/258	9/840	6/6
GBR	2/7	0/0	0/0	2/7	0/0	0/0
USA	267/12715	10/586	18/29	168/1172	66/10916	9/12

## 8 Berechnung und Analyse der Populationsparameter

Grundlage für die Berechnungen der Populationsparameter waren der Datensatz B (siehe Kapitel 6), als auch der Datensatz C, bei dem die aktuelle Population auf Basis des PCI eingeschränkt wurde. Es konnten so beide Populationen (Fleisch Fleckvieh-Population mit Einkreuzung rassefremder Tiere (Datensatz B) und Fleisch Fleckvieh-Population mit tiefem Fleisch Fleckvieh-Pedigree (Datensatz C)) direkt miteinander verglichen und die Ergebnisse gegenübergestellt werden.

Die Auswahl der aktuellen Population erfolgte im aktuellen Bericht für den Zeitraum von 1997 bis 2003. In der aktuellen Population von Datensatz B befanden sich 21 15312 Tiere und von Datensatz C 17 53631 Tiere. Für die gesamte Population betrachtet (aktuelle Population samt Pedigree) ergaben sich Populationsgrößen von 4 554 797 Tieren im Datensatz B und 4 130 865 Tieren im Datensatz C. Das bedeutet, dass 9 % der im ursprünglichen Datensatz B befindlichen Tiere durch die Einschränkung mittels PCI ausgeschlossen wurden.

Die Besetzung der Geburtsjahrgänge für die Datensätze B und C wird in Abbildung

8.1 dargestellt. Der sprunghafte Anstieg der Tierzahlen im Jahr 1997 ist dadurch begründet, dass ab diesem Jahr alle Tiere, die sich in der Zuchtpopulation befanden, berücksichtigt werden. Von 1950 bis 1997 sind lediglich deren Vorfahren vorhanden.

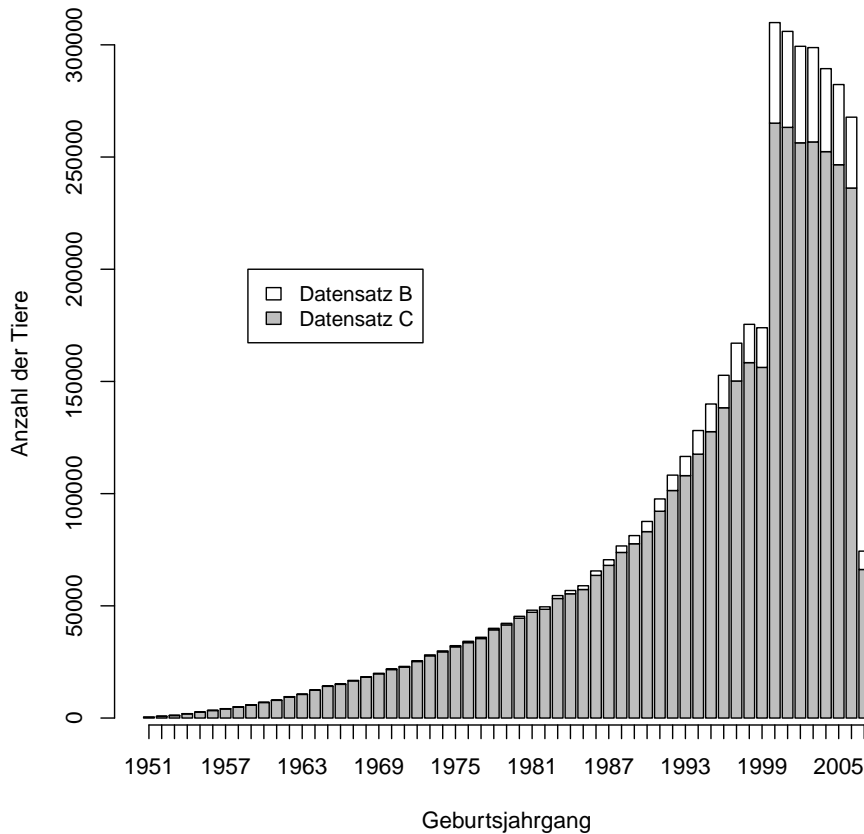


Abb. 8.1: Besetzung der Geburtsjahrgänge für Datensatz B und Datensatz C

## 8.1 Generationsintervall

Das Generationsintervall wurde für den Zeitraum von 1970 bis 2000 berechnet. Dieses Zeitfenster wurde gewählt um sicherzustellen, dass vollständige Generationen berechnet werden können. In der folgenden Abbildung 8.2 ist der Verlauf der Generationsintervalle berechnet für die 4 Vererbungspfade dargestellt. Aus den Einzelwerten für die 4 Vererbungspfade wurde über die Jahre ein arithmetisches Mittel berechnet.



Das sich daraus ergebene mittlere Generationsintervall für die Fleckvieh-Population lag bei 6.26 Jahren.

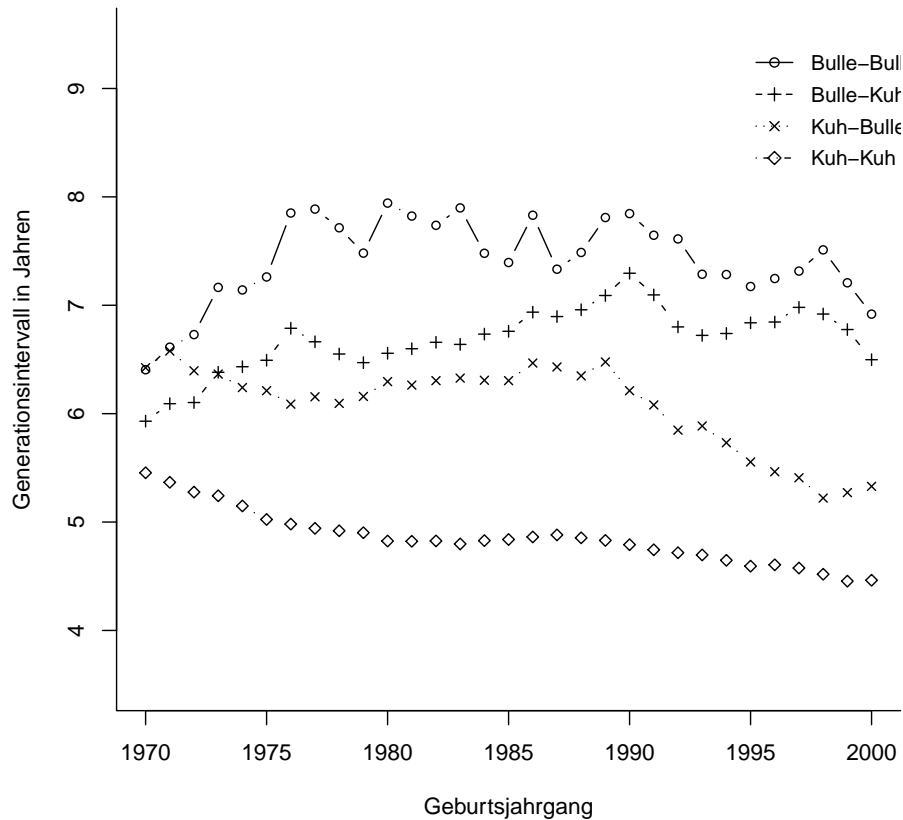


Abb. 8.2: Verlauf des Generationsintervalles für die vier Vererbungspfade für die Geburtsjahrgänge 1970 bis 2000

Tab. 8.1: Mittleres Generationsintervall in Jahren für jeden Vererbungspfad, berechnet für den Zeitraum von 1970 bis 2000

Pfad	Bulle-Bulle	Bulle-Kuh	Kuh-Bulle	Kuh-Kuh
	7.42	6.69	6.07	4.85

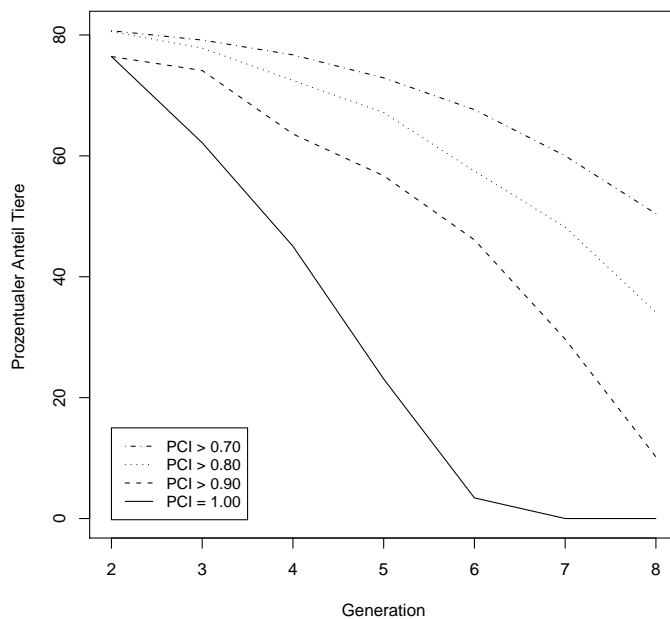


Abb. 8.3: Prozentualer Anteil der Tiere des gesamten Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

## 8.2 Pedigree-Vollständigkeit

Um gezielte Aussagen über die Inzuchtentwicklung und die daraus resultierenden Parameter gewinnen zu können, wurde die vorliegende Population im Datensatz B auf Vollständigkeit des Pedigrees, den Pedigree Completeness Index (PCI), hin untersucht.

Es wurde eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen gefordert, sowie verschiedene Mindestwerte für den PCI. In den Abbildungen 8.3 und 8.4 ist jeweils der prozentuale Anteil der Tiere dargestellt, die für die jeweilige Pedigreetiefe die geforderten Mindestwerte erfüllen. In der Abbildung 8.3 werden alle Tiere im gesamten Pedigree der aktuellen Population berücksichtigt, in Abbildung 8.4 wird die Pedigree Completeness nur für Tiere berechnet, die sich in der aktuellen Population befinden, also zur letzten Generation gehören. Da diese Tiere ein tieferes und vollständigeres Pedigree aufweisen, erhöhen sich die prozentualen Anteile von Tieren, die die geforderten Mindestwerte erreichen.

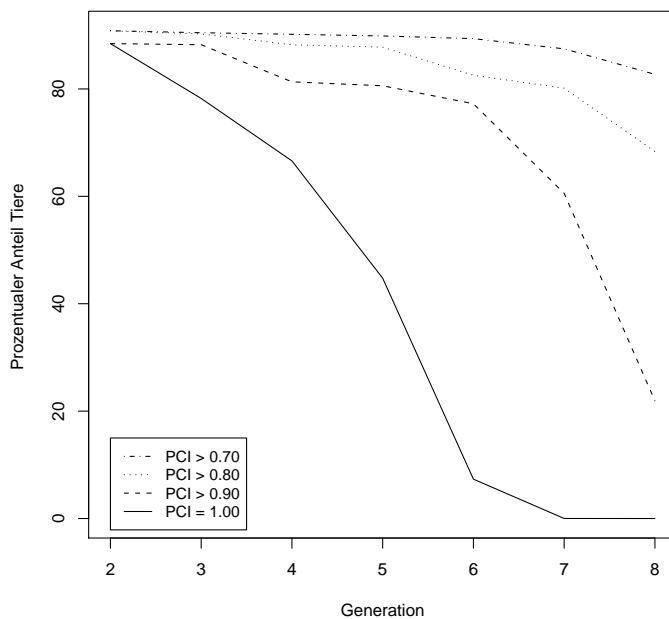


Abb. 8.4: Prozentualer Anteil der Tiere der aktuellen Population des Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

Der Verlauf der PCI über die Geburtsjahrgänge für eine Pedigreetiefe von 2 Generationen ist für die beiden verwendeten Datensätze gemeinsam in Abbildung 8.5 dargestellt.

### 8.3 Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry

Die effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) wurde sowohl auf Basis der Inzucht als auch auf Basis der Coancestry berechnet. Es sollte dadurch erreicht werden, eventuelle Differenzen zwischen beiden Methoden sichtbar zu machen und so z.B. gezielt in der Population betriebene Inzuchtvermeidung aufzudecken. In der Abbildung 8.6 sind die Kurvenverläufe der Inzucht und Coancestry dargestellt. Weiterhin ist die effektive Populationsgröße in der jeweiligen Grafik abgetragen. Für die Berechnung der effektiven Populationsgröße wurde das Jahr 1990 als Basisjahr für die Regression festgelegt. Es kann so davon ausgegangen werden, dass die Jahrgänge ausreichend besetzt

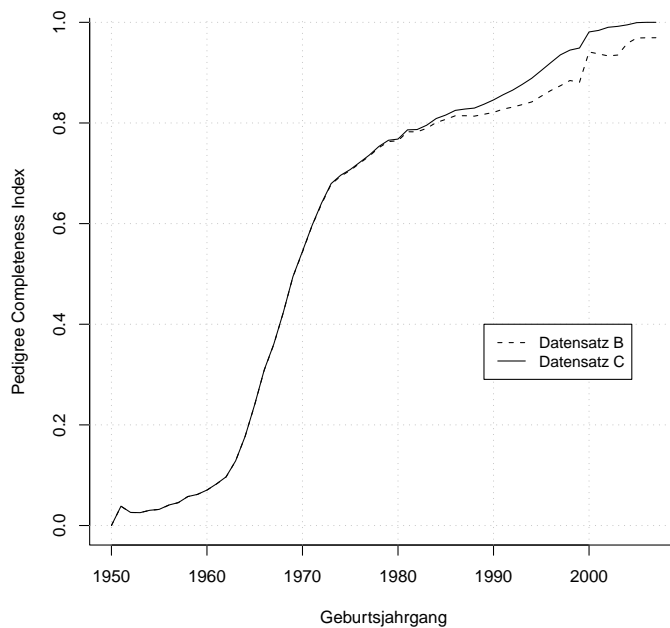


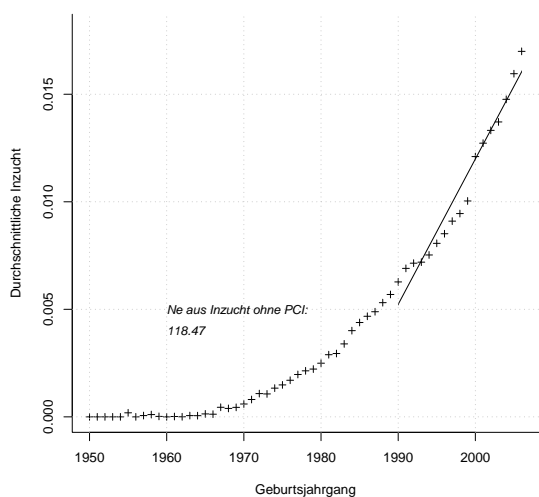
Abb. 8.5: Verlauf des Pedigree Completeness Index berechnet für beide Datensätze mit einer Pedigreetiefe von 2 Generationen

sind und die Abstammungen weitgehend vollständig sind. Das Generationsintervall, das für die Berechnung ebenfalls benötigt wurde, betrug 6.26 Jahre (vgl. Kapitel 8.1). Um vergleichende Aussagen zwischen Rassen treffen zu können, wurde das Verhältnis von tatsächlicher Populationsgröße der aktuellen Population und effektiver Populationsgröße aus Inzucht berechnet. Es betrug für den verwendeten Datensatz B 1:17856 (effektiv:tatsächlich) und für den Datensatz C 1:17551.

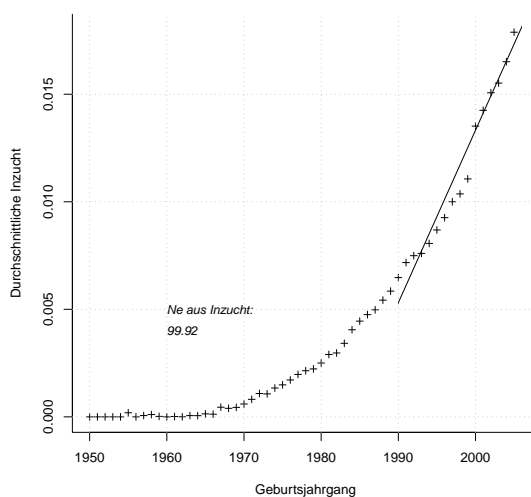
## 8.4 Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge

Für die Analyse der effektiven Anzahl der Basistiere (effective founders,  $f_e$ ) und der effektiven Anzahl der Ahnen (effective ancestors,  $f_a$ ) ergaben sich die in Tabelle 8.2 angegebenen Werte. Zusätzlich sind die Schätzwerte für die  $N_e$  angegeben.

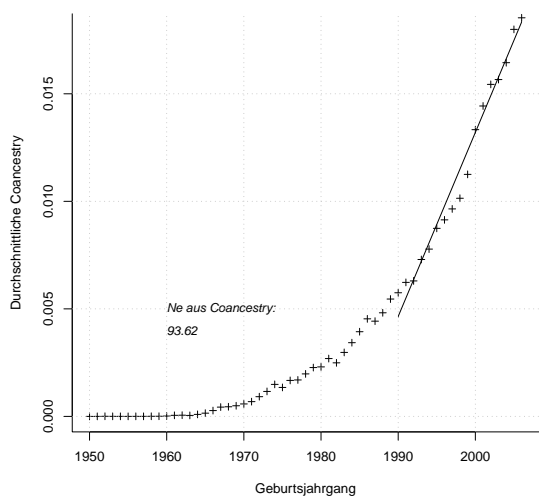
Um sich einen Überblick über eventuelle Flaschenhalseignisse in der Population zu verschaffen, wurden die marginalisierten Beiträge der Ahnen berechnet. Der Verlauf dieser Beiträge ist für die Bullen in der Abbildung 8.7 zu sehen. Über den ausgepräg-



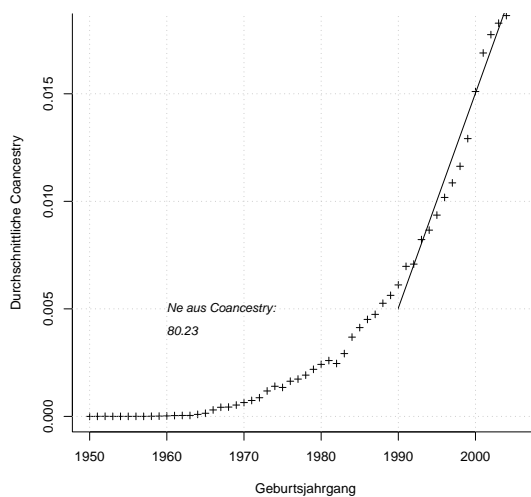
(a) Inzucht (Datensatz B)



(b) Inzucht (Datensatz C)



(c) Coancestry (Datensatz B)



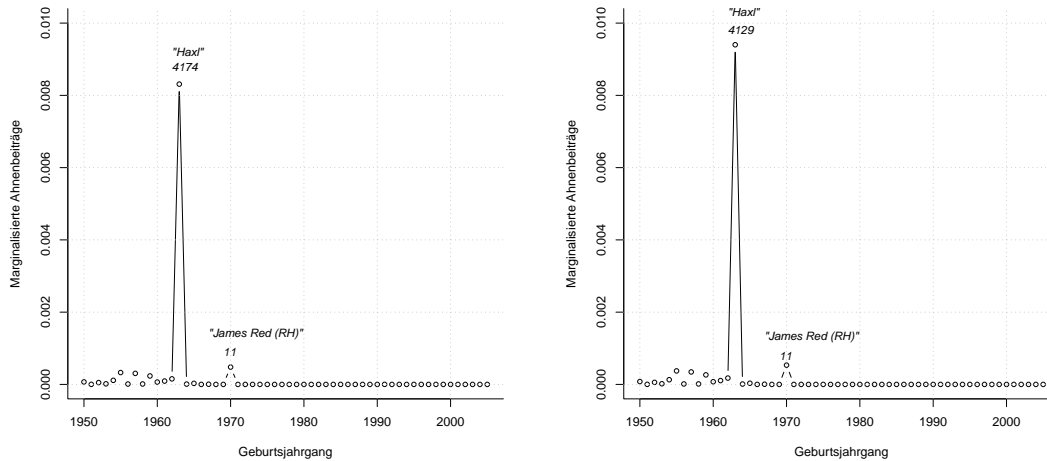
(d) Coancestry (Datensatz C)

Abb. 8.6: Verlauf der Inzucht und Coancestry getrennt nach Datensätzen

Tab. 8.2: Berechnete Populationsparameter

Parameter	Datensatz B	Datensatz C
Ne aus Inzucht / Ne aus Coancestry	118 / 94	100 / 80
$f_e$	127	112
$f_a$	49	48

testen Peaks ist der dazugehörige Bulle namentlich erwähnt sowie die Anzahl seiner direkten Nachkommen. Gehört der Bulle einer Fremdrasse an, so ist dessen Rasse hinter dem Bullennamen eingefügt.



(a) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz B) (b) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz C)

Abb. 8.7: Darstellung der marginalisierten Ahnenbeiträge der Bullen in der Fleckvieh-Population (RH = Red Holstein)

Eine Übersicht über die Rassebeiträge an der aktuellen Population für die Datensätze B und C geben die Tabellen 8.3 und 8.4.

Um Aussagen über den zeitlichen Verlauf der Rassebeiträge machen zu können, wurden für Datensatz C die Rassebeiträge je Geburtsjahrgang für die Geburtsjahrgänge 1980 bis 2004 berechnet. Die Ergebnisse sind in Abbildung 8.8 dargestellt. Es muss bei der Interpretation beachtet werden, dass im Datensatz lediglich Gelbvieh-Tiere der aktuellen Generation mit ihren Eltern enthalten sind.

Tab. 8.3: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz B)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
<i>Holstein</i>	1.81
<i>RedHolstein</i>	3.66
<i>Sonstige</i>	4.70
<i>Fleckvieh</i>	89.83

Tab. 8.4: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz C)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
<i>Holstein</i>	1.00
<i>RedHolstein</i>	2.82
<i>Sonstige</i>	3.19
<i>Fleckvieh</i>	92.98

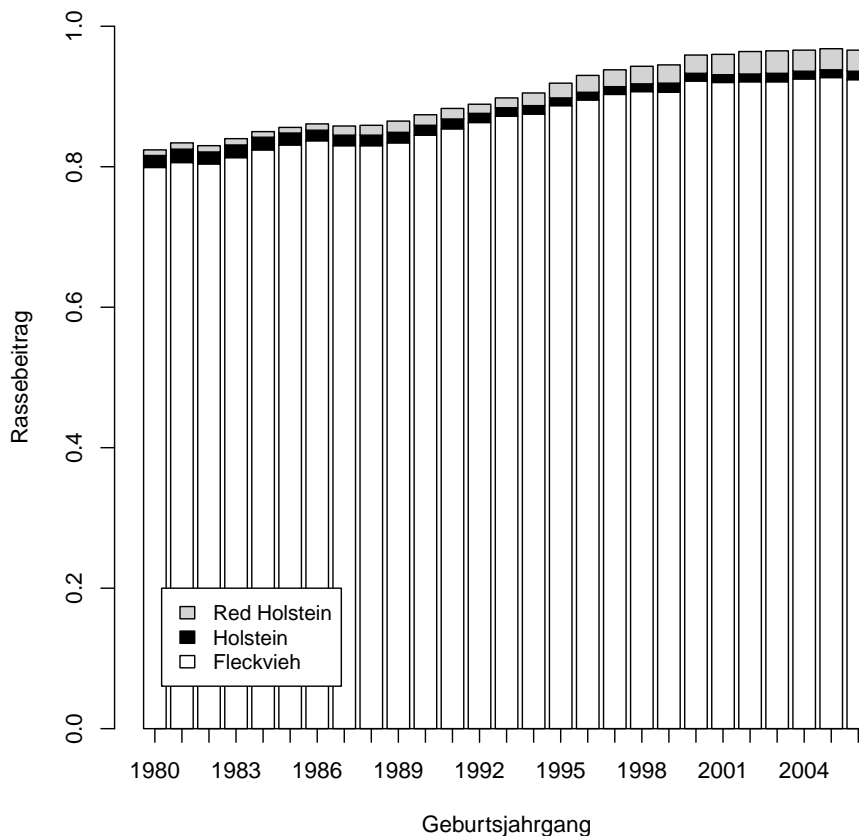


Abb. 8.8: Rassebeiträge im Verlauf über die Geburtsjahrgänge (Datensatz C)

## 9 Interpretation der Ergebnisse

Die Rasse Fleckvieh zeichnet sich durch ein sehr großes und gut dokumentiertes Pedigree aus. Aufgrund der Tatsache, dass in Relation zur Größe des Pedigrees nur recht wenig unbekannte Abstammungen vorkommen und auch der Grad der Ein-

kreuzungen in den letzten Jahren gering war, war der Verlust von Tieren bei der Einschränkung mittels PCI von Datensatz A zu Datensatz B mit 9 % ebenfalls niedrig. Die Kurvenverläufe der mittleren Inzucht- und Coancestrykoeffizienten je Geburtsjahrgang sind in den beiden Datensätzen sehr ähnlich. Die aus dem Anstieg der Inzucht- bzw. Coancestrykoeffizienten berechnete  $N_e$  ist etwas höher, wenn der Anstieg der Inzuchtkoeffizienten zugrunde gelegt wird. In Populationen mit weitgehender Zufallspaarung im Bezug auf das verwandtschaftliche Verhältnis der verpaarten Tiere sollte der Schätzwert für  $N_e$  basierend auf dem Anstieg des durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten in etwa äquivalent zu dem Schätzwert auf der Grundlage des durchschnittlichen Verwandtschaftsverhältnisses (Coancestry) sein. Liegt  $N_e$  aus dem Inzuchtkoeffizienten deutlich über der aus Coancestry, ist dies ein Beleg für eine intensiv praktizierte Strategie der Vermeidungspaarung (selektiv und sehr konsequent durchgeführte Verpaarung von wenig verwandten Tieren). Anhand der Ergebnisse lässt sich darauf schließen, dass auf eine Inzuchtvermeidung bei den Anpaarungen geachtet wird. Sollte diese Strategie auch in Zukunft erfolgreich durchgeführt werden, kann in guter Näherung eine  $N_e$  von **100** angenommen werden. Ein weites Verhältnis von effektiver zu tatsächlicher Populationsgröße von etwa 1:17600 und ein Generationsintervall von über sechs Jahren wie im vorliegenden Fall können als typische Kennzeichen eines intensiv gemanageten Besamungszuchtprogramms gewertet werden.

Kenngrößen wie die effektive Anzahl von Basistieren ( $f_e$ ) oder die Anzahl der effektiven Ahnen ( $f_a$ ), sind gut in der Lage, die Effekte von genetischer Drift zu quantifizieren. Liegt die Anzahl der effektiven Basistiere noch in etwa gleich auf mit den  $N_e$ -Berechnungen, liegt die Anzahl der effektiven Ahnen mit etwa 49 Tieren deutlich unter der inzuchteffektiven Populationsgröße. Dies ist ein Beleg für einen erheblichen Verlust genetischer Diversität durch genetische Drift im Züchtungsprozess der letzten 30 bis 40 Jahre. Dieser Verlust dürfte vorwiegend durch den starken Einsatz einiger weniger Top-Besamungsbullen in der Vergangenheit zu erklären sein. Hier spielt vor allem der Bulle Haxl eine entscheidende Rolle, der, obwohl bereits Anfang der 1960er Jahre geboren, immer noch einen erheblichen Einfluss auf die aktuelle Zuchtpopulation hat. Als zweitwichtigster Ahn tritt der Bulle James Red auf, ein Red Holstein-Bulle. Der Einsatz von Red Holstein-Blut zur Verbesserung der Milchleistung im Fleckvieh



spielt nach wie vor eine gewisse Rolle in der Fleckvieh–Zucht. Dies kommt ebenfalls durch die wieder ansteigenden Rassebeiträge in den letzten Jahren zum Ausdruck.

## 10 Erbfehler beim Rind

### 10.1 Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind

Unter Erbfehlern versteht man „Missbildungen und Störungen normaler Vorgänge, die ererbt worden sind“ [KRÄUSSLICH 1994]. Solche Missbildungen und Störungen treten vorwiegend prä-, peri- und postnatal auf, können sich aber auch erst später zeigen. Viele dieser Erbfehler sind letal und führen somit zu erheblichen wirtschaftlichen Einbußen in der Rinderhaltung.

Die meisten Erbfehler werden monogen homozygot rezessiv vererbt, wodurch die Häufigkeiten von Erbfehlern in Populationen sehr gering sind. Durch bestimmte Faktoren kann diese Häufigkeit allerdings durch Zufall erhöht werden. So kann z.B. ein übermäßiger Einsatz eines für einen Erbfehler heterozygoten aber sonst sehr leistungsstarken Besamungsbullen zu einer massiven Erhöhung des Auftretens dieses Erbfehlers nach einigen Generationen führen. Auch können sich homozygot unerwünschte Gene leichter ausbreiten, wenn sie in heterozygoten Tieren günstige Effekte bewirken. So wirkt sich z.B. das mutierte Gen beim Braunvieh, das homozygot zum Zwergenwuchs führt, bei heterozygoten Tieren in einem kleineren und gedrungenem Körperbau aus, was vor einigen Jahren dem Zuchtziel dieser Rasse entsprach. Ungewollt wurden also heterozygote Trägertiere des unerwünschten Gens selektiert. Ein weiteres Beispiel ist das Weaver-Gen bei Brown Swiss Rindern. Dieses Gen ist eng gekoppelt mit einem Gen, das zu erhöhter Milchleistung führt und wurde daher indirekt mit selektiert [KRÄUSSLICH 1994].

Aktuelle Informationen über den molekulargenetischen Hintergrund verschiedener genetischer Defekte beim Rind sind in der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) zu finden. Im Moment werden 376 verschiedene Phänotypen beim Rind beschrieben, wobei 75 davon zu den Single-Locus

Merkmale zählen. Für 43 Phänotypen konnte bereits die ursächliche DNA-Mutation ermittelt werden.

Die wirtschaftlich wichtigsten Erbfehler beim Rind sollen im Folgenden kurz beschrieben werden.

### **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Erblich bedingt Immunschwäche. Kälber sterben meist in den ersten Lebenswochen an banalen Infektionen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Missbildungen an der Wirbelsäule mit Auswirkungen auf die Gliedmaßen. Kälber sterben spätestens kurz nach der Geburt.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Es kommt zu einer Unterproduktion von Uridin-Monophosphat, das ein wichtiger Baustein der Pyrimidin-Nukleotide darstellt. Betroffene Tiere sterben schon im embryonalen Stadium ab.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **Citrullinämie**

Harnstoff-Zyklus ist durch einen Enzymdefekt gestört. Die Kälber sterben 3–5 Tage nach der Geburt an einer Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Motorische Neuronen in Rückenmark, Hirnstamm und motorischen Hirnrindengebieten sind stark dezimiert. Die betroffenen Kälber zeigen im Alter von wenigen Wochen Muskelschwäche bzw. Schwund der Skelettmuskulatur mit Festliegen in Brustla-

ge, herabgesetzten spinalen Reflexen und pumpender Atmung. Die Erkrankung verläuft innerhalb weniger Wochen tödlich.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **SDM (Spinale Dysmelisierung)**

Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nervenzellgebieten gekennzeichnet ist. Die erkrankten Kälber liegen zumeist gleich nach der Geburt in Seitenlage mit nach vorne gestreckten Gliedmaßen fest. Der Kopf ist häufig nach oben hinten gerichtet ('Mondguckerhaltung').

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Erste Krankheitszeichen entwickeln sich bei den betroffenen Tieren im Alter von mehreren Monaten. Diese zeigen sich in Form von Nachhandschwäche, Schwierigkeiten beim Aufstehen und unsicherem, schwankendem Gang. Innerhalb von 1-3 Jahren kommt es zum Festliegen des erkrankten Tieres und zum Tod.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Neben übermäßig langen, dünnen Gliedmaßen mit abnorm beweglichen und steifen, verkrümmten Gelenken als offensichtlichste Mißbildung weisen erkrankte Tiere häufig Schädeldeformationen, Wirbelsäulenverkrümmungen sowie Veränderungen an Blutgefäßen und zentralem Nervensystem auf. Kälber werden tot geboren oder verenden kurz nach der Geburt.

Betroffene Rassen: Fleckvieh, Brown Swiss, Deutsche Holsteins, Limousin

## 10.2 Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Fleckvieh

Bei der Rasse Fleckvieh wird seit einigen Jahren regelmäßig der Erbfehlerstatus bei Risikotieren für Arachnomelie durchgeführt. In der nachfolgenden Tabelle 10.1 wird ein Überblick über den Erbfehlerstatus und den Hornstatus von Bullen der Geburtsjahrgänge 1997 bis 2006 gegeben. Es gingen nur Bullen in die Analyse ein, die im Besitz einer bayerischen oder baden-württembergischen Besamungsstation waren bzw. sind.

Tab. 10.1: Überblick über den Erbfehler- und Hornstatus (*PP* = homozygot hornlos, *Pp* = heterozygot hornlos, *P* = phänotypisch hornlos, *PS* = Wackelhörner) beim Fleckvieh

Jahr	Arachnomelie				Hornstatus				
	lt. Test frei	aufgrund NK Träger	lt. Test Träger	frei NK im Feld	nach Test	PP	Pp	P	PS
1997	9	5	2	0		0	1	0	0
1998	3	2	5	0		0	0	0	0
1999	2	1	0	0		1	0	0	0
2000	3	0	1	0		4	1	1	2
2001	25	4	14	1		2	2	0	2
2002	14	0	5	0		1	4	1	1
2003	35	3	5	0		1	4	0	3
2004	29	4	6	0		0	4	0	2
2005	35	5	4	0		1	4	0	3
2006	34	3	0	0		0	1	0	4



# Literaturverzeichnis

[ASR 2007] ASR (2007). *Deutsches Fleckvieh*. Technischer Bericht, Arbeitsgemeinschaft Süddeutscher Rinderzucht - und Besamungsstationen e.V. Centrale Marketinggesellschaft der deutschen Agrarwirtschaft mbH.

[ASR 2009] ASR (2009). *Jahresbericht 2008*. Technischer Bericht, Arbeitsgemeinschaft Süddeutscher Rinderzucht- und Besamungsorganisationen e.V.

[KRÄUSSLICH 1994] KRÄUSSLICH, H. (1994). *Tierzüchtungslehre*. Eugen Ulmer, Stuttgart, 4. Aufl.

[SAMBRAUS 2001] SAMBRAUS, H. H. (2001). *Farbatlas Nutzierrassen*. Eugen Ulmer, Stuttgart, 6. Aufl.

# Monitoring tiergenetischer Ressourcen

–GELBVIEH–



herausgegeben von  
Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft  
2. Juli 2010



**Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

**Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V. (ADR)

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL)

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (VIT)

Quelle Titelbild: LfL



# Inhaltsverzeichnis

1	Anerkannte Zuchtverbände . . . . .	4
2	Rassebeschreibung . . . . .	5
3	Zuchtgeschichte . . . . .	6
4	Zuchtprogramm . . . . .	6
5	Zuchtziel . . . . .	8
6	Heutiger Stand . . . . .	9
7	Verwendete Datensätze . . . . .	10
8	Beschreibende Analyse der aktuellen Population . . . . .	12
9	Berechnung und Analyse der Populationsparameter . . . . .	15
9.1	Generationsintervall . . . . .	16
9.2	Pedigree-Vollständigkeit . . . . .	17
9.3	Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry . . . . .	19
9.4	Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge . . . . .	20
10	Interpretation der Ergebnisse . . . . .	23
11	Erbfehler beim Rind . . . . .	25
11.1	Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind . . . . .	25
11.2	Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Gelbvieh . . . . .	28
	<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>29</b>

# 1 Anerkannte Zuchtverbände

## **Rinderzuchtverband Würzburg e.V.**

Von-Luxburg-Str. 4

97074 Würzburg

Tel.: 0931/7904-800

email: [rzv.wuerzburg@alf-wu.bayern.de](mailto:rzv.wuerzburg@alf-wu.bayern.de)

[www.rzv-wuerzburg.bayern.de](http://www.rzv-wuerzburg.bayern.de)



## **Rinderzuchtverband Mittelfranken e.V.**

Kaltengreuther Str. 1

91522 Ansbach

Tel.: 0981/48842-0

email: [Rinderzuchtverband-Ansbach@t-online.de](mailto:Rinderzuchtverband-Ansbach@t-online.de)

[www.rzv-mittelfranken.bayern.de](http://www.rzv-mittelfranken.bayern.de)



## 2 Rassebeschreibung



Abb. 2.1: Gelbvieh-Kuh, Quelle: Strotz, AELF Ansbach

Das Gelbvieh oder Frankenvieh zeichnet sich durch einen großen Wuchs, gute Bemuskulung und kräftige Knochen aus. Die Fellfarbe ist hellgelb bis rot. Das Maul ist normalerweise hell, gelegentlich kommt auch ein dunkles Flotzmaul vor. Gelbvieh ist behornt.

Die Wiederristhöhe beträgt beim Bullen 150 – 158 cm und bei der Kuh 138 – 142 cm. Die Körpergewichte variieren beim Bullen zwischen 1150 und 1300 kg und bei der Kuh zwischen 700 und 800 kg [SAMBRAUS 2001].

Gelbvieh wird als milchbetonte Zweinutzungsrasse gehalten. Es ist sehr frohwüchsig, frühreif, gutartig und hat in der Regel leichte Abkalbungen. Die jährliche Milchleistung der Herdbuch-Tiere liegt bei 5600 kg mit 4,1 % Fett und 3,5 % Eiweiß. Die täglichen Zunahmen der Mastbullen liegen bei 1300 g.

### 3 Zuchtgeschichte

Das heutige Gelbvieh ist aus dem altfränkischen Rind entstanden, welches klein, spätreif und von roter Fellfarbe war. Da das altfränkische Rind nicht genug Zugleistung besaß, wurden ab 1800 verschiedene andere Rinderrassen eingekreuzt. Dabei hatte das Heilbronner Vieh den größten Einfluss. Nach und nach wurden die rotbraunen Linien aufgegeben und es wurden Rinder mit gelber Fellfärbung selektiert. Ab 1860 wurden vermehrt einfarbige Simmentaler Bullen eingekreuzt, um die Mastfähigkeit zu verbessern [SAMBRAUS 2001].

Um 1875 begann man, planmäßig auf eine gelbe Fellfarbe, gute Arbeitsleistung und Mastfähigkeit zu selektieren. Außerdem wurde ein spezielles Augenmerk auf Reinzucht gelegt, um die Vermarktung von Zugochsen nach Nord- und Ostdeutschland zu gewährleisten. Die Weltwirtschaftskrise und die Kriegswirren des 2. Weltkrieges ließen die Zuchterfolge dramatisch absinken. Hinzu kam eine Verdrängung der Arbeitsochsen auf dem Feld durch den Traktor. Die Zucht konzentrierte sich daher zunehmend auf eine Erhöhung der Milchleistung. Um dieses Ziel zu erreichen, wurden 1963 700 Samenportionen des Dänischen Rotviehs eingeführt. Die Bemühungen gingen jedoch auf Kosten der Fleischleistung [GLOCK 1994], so dass die D-Linie (Gründertier Dänisches Rotvieh) mittlerweile ausgeschieden ist.

Anfang der 1980er Jahre wurden 4 Bullen der Rasse Rote Flamen eingesetzt. Wieder war das Ziel, die Milchleistung zu verbessern. Von den 4 Bullen konnte sich allerdings nur der Bulle Monty als Linienbegründer (Mo-Linie) behaupten.

In den letzten Jahren nahm der Gelbvieh-Bestand in Deutschland weiter ab. Die ehemaligen Reinzuchtbestände werden mehr und mehr von Fleckvieh verdrängt.

### 4 Zuchtprogramm

Das Hauptverbreitungsgebiet des Gelbviehs ist Franken. Züchterisch bearbeitet wird diese Rinderrasse daher hauptsächlich vom Rinderzuchtverband Würzburg. Es wird eine scharfe Selektion der nächsten Jungbullengeneration und eine Leistungsprüfung

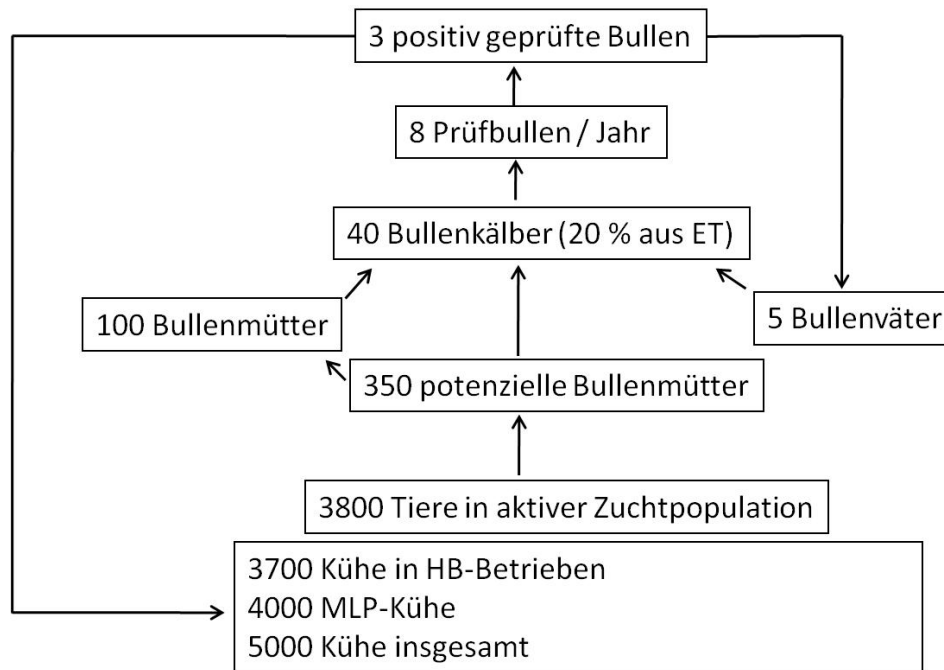


Abb. 4.1: Schematische Darstellung des Zuchtprogramms bei Gelbvieh [ASR 2009]

ihrer Nachkommen durchgeführt.

Das Zuchtprogramm ist Teil des Zuchtprogramms der Vereinigung zur Förderung der Rinderzucht e.V. (VFR). Eine schematische Darstellung des Zuchtprogramms ist in Abbildung 4.1 zu finden.

Zu verwendende Bullenväter werden vierteljährlich im Anschluss an die Zuchtwertschätzung festgelegt. Um das Aussterben von Linien zu vermeiden, werden neben den Leistungsinformationen auch Blutlinien berücksichtigt. Jedes Jahr werden im Zuchtprogramm 3 bis 5 Spitzenbullen eingesetzt.

Pro Jahr werden ca. 100 Bullenmütter aus der aktiven Zuchtpopulation ausgewählt. Diese Kühe zeichnen sich durch hohe Zuchtwerte in Milch-, Fleisch- und Fitnessleistung aus.

Im Rahmen des Gelbvieh-Zuchtprogramms werden jährlich etwa 10 Embryo-Transfer-Programme durchgeführt. Daneben gibt es die konventionellen gezielten Anpaarungen, bei denen ca. 100 Anpaarungen von Bullenmüttern und 20 Anpaarungen von Jungkühen und Jungrindern mit einem Spitzenvererber vorgenommen werden. Daraus entstehende männliche Kälber werden anschließend aufgrund ihres Zuchtwertes und ihres Exterieurs selektiert und einer ca. 14-monatigen Eigenleistungsprüfung im

Feld unterzogen. Die Fleischleistung wird in 3 Vertragsbetrieben als gelenkte Feldprüfung durchgeführt. Wird der Jungbulle dann der Körkommission vorgestellt, bewertet diese die Merkmale Rahmen, Bemuskulung und Fundament und entscheidet dadurch, ob der Bulle für den Prüfeinsatz geeignet ist. In den Prüfeinsatz kommen jährlich ca. 8 Jungbullen. Jeder Prüfbulle wird ca. 350-mal an Gelbvieh-Kühe der aktiven Zuchtpopulation in Erstbesamungen angepaart. Es können daraus Leistungsinformationen von 30 bis 40 Töchtern für die Zuchtwertschätzung des Bullen herangezogen werden.

## 5 Zuchtziel

Das Zuchtziel des Gelbviehs konzentriert sich auf eine fleischbetonte Doppelnutzung. Die mittlere Jahresmilchleistung sollte bei ca. 6000 kg mit 3,90 % Eiweiß und 3,70 % Fett liegen.

Masttiere sollen lang anhaltendes Fleischwachstum ohne nachteilige Verfettung zeigen. Die täglichen Zunahmen sollen bei 1300 g liegen. Die gewünschte Schlachtausbeute liegt bei 60 %. Das Fleisch ist feinfaserig, gut marmoriert und hat einen ausgezeichneten Geschmack.

Bei den funktionalen Merkmalen spielen vor allem Frühreife, lange Nutzungsdauer, leichte Abkalbungen sowie ein ausgeglichener Charakter eine Rolle.

Die im Zuchtziel festgelegten Körpermaße betragen für die Widerristhöhe 148 - 160 cm bei Bullen und 138 - 145 cm bei Kühen sowie für das Körpergewicht 1100 - 1300 kg bei Bullen und 700 - 800 kg bei Kühen.

Weiterhin wird die genetische Hornlosigkeit im Zuchtziel berücksichtigt. In der nachstehenden Abbildung 5.1 ist der ökonomische Gesamtzuchtwert schematisch aufgezeigt.

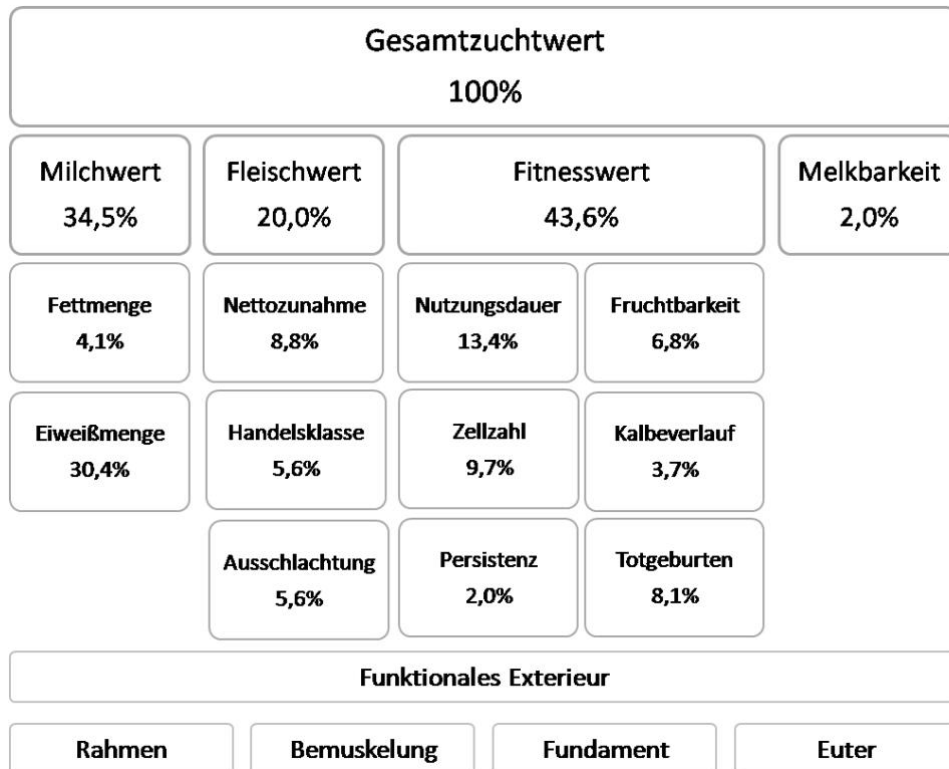


Abb. 5.1: Aufteilung des ökonomischen Gesamtzuchtwertes in Teilzuchtwerte

## 6 Heutiger Stand

Im Jahr 2008 wurden insgesamt 11000 Tiere der Rasse Gelbvieh gehalten, wovon 5500 Kühe waren.<sup>1</sup> Ein Großteil (96,4 %) der Gelbvieh Population wurde in Bayern gehalten. Lediglich ein kleiner Anteil wurde in Berlin / Brandenburg (1,8 %), Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz und dem Saarland (1,1 %) und in Sachsen (0,7 %) gehalten.

Es gab 129 Herdbuch-Betriebe in denen 2732 Kühe standen. Der Anteil an Kühen, die in der Milchleistungsprüfung erfasst wurden, lag bei 69,0 %. 3628 Tiere gehörten zur aktiven Zuchtpopulation. Der Anteil der künstlichen Besamung belief sich auf 95 %, der Anteil der Kühe, die unter MLP standen und künstlich besamt wurden machte 66,0 % der Gesamtpopulation aus.

Nachfolgend sind einige Leistungsparameter der MLP-Kühe aufgelistet.

<sup>1</sup>Alle Angaben dieses Kapitels sind dem ASR Jahresbericht 2008 entnommen [ASR 2009].

- Durchschnittliche jährliche Milchleistung 5607 kg,
- 4,19 % Fett und 3,52 % Eiweiß,
- Erstkalbealter 30 Monate,
- Zwischenkalbezeit 401 Tage,
- Durchschnittsalter 4,8 Jahre,
- Durchschnittliches Abgangsalter 5,2 Jahre.

Die täglichen Zunahmen für Auktionsbullen seit der Geburt beliefen sich im Jahr 2008 auf 1367 g bei der Eigenleistungsprüfung im Feld.

## 7 **Verwendete Datensätze**

Für die nachfolgenden Analysen wurden 3 verschiedene Datensätze verwendet.

### **Datensatz A**

Für die statistische und deskriptive Analyse der Population (vgl. Kapitel 8) kam der Datensatz A zur Verwendung. Der komplette Datensatz wurde aus zentralen Datenbanken ausgezogen und auf Plausibilität geprüft. Im Datensatz A sind Tiere enthalten, die in den letzten 10 vollständig besetzten Geburtsjahrgängen geboren wurden und unter Milchleistungsprüfung standen. Es konnten somit deskriptive Analysen für diesen Zeitraum gemacht werden. Entwicklungen und Verläufe, die an der untersuchten Population beobachtet werden können, konnten so über einen ausreichend großen Zeitraum dargestellt und analysiert werden. Gleichzeitig ist der Bezug zur lebenden, aktiven Zuchtpopulation gegeben, da viele der Tiere im untersuchten Datensatz noch während der Analyse zur lebenden Zuchtpopulation gehörten. Ein ausschließliches Betrachten der lebenden Zuchttiere ist für die deskriptive Datenanalyse jedoch nicht sinnvoll. Ein zu kurzer Untersuchungszeitraum und eine nicht ausreichende Besetzung der Jahrgänge würde für eine fundierte Analyse nicht ausreichen.



### **Datensatz B**

Die Berechnung der Populationsparameter wie Inzucht und effektive Populationsgröße erfolgte auf der Grundlage eines weiteren Datensatzes B. Dieser Datensatz B umfasst alle Tiere der aktuellen Population samt Abstammungen bis zur definierten Basis (Geburtsjahrgang 1950). Als zur aktuellen Population zugehörig wurden alle Tiere behandelt, die zur letzten Generation aktiver Zuchttiere gehörten. Es wurde dazu wieder vom letzten vollbesetzten Geburtsjahrgang ausgegangen und eine Generation zurückgegangen.

Um eine Vereinheitlichung zwischen den Rassen zu erreichen, wurde die Generationslänge für die Generierung des Datensatzes auf 6 Jahre festgelegt. Die tatsächliche Generationslänge kann natürlich von Rasse zu Rasse abweichen.

Für die Tiere, die in dem festgelegten Zeitraum von 6 Jahren geboren wurden, wurde das Pedigree bis zur definierten Basis aufgebaut.

### **Datensatz C**

Um einen Datensatz verwenden zu können, der nur Tiere berücksichtigt, die ein möglichst vollständiges Gelbvieh-Pedigree aufweisen, wurde ein weiterer Datensatz C erstellt, der ein Sub-Datensatz des Datensatzes B ist. Der Datensatz C wurde ebenfalls zu Berechnung der Populationsparameter verwendet. Somit konnten die Ergebnisse beider Datensätze direkt gegenüber gestellt werden.

Im Datensatz B werden Einkreuzungen fremder Rassen als Genzufluss aus einer unverwandten Basis betrachtet (Immigration). Immigration kann bereits in geringem Umfang den Inzuchtanstieg abbremsen und führt somit zu höheren Schätzwerten für die inzuchteffektive Populationsgröße. Dies kann zu Fehleinschätzungen der Entwicklung der rassespezifischen Diversität führen. Im Datensatz C wurde deshalb unter Verwendung des Kriteriums des ‚pedigree completeness index‘ (PCI) die Gesamtbetrachtung auf die Tiere der aktuellen Population eingeschränkt, die über ein ausreichend tiefes rassespezifisches Pedigree verfügen (PCI von 0.7 auf 8 Generationen). Ein Vergleich der Ergebnisse basierend auf den Datenbeständen B und C erlaubt somit eine ungefähre Abschätzung des Effektes von Immigration auf den Inzuchtanstieg. Ergebnisse basierend auf Datensatz C dürften allerdings mehr Aussagekraft in Bezug auf die

Entwicklungen einer rassespezifischen ‚Kernpopulation‘ haben.

## 8 Beschreibende Analyse der aktuellen Population

Für die nachfolgenden Analysen wurde der Datensatz A als Berechnungsbasis herangezogen (siehe Kapitel 7). Es wurden Daten von Tieren der Geburtsjahrgänge 1997 bis 2006 untersucht. Der Datensatz A bestand aus insgesamt 26220 Tieren (25527 weibliche und 693 männliche). In der untersuchten 10-Jahresperiode wurden insgesamt 1326 Väter und 17985 Mütter eingesetzt.

Um einen vollständigeren Überblick über das verwendete Datenmaterial zu gewinnen, dient die Tabelle 8.1. Für jeden Geburtsjahrgang ist die Anzahl der in diesem Jahr geborenen Tiere abgetragen. Weiterhin sind in den folgenden Spalten die Anzahl der in diesem Geburtsjahrgang eingesetzten Mütter und der eingesetzten Väter abgetragen. Mütter und Väter können demnach mehrfach gezählt werden, wenn sie in mehreren Jahren zum Einsatz kommen. Für die im jeweiligen Geburtsjahrgang der untersuchten Tiere eingesetzten Väter sind weiterhin die minimale, maximale und durchschnittliche Anzahl von Nachkommen aufgelistet. In der zweiten Tabellenhälfte sind dieselben Angaben enthalten, allerdings werden für diese Berechnungen ausschließlich Tiere verwendet, deren Vater und Mutter Gelbvieh-Tiere sind.

Tab. 8.1: Anzahl der Tiere mit Eltern für die gesamte Population und für Tiere mit Gelbvieh-Eltern (GJ=Geburtsjahr, n Mütter=Anzahl Mütter, Min., Max., Mitt.= minimale, maximale und mittlere Anzahl Nachkommen je Vater im jeweiligen Geburtsjahrgang)

GJ	Alle Tiere						Nur Tiere mit Gelbvieh-Eltern					
	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.
1997	4293	3861	265	1	374	14	2650	2608	80	1	324	33
1998	3821	3460	280	1	561	12	2306	2268	80	1	511	29
1999	3260	2965	277	1	449	10	1937	1902	69	1	394	28
2000	2998	2746	260	1	326	10	1784	1757	68	1	294	26
2001	2612	2430	226	1	202	10	1568	1516	52	1	173	30
2002	2417	2253	212	1	162	10	1525	1481	60	1	154	25
2003	2101	1986	220	1	223	9	1382	1341	58	1	207	24
2004	1768	1694	183	1	213	9	1154	1128	53	1	193	22
2005	1611	1576	172	1	330	9	1126	1102	65	1	298	17
2006	1339	1311	175	1	186	7	918	902	61	1	172	15

Die Anzahl der Jahre, in denen ein Vater– bzw. Muttertier eingesetzt wurde, liegt bei 2.63 Jahren für die Väter und bei 1.77 Jahren für die Mütter.

In der Abbildung 8.1 ist die absolute Anzahl von Tieren im verwendeten Datensatz unterteilt nach Rassezugehörigkeit des Vaters gezeigt.

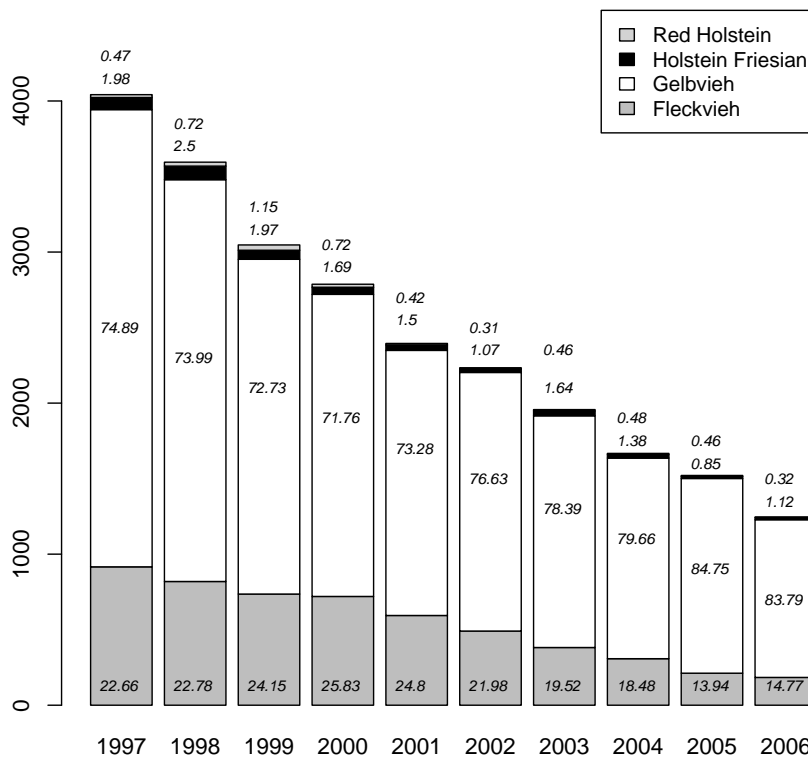


Abb. 8.1: Absolute Anzahl der Tiere im Datensatz und Rassezugehörigkeit (in Prozent) ihrer Väter

Einen Überblick über die Rassezugehörigkeit und die Herkunft der eingesetzten Väter gibt die Tabelle 8.2. In der Tabelle ist sowohl die Anzahl der eingesetzten Väter als auch die Anzahl der Nachkommen dargestellt.

Tab. 8.2: Herkunftsland und -rasse der Väter (AUS = Australien, AUT = Österreich, CAN = Kanada, CZE = Tschechien, FRA = Frankreich, DEU = Deutschland, ITA = Italien, NLD = Niederlande, GBR = Grossbritannien, Zahl vor Schrägstrich = Anzahl Väter, Zahl hinter Schrägstrich = Anzahl Nachkommen)

Herkunft	Total	Fleckvieh	Gelbvieh	Holstein	Red Holstein	Sonstige
AUS	1/1	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
AUT	14/33	14/33	0/0	0/0	0/0	0/0
CAN	16/38	0/0	2/2	12/28	2/8	0/0
CZE	1/1	0/0	0/0	0/0	1/1	0/0
FRA	4/4	0/0	0/0	4/4	0/0	0/0
DEU	1253/23113	872/4238	260/18512	85/233	24/96	23/38
ITA	1/1	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
NLD	12/21	0/0	0/0	9/14	3/7	0/0
GBR	1/2	0/0	0/0	1/2	0/0	0/0
USA	19/27	0/0	0/0	13/16	6/11	0/0

## 9 Berechnung und Analyse der Populationsparameter

Grundlage für die Berechnungen der Populationsparameter waren der Datensatz B (siehe Kapitel 7), als auch der Datensatz C, bei dem die aktuelle Population auf Basis des PCI eingeschränkt wurde. Es konnten so beide Populationen (Gelbvieh–Population mit Einkreuzung rassefremder Tiere (Datensatz B) und Gelbvieh–Population mit tiefen Gelbvieh–Pedigree (Datensatz C)) direkt miteinander verglichen und die Ergebnisse gegenübergestellt werden.

Die Auswahl der aktuellen Population erfolgte im aktuellen Bericht für den Zeitraum von 2000 bis 2005. In der aktuellen Population von Datensatz B befanden sich 13976 Tiere und von Datensatz C 9070 Tiere. Für die gesamte Population betrachtet (aktuelle Population samt Pedigree) ergaben sich Populationsgrößen von 42739 Tieren im Datensatz B und 31523 Tieren im Datensatz C. Das bedeutet, dass 26 % der im ursprünglichen Datensatz B befindlichen Tiere durch die Einschränkung mittels PCI ausgeschlossen wurden.

Die Besetzung der Geburtsjahrgänge für die Datensätze B und C wird in Abbildung 9.1 dargestellt. Der sprunghafte Anstieg der Tierzahlen im Jahr 2000 ist dadurch be-

gründet, dass ab diesem Jahr alle Tiere, die sich in der Zuchtpopulation befanden, berücksichtigt werden. Von 1950 bis 2000 sind lediglich deren Vorfahren vorhanden.

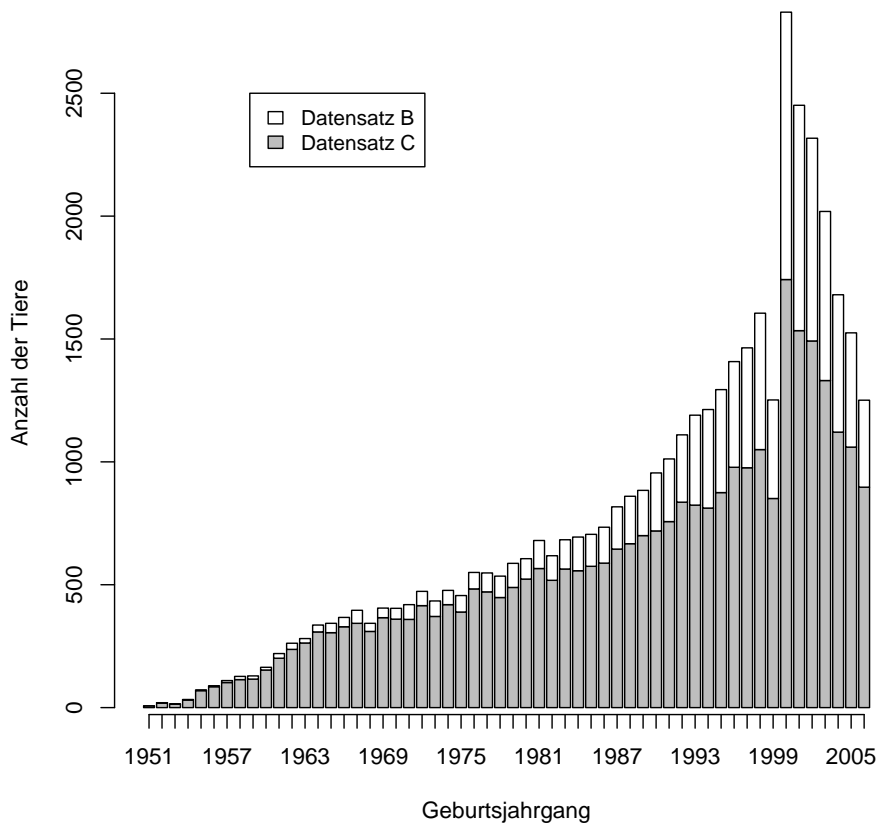


Abb. 9.1: Besetzung der Geburtsjahrgänge für Datensatz B und Datensatz C

### 9.1 Generationsintervall

Das Generationsintervall wurde für den Zeitraum von 1970 bis 2000 berechnet. Dieses Zeitfenster wurde gewählt um sicherzustellen, dass vollständige Generationen berechnet werden können. In der folgenden Abbildung 9.2 ist der Verlauf der Generationsintervalle berechnet für die 4 Vererbungspfade dargestellt. Aus den Einzelwerten für die 4 Vererbungspfade wurde über die Jahre ein arithmetisches Mittel berechnet. Das sich daraus ergebene mittlere Generationsintervall für die Gelbvieh-Population lag bei 6.02 Jahren.

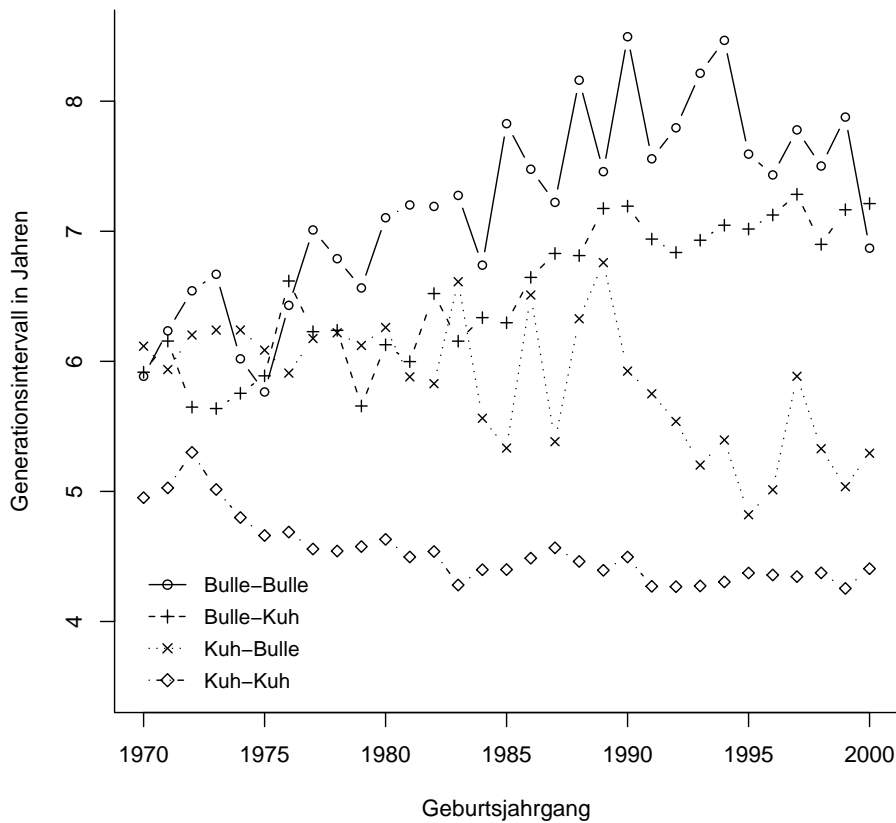


Abb. 9.2: Verlauf des Generationsintervalles für die vier Vererbungspfade für die Geburtsjahrgänge 1970 bis 2000

Tab. 9.1: Mittleres Generationsintervall in Jahren für jeden Vererbungspfad, berechnet für den Zeitraum von 1970 bis 2000

Bulle-Bulle	Bulle-Kuh	Kuh-Bulle	Kuh-Kuh
7.20	6.53	5.84	4.53

## 9.2 Pedigree-Vollständigkeit

Um gezielte Aussagen über die Inzuchtentwicklung und die daraus resultierenden Parameter gewinnen zu können, wurde die vorliegende Population im Datensatz B

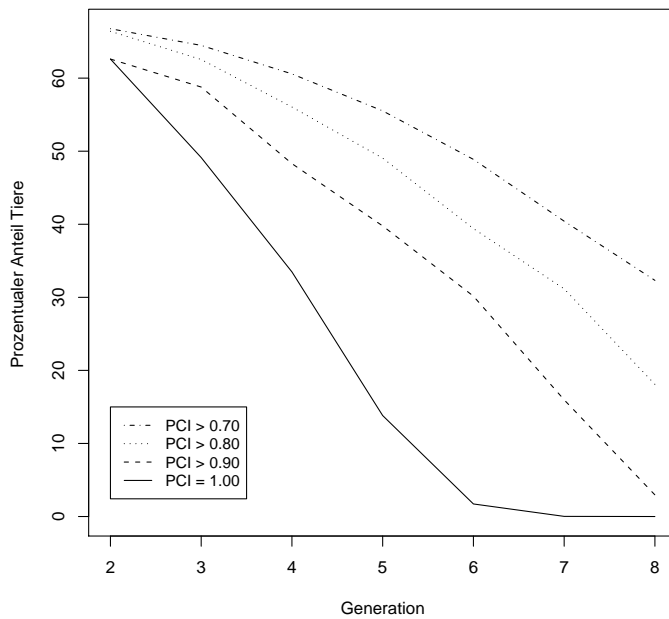


Abb. 9.3: Prozentualer Anteil der Tiere des gesamten Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

auf Vollständigkeit des Pedigrees, den Pedigree Completeness Index (PCI), hin untersucht.

Es wurde eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen gefordert, sowie verschiedene Mindestwerte für den PCI. In den Abbildungen 9.3 und 9.4 ist jeweils der prozentuale Anteil der Tiere dargestellt, die für die jeweilige Pedigreetiefe die geforderten Mindestwerte erfüllen. In der Abbildung 9.3 werden alle Tiere im gesamten Pedigree der aktuellen Population berücksichtigt, in Abbildung 9.4 wird die Pedigree Completeness nur für Tiere berechnet, die sich in der aktuellen Population befinden, also zur letzten Generation gehören. Da diese Tiere ein tieferes und vollständigeres Pedigree aufweisen, erhöhen sich die prozentualen Anteile von Tieren, die die geforderten Mindestwerte erreichen.

Der Verlauf der PCI über die Geburtsjahrgänge für eine Pedigreetiefe von 2 Generationen ist für die beiden verwendeten Datensätze gemeinsam in Abbildung 9.5 dar-



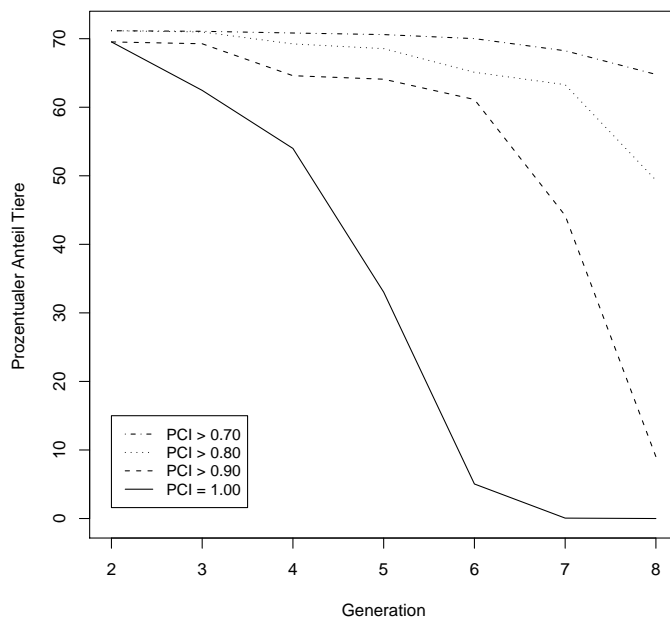


Abb. 9.4: Prozentualer Anteil der Tiere der aktuellen Population des Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

gestellt.

### 9.3 Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry

Die effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) wurde sowohl auf Basis der Inzucht als auch auf Basis der Coancestry berechnet. Es sollte dadurch erreicht werden, eventuelle Differenzen zwischen beiden Methoden sichtbar zu machen und so z.B. gezielt in der Population betriebene Inzuchtvermeidung aufzudecken. In der Abbildung 9.6 sind die Kurvenverläufe der Inzucht und Coancestry dargestellt. Weiterhin ist die effektive Populationsgröße in der jeweiligen Grafik abgetragen. Für die Berechnung der effektiven Populationsgröße wurde das Jahr 1990 als Basisjahr für die Regression festgelegt. Es kann so davon ausgegangen werden, dass die Jahrgänge ausreichend besetzt sind und die Abstammungen weitgehend vollständig sind. Das Generationsintervall, das für die Berechnung ebenfalls benötigt wurde, betrug 6.02 Jahre (vgl. Kapitel 9.1).

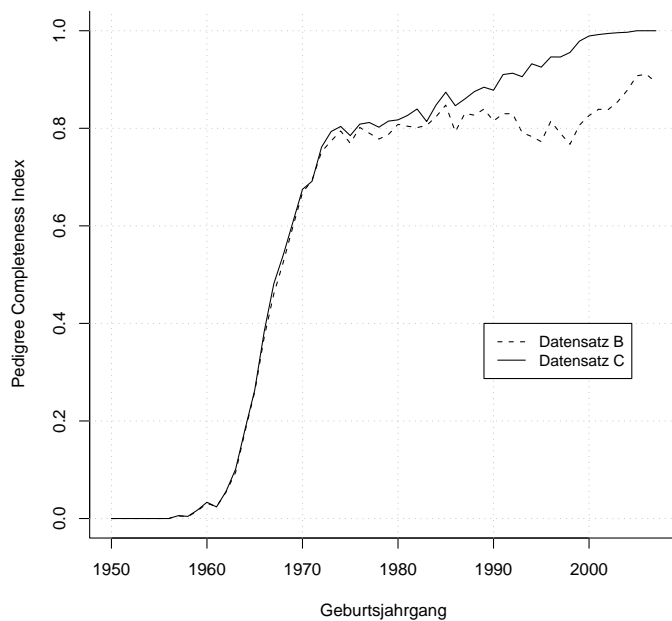


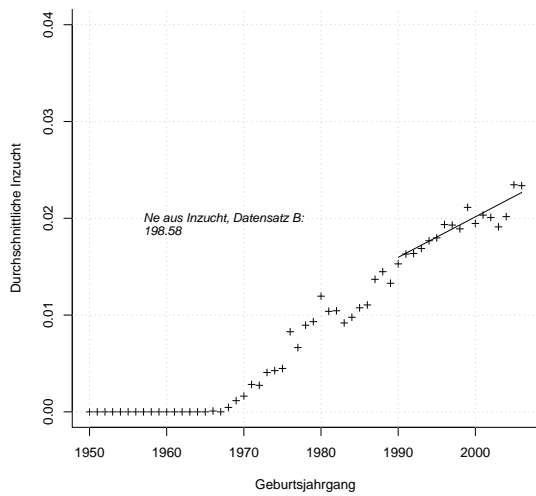
Abb. 9.5: Verlauf des Pedigree Completeness Index berechnet für beide Datensätze mit einer Pedigreetiefe von 2 Generationen

Um vergleichende Aussagen zwischen Rassen treffen zu können, wurde das Verhältnis von tatsächlicher Populationsgröße der aktuellen Population und effektiver Populationsgröße aus Inzucht berechnet. Es betrug für den verwendeten Datensatz B 1:70 (effektiv:tatsächlich) und für den Datensatz C 1:110.

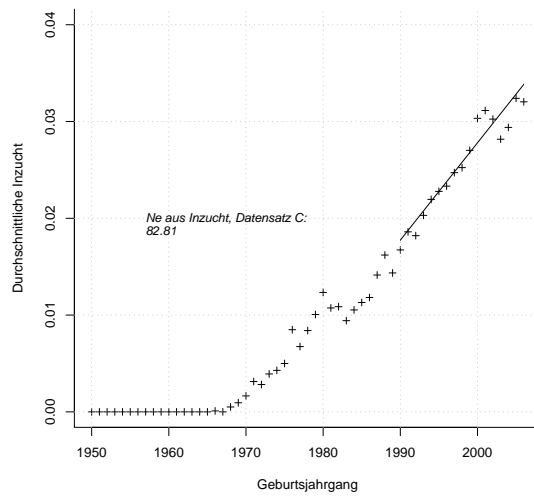
### 9.4 Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge

Für die Analyse der effektiven Anzahl der Basistiere (effective founders,  $f_e$ ) und der effektiven Anzahl der Ahnen (effective ancestors,  $f_a$ ) ergaben sich die in Tabelle 9.2 angegebenen Werte. Zusätzlich sind die Schätzwerte für die  $N_e$  angegeben.

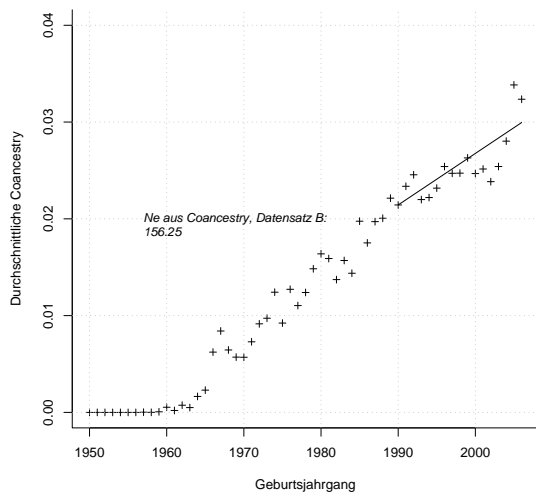
Um sich einen Überblick über eventuelle Flaschenhalsereignisse in der Population zu verschaffen, wurden die marginalisierten Beiträge der Ahnen berechnet. Der Verlauf dieser Beiträge ist für die Bullen in der Abbildung 9.7 zu sehen. Über den ausgeprägtesten Peaks ist der dazugehörige Bulle namentlich erwähnt sowie die Anzahl seiner direkten Nachkommen. Gehört der Bulle einer Fremdrasse an, so ist dessen Rasse



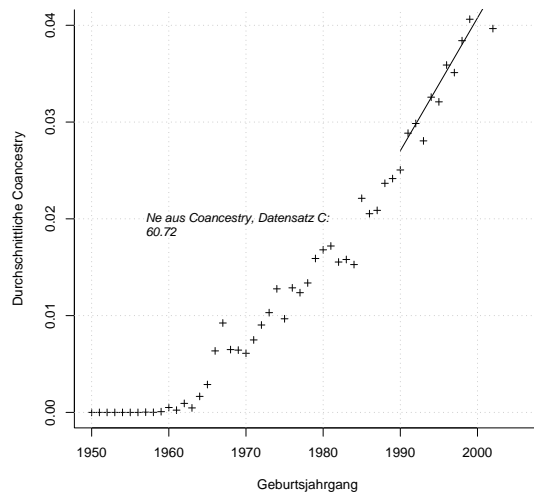
(a) Inzucht (Datensatz B)



(b) Inzucht (Datensatz C)



(c) Coancestry (Datensatz B)



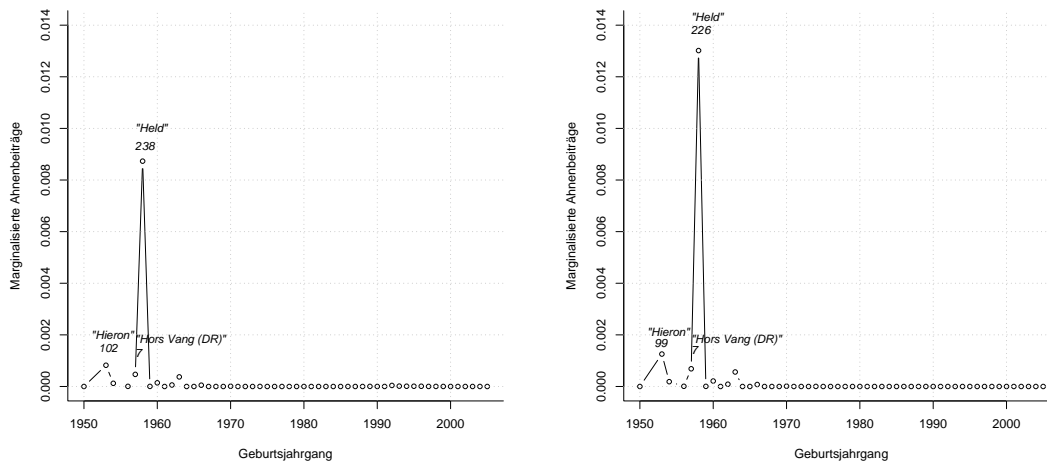
(d) Coancestry (Datensatz C)

Abb. 9.6: Verlauf der Inzucht und Coancestry getrennt nach Datensätzen

Tab. 9.2: Berechnete Populationsparameter

Parameter	Datensatz B	Datensatz C
Ne aus Inzucht / Ne aus Coancestry	199 / 156	83 / 61
$f_e$	64	43
$f_a$	47	33

hinter dem Bullennamen eingefügt.



(a) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz B) (b) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz C)

Abb. 9.7: Darstellung der marginalisierten Ahnenbeiträge der Bullen in der Gelbvieh-Population (DR = Dänisches Rotvieh)

Eine Übersicht über die Rassebeiträge an der aktuellen Population für die Datensätze B und C geben die Tabellen 9.3 und 9.4.

Um Aussagen über den zeitlichen Verlauf der Rassebeiträge machen zu können, wurden für Datensatz C die Rassebeiträge je Geburtsjahrgang für die Geburtsjahrgänge 1980 bis 2004 berechnet. Die Ergebnisse sind in Abbildung 9.8 dargestellt. Es muss bei der Interpretation beachtet werden, dass im Datensatz lediglich Gelbvieh-Tiere der aktuellen Generation mit ihren Eltern enthalten sind.

Tab. 9.3: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz B)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Holstein	1.06
Sonstige	3.00
Dänisches Rotvieh	3.14
Fleckvieh	15.78
Gelbvieh	77.01

Tab. 9.4: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz C)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Sonstige	1.25
Fleckvieh	3.48
Dänisches Rotvieh	3.64
Gelbvieh	91.62

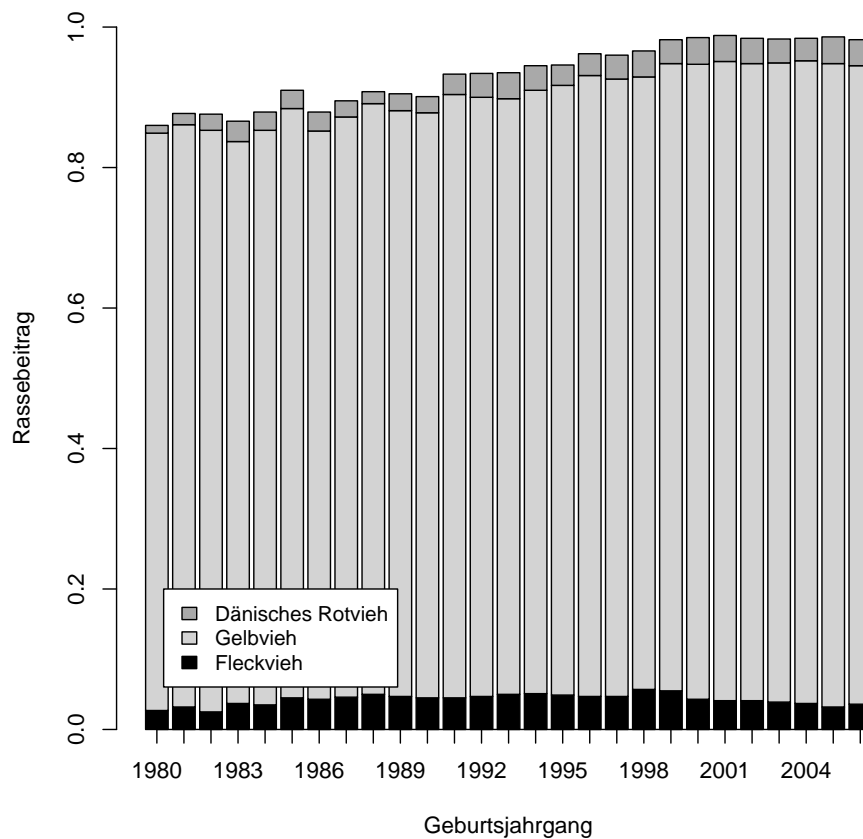


Abb. 9.8: Rassebeiträge im Verlauf über die Geburtsjahrgänge (Datensatz C)

## 10 Interpretation der Ergebnisse

Die Rasse Gelbvieh ist von einer ganzen Reihe von Einflüssen im Hinblick auf den Inzuchtanstieg und das Wirken genetischer Drift betroffen. Die aktive Population ist in den letzten 10 Jahren auf weniger als die Hälfte geschrumpft und es ist keine substantielle Verlangsamung dieses Trends zu beobachten. Hinzu kommt eine perma-

nente Beeinflussung durch Gene der Fleckviehpopulation, die in gewissem Umfang die Kennzeichen einer Verdrängung trägt. Es ist deshalb davon auszugehen, dass es bereits zu einem erheblichen Verlust rassespezifischer Diversität durch genetische Drift gekommen ist. Effekte der angesprochenen Einkreuzung zeigen sich deutlich beim Vergleich der  $N_e$ -Schätzwerte aus den Datensätzen B und C (199 gegenüber 83 basierend auf dem Anstieg des Inzuchtkoeffizienten).

In Populationen mit weitgehender Zufallspaarung im Bezug auf das verwandtschaftliche Verhältnis der verpaarten Tiere sollte der Schätzwert für  $N_e$  basierend auf dem Anstieg des durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten in etwa äquivalent zu dem Schätzwert auf der Grundlage des durchschnittlichen Verwandtschaftsverhältnisses (Coancestry) sein. Liegt  $N_e$  aus dem Inzuchtkoeffizienten deutlich über der aus Coancestry, ist dies ein Beleg für eine intensiv praktizierte Strategie der Vermeidungspaarung (selektiv und sehr konsequent durchgeführte Verpaarung von wenig verwandten Tieren). Dass dies für die Gelbvieh-Population zutrifft, wurde in einem persönlichen Gespräch mit der Zuchtleitung bestätigt.

Unter der Bedingung, dass diese Strategie auch zukünftig konsequent weiter verfolgt wird, kann für das Gelbvieh in guter Näherung eine inzuchteffektive Populationsgröße von **80** angenommen werden. Ein weites Verhältnis von effektiver zu tatsächlicher Populationsgröße von etwa 1:110 und ein Generationsintervall von über sechs Jahren wie im vorliegenden Fall können als typische Kennzeichen eines Besamungszuchtprogramms gewertet werden.

Eine inzuchtspezifische Betrachtungsweise ist insbesondere bei schrumpfender Populationsgröße nicht ausreichend. Kenngrößen wie die effektive Anzahl von Basistieren ( $f_e$ ) oder die Anzahl der effektiven Ahnen ( $f_a$ ), sind besser in der Lage, die Effekte von genetischer Drift zu quantifizieren. Im vorliegenden Fall liegen die Schätzwerte dieser beiden Größen mit 35-45 Tieren deutlich unter der inzuchteffektiven Populationsgröße. Dies ist ein Beleg für einen erheblichen Verlust genetischer Diversität durch genetische Drift und bestätigt die oben ausgesprochene Vermutung.

Um genetische Drift abzubremsen bietet sich insbesondere an, die Anzahl männlicher Zuchttiere zu erhöhen und durch geeignete Maßnahmen sicherzustellen, dass diese etwa gleiche Beiträge zur nächsten Generation aktiver Zuchttiere leisten. Da

eine solche Maßnahme einen erheblichen Eingriff in das Zuchtprogramm darstellt und in aller Regel mit einer Reduzierung des genetischen Fortschritts verbunden ist, muss sie wohl abgewogen werden. Senkt sie die Akzeptanz dieser Rasse in der Produktionsstufe weiter ab, muss sie als kontraproduktiv eingestuft werden.

## 11 Erbfehler beim Rind

### 11.1 Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind

Unter Erbfehlern versteht man „Missbildungen und Störungen normaler Vorgänge, die ererbt worden sind“ [KRÄUSSLICH 1994]. Solche Missbildungen und Störungen treten vorwiegend prä-, peri- und postnatal auf, können sich aber auch erst später zeigen. Viele dieser Erbfehler sind letal und führen somit zu erheblichen wirtschaftlichen Einbußen in der Rinderhaltung.

Die meisten Erbfehler werden monogen homozygot rezessiv vererbt, wodurch die Häufigkeiten von Erbfehlern in Populationen sehr gering sind. Durch bestimmte Faktoren kann diese Häufigkeit allerdings durch Zufall erhöht werden. So kann z.B. ein übermäßiger Einsatz eines für einen Erbfehler heterozygoten aber sonst sehr leistungsstarken Besamungsbullen zu einer massiven Erhöhung des Auftretens dieses Erbfehlers nach einigen Generationen führen. Auch können sich homozygot unerwünschte Gene leichter ausbreiten, wenn sie in heterozygoten Tieren günstige Effekte bewirken. So wirkt sich z.B. das mutierte Gen beim Braunvieh, das homozygot zum Zwergenwuchs führt, bei heterozygoten Tieren in einem kleineren und gedrungenerem Körperbau aus, was vor einigen Jahren dem Zuchtziel dieser Rasse entsprach. Ungewollt wurden also heterozygote Trägartiere des unerwünschten Gens selektiert. Ein weiteres Beispiel ist das Weaver-Gen bei Brown Swiss Rindern. Dieses Gen ist eng gekoppelt mit einem Gen, das zu erhöhter Milchleistung führt und wurde daher indirekt mit selektiert [KRÄUSSLICH 1994].

Aktuelle Informationen über den molekulargenetischen Hintergrund verschiedener genetischer Defekte beim Rind sind in der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inhe-

ritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) zu finden. Im Moment werden 376 verschiedene Phänotypen beim Rind beschrieben, wobei 75 davon zu den Single-Locus Merkmalen zählen. Für 43 Phänotypen konnte bereits die ursächliche DNA-Mutation ermittelt werden.

Die wirtschaftlich wichtigsten Erbfehler beim Rind sollen im Folgenden kurz beschrieben werden.

### **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Erblich bedingt Immunschwäche. Kälber sterben meist in den ersten Lebenswochen an banalen Infektionen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Missbildungen an der Wirbelsäule mit Auswirkungen auf die Gliedmaßen. Kälber sterben spätestens kurz nach der Geburt.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Es kommt zu einer Unterproduktion von Uridin-Monophosphat, das ein wichtiger Baustein der Pyrimidin-Nukleotide darstellt. Betroffene Tiere sterben schon im embryonalen Stadium ab.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **Citrullinämie**

Harnstoff-Zyklus ist durch einen Enzymdefekt gestört. Die Kälber sterben 3–5 Tage nach der Geburt an einer Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Motorische Neuronen in Rückenmark, Hirnstamm und motorischen Hirnrindengebieten



chen sind stark dezimiert. Die betroffenen Kälber zeigen im Alter von wenigen Wochen Muskelschwäche bzw. Schwund der Skelettmuskulatur mit Festliegen in Brustlage, herabgesetzten spinalen Reflexen und pumpender Atmung. Die Erkrankung verläuft innerhalb weniger Wochen tödlich.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **SDM (Spinale Dysmelisierung)**

Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nervenzellgebieten gekennzeichnet ist. Die erkrankten Kälber liegen zumeist gleich nach der Geburt in Seitenlage mit nach vorne gestreckten Gliedmaßen fest. Der Kopf ist häufig nach oben hinten gerichtet ('Mondguckerhaltung').

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Erste Krankheitszeichen entwickeln sich bei den betroffenen Tieren im Alter von mehreren Monaten. Diese zeigen sich in Form von Nachhandschwäche, Schwierigkeiten beim Aufstehen und unsicherem, schwankendem Gang. Innerhalb von 1-3 Jahren kommt es zum Festliegen des erkrankten Tieres und zum Tod.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Neben übermäßig langen, dünnen Gliedmaßen mit abnorm beweglichen und steifen, verkrümmten Gelenken als offensichtlichste Mißbildung weisen erkrankte Tiere häufig Schädeldeformationen, Wirbelsäulenverkrümmungen sowie Veränderungen an Blutgefäßen und zentralem Nervensystem auf. Kälber werden tot geboren oder verenden kurz nach der Geburt.

Betroffene Rassen: Fleckvieh, Brown Swiss, Deutsche Holsteins, Limousin

## **11.2 Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Gelbvieh**

Es liegen z.Zt. keine bekannten Erbfehler beim Gelbvieh vor.

# Literaturverzeichnis

[ASR 2009] ASR (2009). *Jahresbericht 2008*. Technischer Bericht, Arbeitsgemeinschaft Süddeutscher Rinderzucht- und Besamungsorganisationen e.V.

[GLOCK 1994] GLOCK, H. (1994). *Deutsches Gelbvieh - Frankenvieh*. Technischer Bericht, Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V. (GEH).

[KRÄUSSLICH 1994] KRÄUSSLICH, H. (1994). *Tierzüchtungslehre*. Eugen Ulmer, Stuttgart, 4. Aufl.

[SAMBRAUS 2001] SAMBRAUS, H. H. (2001). *Farbatlas Nutzierrassen*. Eugen Ulmer, Stuttgart, 6. Aufl.

# MONITORING TIERGENETISCHER RESSOURCEN

## Teil I

-Glanrind (GR)-



herausgegeben von  
Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung e.V.

## **Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

## **Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V.

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft - Institut für Tierzucht

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

## **Berichtsautor**

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

Adresse: Heideweg 1  
27281 Verden

Internet: [www.vit.de](http://www.vit.de)

e-mail: [info@vit.de](mailto:info@vit.de)

Telefon: 04231-955-10

Fax: 04231-955-166

Ansprechpartner: Friedrich Reinhardt  
Doris Vogel



# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Allgemeine Informationen</b>	<b>4</b>
1.1	Rasseschlüssel . . . . .	4
1.2	Anerkannte Züchtervereinigungen . . . . .	4
1.3	Sonstige Verbände . . . . .	5
1.4	Hauptzuchtgebiet . . . . .	6
<b>2</b>	<b>Rassebeschreibung</b>	<b>7</b>
2.1	Zuchtziel . . . . .	7
2.2	Herkunft und Zuchtgeschichte . . . . .	9
2.2.1	Entstehung . . . . .	9
2.2.2	Entwicklung . . . . .	9
2.3	Zuchtprogramm . . . . .	10
2.4	Heutiger Stand . . . . .	11
2.5	Leistungen . . . . .	12
<b>3</b>	<b>Erbfehler</b>	<b>13</b>
3.1	Erbfehlerproblematik . . . . .	13
3.2	Bekannte Erbfehler beim Rind . . . . .	14

# Tabellenverzeichnis

1	Verteilung der HB-Tiere in in den Mitgliedsbetrieben . . . . .	6
2	Maße und Gewichte . . . . .	7

# 1 Allgemeine Informationen

## 1.1 Rasseschlüssel

TGRDEU - 102

ADR - 73

## 1.2 Anerkannte Züchtervereinigungen

Fleischrinder-Herdbuch Bonn e.V.



Adresse: Magdalenenstraße 25  
53121 Bonn

Internet: [www.fhb-bonn.de](http://www.fhb-bonn.de)

e-mail: [info@fhb-bonn.de](mailto:info@fhb-bonn.de)

Telefon: 022862-94799-0

Fax: 022862-94799-9

## 1.3 Sonstige Verbände

### Bundesverband Deutscher Fleischrindzüchter und -halter e.V. (BDF)



Adresse: Adenauerallee 174  
53113 Bonn  
Internet: [www.bdf-web.de](http://www.bdf-web.de)  
e-mail: [info@bdf-web.de](mailto:info@bdf-web.de)  
Telefon: 0228-91447-24  
Fax: 0228-91447-11

### Verband zur Erhaltung und Förderung des Glan- und Lahnrindes e.V. (VEFGL)



Adresse: Joachim Uebel  
Bretzenheimer Str. 11  
55128 Mainz  
Internet:  
e-mail: [Joachim.Uebel@glanrind.de](mailto:Joachim.Uebel@glanrind.de)  
Telefon: 06131-365977  
Fax: 06131-365977

### Glanrind Züchterverband e.V.



Adresse: Weitersbacher Hof  
66903 Ohmbach  
Internet: [www.glanrinder.de](http://www.glanrinder.de)  
e-mail: [info@glanrindzucht.de](mailto:info@glanrindzucht.de)  
Telefon: 06386-76496  
Fax: 06386-993840



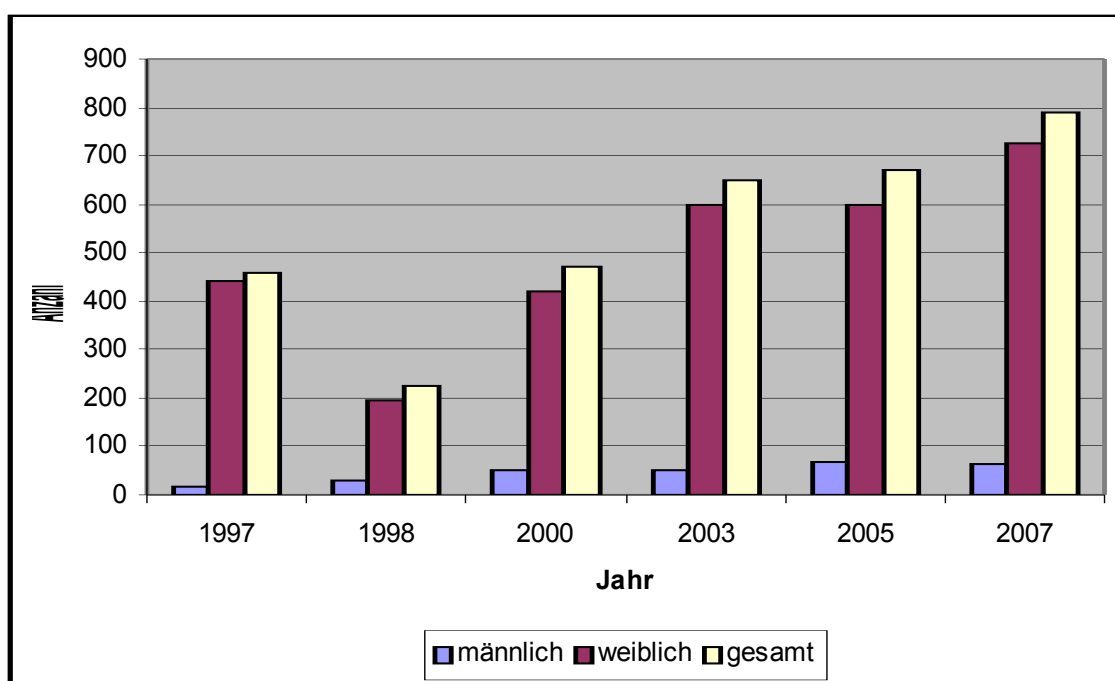
## 1.4 Hauptzuchtgebiet

Das Hauptzuchtgebiet der Glanrinder liegt in den Bundesländern:

- Rheinland-Pfalz
- Nordrhein-Westfalen
- Saarland.

### Abb. 1: Bestandsentwicklung der Glanrinder von 1997 bis 2007

(Quelle: Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V. - 1997 bis 2005, Glanrind-Züchterverband e.V. - 2007)



**Tabelle 1:** Verteilung der HB-Tiere in in den Mitgliedsbetrieben  
(Statistischer Jahresbericht 2009 des BDF)

	Anzahl Betriebe			Anzahl Tiere		
	Herdbuch	Haltung	Gesamt	HB-Bullen	HB-Kühe	Gesamt
<b>Gesamt</b>	71	0	71	60	120	180

## 2 Rassebeschreibung

### 2.1 Zuchtziel

Angestrebt wird ein mittelrahmiges, langlebiges Dreinutzungsrind (Fleisch, Milch, Arbeit) mit korrektem Exterieur und exzellenter Fleischbeschaffenheit.

Durch ihr ruhiges Temperament, ihre guten Muttereigenschaften und Leichtkalbigkeit eignen sich die Kühe gut für die Mutterkuhhaltung. Darüber hinaus verfügt die Glankuh über eine hervorragende Milchleistung, so dass die Frohwüchsigkeit der Kälber gewährleistet ist.

An die Stelle der Arbeit ist heute vielfach der Einsatz in der Landschaftspflege getreten, wo die Tiere durch Verbiss der Dornen und Sträucher der Verbuschung der Kulturlandschaft entgegen wirken.

**Tabelle 2:** Maße und Gewichte

Maße und Gewichte	Bullen	Kühe
Widerristhöhe, cm	140 - 145	135 - 140
Gewicht, kg	1000 - 1200	600 - 750
tägl. Zunahme der Jungbullen, g	1300	-

**Körperbau:** Kopf relativ kurz und breit, breites Flotzmaul  
gerade und feste Rückenlinie  
langes, breites Becken  
tiefer liegende Sitzbeinhöcker bei Betonung des Kreuzkammes  
tiefe Brust und Flanke  
tiefe Wamme  
korrektes und trockenes Fundament, je nach Typ fein bis kräftig  
feste Klauen  
geräumiges, gut angesetztes, drüsiges Euter mit regelmäßiger Strichstellung

**Farbe:** einfarbig hellgelb bis dunkelgelb mit Übergängen zu rötlichen  
Aufhellungen an Augen, Nase, Unterbauch und Innenseite der Beine

**Eigenschaften:** robust  
genügsam  
futterdankbar  
fruchtbar  
leichtkalbig

vitale Kälber  
relativ hohe Milchergiebigkeit für Mutterkühe

## 2.2 Herkunft und Zuchtgeschichte

### 2.2.1 Entstehung

Die Zucht des Glanrindes geht auf eine von Herzog Christian IV. von Pfalz-Zweibrücken erlassene Körverordnung zurück. Mit der Einkreuzung von graubraunem Berner Gebirgsvieh und Simmenthaler Rindern in das meist kleine, rote und teilweise rückenblessige Landvieh entstand ein einfarbiger brauner Viehschlag am Glan und ein hellerer, teilweise gescheckter am Donnersberg. Ersterer leichter, edel und milchreich, wurde Glanrind, der andere schwerer, grobknochiger und robuster, Donnersberger genannt. Im Fortgang der Zuchtgeschichte kam es zum starken Blutaustausch zwischen den beiden benachbarten Zuchtgebieten, dann zum Übergang zur Reinzucht. Die ersten Züchtervereinigungen gründeten sich im 19. Jahrhundert. Hieraus entwickelten sich überregional der Glan-Donnersberger Zuchtverband (später - Zuchtverband für Gelbes Höhenvieh in der Pfalz - ZGHPf) 1898 und der Verband Rheinischer Glanviehzüchter (VGR) 1912, die sich beide um die Reinzucht bemühten.

### 2.2.2 Entwicklung

Ab den 20er Jahren des 20. Jahrhunderts ging man von der Reinzucht zur Blutauffrischung mit Gelbem Frankevieh zur Verbesserung der Form und ab 1953 (ZGHPf) bzw. 1956 (VGR) zur Kombinationskreuzung mit dem Roten Dänischen Milchrind zur Verbesserung der Milchleistung über.

Das Zuchtziel hatte sich im Laufe der Zeit stark gewandelt, obwohl man bis in die 50er Jahre hinein immer noch ein Dreinutzungsrind anstrebte. Während im 19. Jahrhundert die Arbeitsleistung an erster Stelle stand, beschloss man in den 30er Jahren des 20. Jahrhunderts Milch und Fleisch voranzustellen, bis in der Endphase der Zucht ausschließlich auf Milch gezüchtet wurde.

Im Jahre 1959 dürfte mit etwas mehr als 400.000 Tieren der höchste Stand der Rasse erreicht gewesen sein. Danach begann ein Niedergang, der sich von 1967 (Einstellung der Reinzucht) bis 1972 (Auflösung des VGR) hinzog und fast zum Aussterben der Rasse führte.

Als der von der Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V. initiierte Arbeitskreis "Verein zur Erhaltung und Förderung des Glanrindes" am Beginn seiner Aktivitäten im Jahre 1984 überall im Lande Glan- bzw. Glan-Donnersberger Rinder im Gepräge des einfarbig Gelben Höhenviehs suchte, hat er neben 10 Glan-Franken-Kreuzungstieren und 11 weiteren Rindern mit unterschiedlich hohen Glanblutanteilen nur noch 4 reinblütige Tiere vorgefunden. Sperma von reinrassigen Glanbullen gab es überhaupt nicht mehr.

Ende 1994 gab es wieder über 110 einfarbig hell- mittel- oder dunkelgelbe Zuchtkühe, 29 Deckbullen, 5 KB-Bullen (Sperma) und etliche Embryonen.

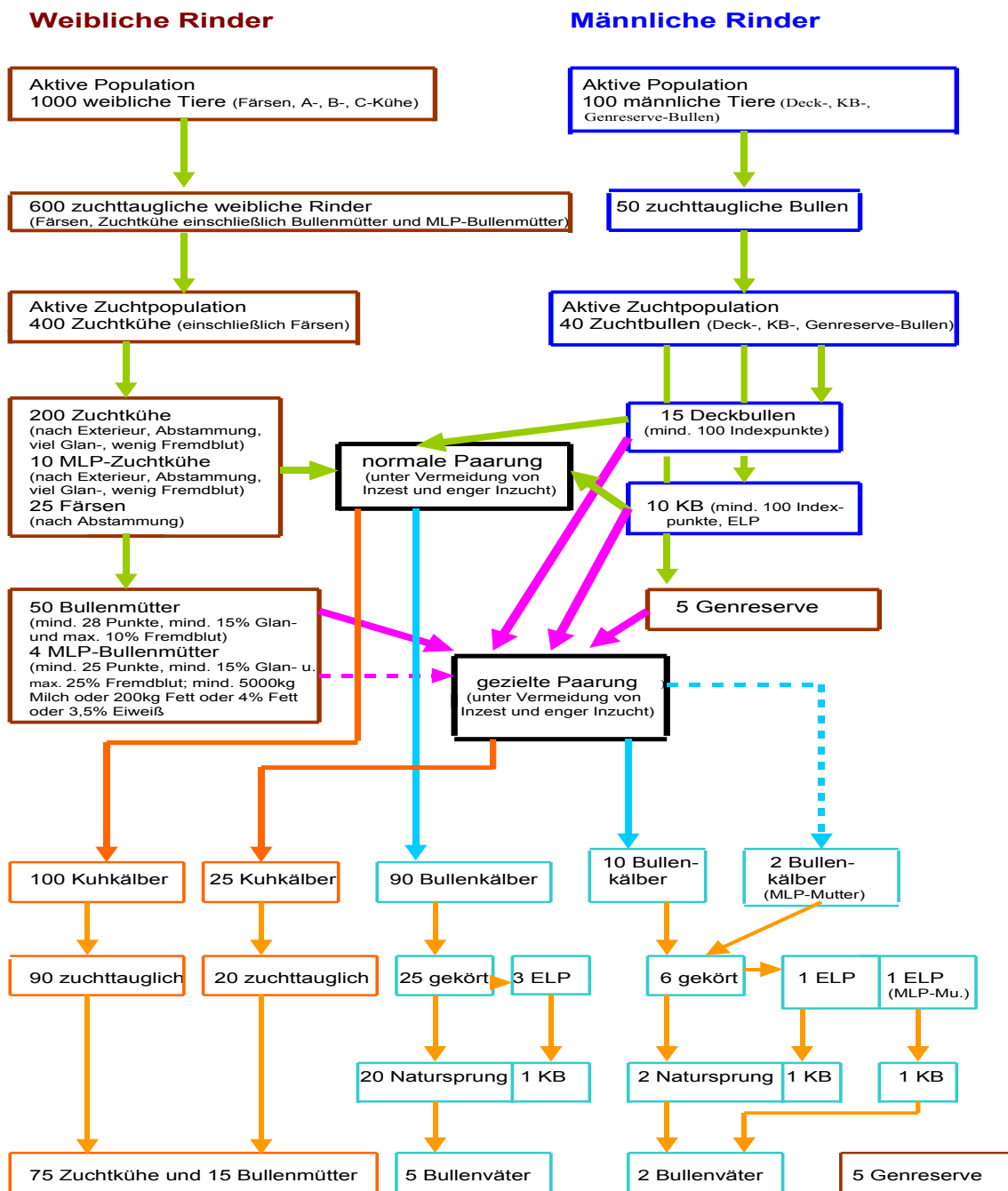
Seit Mai 2004 sind sämtliche Tiere im Fleischrinderherdbuch Bonn erfasst???????

## 2.3 Zuchtprogramm

2002 wurde das aus dem Jahre 1991 stammende Zuchtprogramm überarbeitet und damit den aktuellen Gegebenheiten angepaßt. Es handelt sich dabei um ein empirisch entwickeltes Zucht- und Reproduktionsprogramm, das unter Verwendung des beim Fleischerhinderherdbuch in Bonn eingerichtete Optimate-Herdbuch-EDV-System nicht nur den Inzuchtfaktor aller Herdbuchtieren berücksichtigt, sondern auch letztendlich dazu dient, der Glanviehpopulation jährlich etwa 100 gute Zuchtrinder zuzuführen.

Abb. 2: Zucht- und Reproduktionsprogramm des Glanrindes

(Quelle: www.glanrind.de)



## 2.4 Heutiger Stand

Der Bestand der Glanrinder hat sich seit 1984 positiv entwickelt. 2008 waren im Fleischrinderherdbuch Bonn e.V. 724 Kühe und 65 Bullen gemeldet.

Auch wenn Glankühe vorhanden sind, die über 8.000 kg Milch oder eine Lebensleistung von mehr als 60.000 kg aufweisen, sieht die momentane Situation das Glanrind im Reigen der Fleischrindrassen. Hier kann es seine Vorzüge wie hohe Milchleistung für die Mutterkuhhaltung, herausragende Fleischqualität, äußerst ruhiges Temperament, leichter Geburtsverlauf, Genügsamkeit und Bodenständigkeit täglich aufs Neue unter Beweis stellen. Heute wird das Glanrind zunehmend auch für die extensive Landschaftspflege eingesetzt. In den Verbreitungsgebieten des Glanrindes eignet sich diese Rasse wegen der Genügsamkeit hinsichtlich des Futters für Gebiete, die schwierig zu bewirtschaften bzw. ertragsarm sind.

Züchterisch betreut wird die Rasse heute vom "Glanrind-Züchterverband e.V." und dem "Fleischrinderherdbuch Bonn e.V.". Auf der Mitgliederversammlung des Glanrind-Züchterverbandes im April 2008 wurde festgelegt unter welchen Voraussetzungen ein Rind als Glanrind gilt:

- 75% EGH, davon mindestens 15% Glan
- maximal 25% Fremdblut

(EGH = einfarbig gelbes Höhenvieh: Glan, Limpurger, Franken, Lahn).

## 2.5 Leistungen

### Ergebnisse der Milchleistungsprüfung (Ende der 90er Jahre)

- Milchmenge (kg) 4.781
- Fettgehalt (%) 4,26
- Fettmenge (kg) 204
- Eiweißgehalt (%) 3,43
- Eiweißmenge (kg) 164

### Ergebnisse der Fleischleistungsprüfung von Jungbullen (Feldprüfung)

- tägliche Zunahme (g) 1.200

## 3 Erbfehler

### 3.1 Erbfehlerproblematik

Erbfehler und Mißbildungen sind Abweichungen von der Norm in Körperbau, Körperfunktion und Verhalten mit nachteiliger Wirkung für das betroffene Tier oder die Population (Rasse).

Sie führen nicht nur zu wirtschaftlichen Schäden, sondern verursachen auch oft Leiden und Schmerzen bei den betroffenen Tieren. Es liegt deshalb schon in der ethischen Verantwortung, Anomalien zu erfassen und wenn möglich durch züchterische Maßnahmen zu vermeiden.

Wirtschaftlich gesehen entstehen direkte Kosten durch die Schädigungen am Tier selbst, aber auch durch Beschränkungen in den züchterischen Maßnahmen und vermindertem Zuchtfortschritt. Nicht zu unterschätzen sind auch eventuelle Imageschäden für die Rasse.

Erbfehler sind vor allem solche Defekte, denen ein monogener oder digener Erbgang oder eine Chromosomenanomalie zugrunde liegen. Soweit Erbfehler durch ein dominantes Gen verursacht werden, sind Anlageträger zugleich Merkmalsträger. Dies vereinfacht die Selektion gegen solche Merkmale, so dass im Allgemeinen keine besonderen diagnostischen, jedoch züchterische Maßnahmen erforderlich sind. Rezessive Schadgene dagegen führen nur in homozygotem Zustand, bei zwei beteiligten Genorten erst bei deren Kombination zur Manifestation des Erbfehlers und damit zum Auftreten erkennbarer Merkmalsträger.

Erbkrankheiten gewinnen besonders seit dem vermehrten Einsatz der künstlichen Besamung immer mehr an Bedeutung. So kann ein KB-Bulle mit hervorragenden Leistungsallelen, der aber ein Erbfehlerträger ist, seinen Erbfehler in einen großen Teil der Population verbreiten. Er kann erst als Erbfehlerträger erkannt werden, wenn er an einen weiteren Anlagenträger angepaart wird und aus dieser Paarung ein krankes Kalb entsteht.

Der Nachweis einer genetischen Abhängigkeit wird oft erschwert durch die relative Seltenheit der Defekte, unvollständige Penetranz, Umweltfaktoren mit ähnlicher Wirkung sowie durch Befürchtungen der Züchter vor Diskriminierung ihrer Zucht.

In Abhängigkeit von der Frequenz des Schadgens ist die Häufigkeit der phänotypisch gesunden Anlageträger in der Population um ein Vielfaches größer als die erkennbaren Merkmalsträger. Die heutige Molekulargenetik erlaubt die Entwicklung von Markertests für die frühzeitige Erkennung von Erbfehlern. Diese Tests ermöglichen eine effiziente Reduktion der Letalgene in den Populationen bei gleichzeitiger züchterischer Nutzung von Anlageträgern.

In der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) ist der aktuelle genomanalytische Wissensstand über genetische Defekte ersichtlich. Für das Rind sind z.Zt. (Stand: 01.09.2009) insgesamt 379 Merkmale aufgeführt, 80 davon als "Single-Locus-traits", von 47 Merkmalen wurde die kausale Mutation bereits auf DNA-Ebene identifiziert.

Die zuständigen Rassdachverbände in der ADR legen eine verbindliche Liste der genetischen Besonderheiten und Erbfehler fest. Das Verfahren der Festlegung von Erbfehlern erfolgt nach wissenschaftlich anerkannten Grundsätzen und wird auf bestimmte Gruppen (wie z.B. Besamungsbullen, deren Bullenmütter, ET-Spendertiere) beschränkt. Die Ergebnisse durchgeführter Untersuchungen auf genetische Besonderheiten und Erbfehler sind nach Vorliegen im Zuchtbuch zu führen und auf der Zuchtbescheinigung anzugeben. Die Entwicklung weiterer Erbfehler wird hinsichtlich ihrer Tierschutzrelevanz und/oder ökonomischen Bedeutung ständig geprüft und entsprechend behandelt.



## 3.2 Bekannte Erbfehler beim Rind

Nachfolgend werden die z.Zt. wirtschaftlich und erbhgienisch wichtigsten Defekte beim Rind beschrieben:

- **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Hierbei handelt es sich um eine Immunschwäche, die durch eine Punktmutation verursacht wird und zum Fehlen bestimmter Glukoproteine auf der Oberfläche von Leukozyten führt, wodurch sie nicht mehr aus dem Blut in Richtung eines Infektionsherdes auswandern können. Die Krankheit äußert sich in auffallender Neigung zu wiederkehrenden bakteriellen Infektionen. Die Kälber sterben oft in den ersten Lebenswochen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Es handelt sich um eine schwere Entwicklungsstörung der Wirbelsäule. Die Kälber werden abortiert, zu früh oder tot geboren. Typische Kennzeichen sind Mißbildungen an den Wirbelkörpern, verkürzte Wirbelsäule, versteifte, nach innen verdrehte Gelenke an allen vier Gliedmaßen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Uridin-Monophosphat, das eine essentielle Komponente der Pyrimidin-Nukleotide darstellt, kann nicht ausreichend synthetisiert werden. Die schwerwiegende Konsequenz ist embryonaler Fröhrtod.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Citrullinämie**

Aufgrund eines Enzymdefektes ist der Harnstoffzyklus gestört. Die Kälber sterben innerhalb von 3-5 Tagen nach der Geburt an Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Die Entwicklung der Knorpel- und Knochenbildung ist gestört. Die in der Regel toten Neugeborenen haben überlange, sehr dünne, leichtbrüchige Röhrenknochen. Die Sehnen der Gliedmaßen sind verkürzt, die Gelenke verkrümmt oder versteift. Außerdem sind häufig Verformungen des Schädels und Verkürzungen des Unterkiefers zu beobachten. Da der Defekt sich schon beim Fötus entwickelt, sind bereits bei der Geburt des Kalbes Knochenbrüche zu erwarten und dadurch Verletzungen der Geburtswege beim Muttertier möglich.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh

- **Syndactylie (Mulefoot)**

Die beiden Hauptzehen der betroffenen (eine oder mehrere) Gliedmaßen sind teilweise bis komplett verschmolzen, wobei meistens nur ein Hornschuh ausgebildet ist. Diese kegelförmig zugespitzten Hufe zwingen die Tiere zum Auftreten auf kleinsten Flächen, zu schwankender Haltung und bevorzugtem Liegen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh, Braunvieh

- **Chondrodysplasie (Bulldog)**

Hierbei handelt es sich um eine Punktmutation, die zu einer Störung der Knorpelbildung führt. Die Knochenwachstumszone wird verfröhrt verknöchert, was zur Einschränkung des Längenwachstums vor

allem der Extremitäten führt. Die Tiere fallen durch ihren unförmigen Körperbau mit kurzem Kopf und stummelartigen Gliedmaßen auf und zählen zu dem Komplex disproportionierten Zwergenwuchses.

Betroffene Rasse: Dexter

- **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Es handelt sich um eine neurogene Atrophie und Schwäche der Skelettmuskulatur, besonders der Extremitäten, hervorgerufen durch Degeneration und Schwund der Motoneuronen im Rückenmark. In der Regel zeigen sich erst im Alter von 3 bis 5 Wochen Lähmungserscheinungen. Als häufigste Komplikation tritt eine sekundäre meist therapieresistente Pneumonie auf, so dass die Kälber selten älter als zwei Monate werden.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **SDM (Spinale Dysmyelinisierung)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nerverzellgebieten gekennzeichnet ist. Die davon betroffenen Kälber liegen ab Geburt häufig in Seitenlage mit gestreckten Beinen fest. Den Kopf halten sie meist nach oben hinten ("Mondguckerhaltung"). Da die betroffenen Kälber auf keine Behandlung ansprechen, gehen sie in der Regel in den ersten Lebenswochen ein oder werden eingeschläfert.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems. Erste Krankheitszeichen treten im Alter von 5 bis 8 Monaten auf. Die betroffenen Kälber zeigen Schwächen in den Hinterbeinen und einen schwankenden, ungleichmäßigen Gang. Stärker werdende Koordinationsstörungen führen zum Festliegen und Tod durch Pansenlähmung mit 1 bis 3 Jahren.

Betroffene Rasse: Braunvieh

Genetisches Monitoring der Rasse  
'Glanrind'  
Teil II  
(statistische Auswertungen)

vit Verden

05.07.2010

**Inhaltsverzeichnis**

<b>1</b>	<b>Übersicht Datengrundlage</b>	<b>2</b>
<b>2</b>	<b>Bewertung der Ergebnisse</b>	<b>4</b>

**Tabellenverzeichnis**

1	Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht . . . . .	3
2	Verteilung der Tiere auf Regionen . . . . .	3

## 1 Übersicht Datengrundlage

Für das Monitoring der genetischen Variabilität des Glanrindes (GLR, Rassecode=73) wurden zunächst alle seit 1990 registrierten Geburten bzw. Tiere seit Geburtsjahr 1990 bereitgestellt. In Tabelle 1 sind alle geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. Seit Geburtsjahr 1990 sind in der HB-Zentraldatei des **vit** Tiere registriert. Diese Tiere waren in den Bundesländern Nordrhein-Westfalen, Hessen, Rheinland-Pfalz und Saarland gemeldet.

Die kritische Masse an auswertbaren Daten für ein genetisches Monitoring ist damit bei weitem nicht mehr gegeben. Sämtliche Auswertungen entfallen daher.

Jahrgang	männlich	weiblich
1990	1	0
1991	1	2
1992	1	2
1993	2	0
1994	0	0
1995	1	0
1996	1	3
1997	1	5
1998	2	2
1999	0	1
2000	4	12
2001	4	3
2002	4	5
2003	12	18
2004	9	15
2005	12	8
2006	8	12
2007	14	22
2008	17	15
2009	10	18
2010	0	0

Tabelle 1: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

Region	Anz.Tiere
Nordrhein-Westfalen	87
Hessen	2
Rheinland-Pfalz	146
Saarland	12

<sup>1</sup> Neue Bundesländer

Tabelle 2: Verteilung der Tiere auf Regionen

## 2 Bewertung der Ergebnisse

Mit insgesamt noch etwa 250 registrierten geborenen Tieren seit 1990 und nur noch 141 registrierten lebenden Tieren ist ein genetisches Monitoring nicht mehr möglich. "Registriert" bedeutet, diese Tiere sind in der Abstammungsdatei des **vit** erfasst. Zusätzliche Tiere und deren Abstammungen konnten trotz wiederholter Nachfrage bei Zuchtverbänden nicht beigebracht werden. Für ein genetisches Monitoring sind damit nicht mehr genügend Tiere mit entsprechender Pedigreetiefe vorhanden. Von den noch lebenden Tieren müsste zunächst direkt auf den Betrieben Abstammungsinformation erfasst werden (sofern möglich), um einen erneuten Monitoringversuch zu starten. Die Erfolgsaussichten dafür sind allerdings als gering einzuschätzen.

# Monitoring tiergenetischer Ressourcen

–HINTERWÄLDER–



herausgegeben von  
Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft  
27. April 2010



**Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

**Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V. (ADR)

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL)

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (VIT)

Quelle Titelbild: Dr. Maus, RBW



# Inhaltsverzeichnis

1	Anerkannte Zuchtverbände . . . . .	4
2	Rassebeschreibung . . . . .	5
3	Zuchtgeschichte . . . . .	6
4	Zuchtprogramm . . . . .	7
5	Zuchtziel . . . . .	7
6	Heutiger Stand . . . . .	7
7	Verwendete Datensätze . . . . .	8
8	Beschreibende Analyse der aktuellen Population . . . . .	10
9	Berechnung und Analyse der Populationsparameter . . . . .	13
9.1	Generationsintervall . . . . .	13
9.2	Pedigree-Vollständigkeit . . . . .	14
9.3	Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry . . . . .	16
9.4	Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge . . . . .	19
10	Interpretation der Ergebnisse . . . . .	21
11	Erbfehler beim Rind . . . . .	22
11.1	Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind . . . . .	22
11.2	Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Hinterwälder . . . . .	25
	<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>27</b>

# 1 Anerkannte Zuchtverbände

## **Rinderunion Baden–Württemberg e.V.**

Ölkofer Strasse 41

88518 Herbertingen

Tel.: 07586/9206–0

email: [info@rind-bw.de](mailto:info@rind-bw.de)

[www.rind-bw.de](http://www.rind-bw.de)



## 2 Rassebeschreibung



Abb. 2.1: Hinterwälder-Bulle, Quelle: Dr. Maus, RBW

Das Hinterwälder-Rind ist die kleinste Rinderrasse Mitteleuropas. Die Verbreitung ist auf ein sehr kleines Gebiet in den höheren Lagen des südlichen Schwarzwaldes beschränkt. Die Färbung geht von gelb bis rot. Es kommen gescheckte und gedeckte Tiere vor, der Kopf und die Beine sind jedoch immer weiß.

Durch ihre geringe Körpergröße (Kühe erreichen eine Widerristhöhe von 115 – 125 cm und Bullen von ca. 130 cm) eignen sich die Tiere hervorragend für die Beweidung steiler Hanglagen. Sie sind sehr trittsicher und erzeugen wenig Erosionsschäden.

Hinterwälder-Rinder sind äußerst robust, langlebig und leichtkalbig. Relativ zur Körpergröße gesehen und unter Berücksichtigung der kargen Beweidungsform erreichen Hinterwälder-Kühe beachtliche Jahresmilchleistungen von ca. 3500 kg.

Hinterwälder sind für ihre hervorragende Fleischqualität bekannt. Sie haben einen hohen Ausschlagungsgrad [SAMBRAUS 2001].

## 3 Zuchtgeschichte

Seit jeher ist das Hinterwälder Rind auf ein relativ kleines Gebiet in Baden-Württemberg beschränkt. Durch die bevorzugte Beweidung auf schwer zugänglichen Hanglagen, blieb die Rasse vor schweren Rinderpestepidemien in Süddeutschland verschont und war daher lange eine der ursprünglichsten Rinderrassen des badischen Raums.

Im Jahr 1889 wurde die erste Stammzuchtgenossenschaft gegründet. Ziel war es schon damals, die Rasse möglichst rein weiterzuzüchten und keine Anpaarungen mit rassefremden Bullen zuzulassen. 1901 wurde der erste Zuchtverband für Hinterwälder gegründet, dem 1914 bereits 1000 Mitglieder mit etwa 2000 eingetragenen Tieren beigetreten waren.

Es sprach sich schnell rum, dass Hinterwälder sowohl anspruchslos als auch sehr leistungsstark waren, so dass die Verbreitung der Rasse zunahm. Die vorwiegende Verwendung war neben der Arbeits- und Zugleistung vor allem die Milchproduktion. Nach dem 2. Weltkrieg war das Hauptverbreitungsgebiet der Hinterwälder am Fuße des Belchen, des zweithöchsten Berges im Schwarzwald. Im Durchschnitt besaßen die Landwirte dort 5 bis 6 Rinder, die die gesamte Arbeitsleistung des Betriebes erbrachten.

Durch die Intensivierung und Automatisierung der Landwirtschaft in den letzten Jahrzehnten wurde das Hinterwälder Rind stark verdrängt. Die Arbeitsleistung der Rinder wurde durch Traktoren ersetzt und für die reine Milchproduktion gab es wesentlich ertragreichere Rassen. Um die Rasse zu erhalten und gleichzeitig den Ansprüchen der Landwirte nach rahmigeren Tieren gerecht zu werden, wurden behutsam Vorderwälder eingekreuzt. Trotzdem stellten viele Milchbauern auf Fleckvieh um, um am Milchmarkt bestehen zu können [SAMBRAUS 1999].

Es wurde eine Population in der Schweiz mit aus dem Schwarzwald importierten Hinterwäldern aufgebaut, um eine genetische Reserve zu erhalten.

In Deutschland geht die Anzahl der Hinterwälder weiter zurück.

## 4 Zuchtprogramm

Trotz des hohen Natursprunganteils spielt die gezielte Paarung eine wichtige Rolle. Besamungsbullen werden erst nach 2 bis 2,5 Jahren Deckeinsatz als Besamungsbulle ausgewählt. Berücksichtigung für die Auswahl finden Linienzugehörigkeit, Leistungs- und Exterieurmerkmale. Seit 1993 wurden etwa 10 Bullen als Besamungsbullen eingesetzt.

## 5 Zuchtziel

Das Zuchtziel des Hinterwälders konzentriert sich auf eine milchbetonte Doppelnutzung. Die mittlere Jahresmilchleistung sollte bei ca. 4500 kg mit 3,50 % Eiweiß und 4,20 % Fett liegen.

Jungbullen sollen eine tägliche Zunahme von 900 g haben.

Die im Zuchtziel festgelegten Körpermaße betragen für die Widerristhöhe 130 - 135 cm bei Bullen und 118 - 122 cm bei Kühen sowie für das Körpergewicht 700 - 800 kg bei Bullen und 380 - 420 kg bei Kühen.

## 6 Heutiger Stand

Im Jahr 2008 wurden insgesamt 4300 Tiere der Rasse Hinterwälder gehalten, wovon 2700 Kühe waren.<sup>1</sup> Alle Tiere wurden ausnahmslos in Baden-Württemberg gehalten. Es gibt 45 Herdbuch-Betriebe in denen 628 Kühe stehen. Der Anteil an Kühen, die in der Milchleistungsprüfung erfasst werden, liegt bei 24,1 %. 116 Tiere gehören momentan zur aktiven Zuchtpopulation. Der Anteil der künstlichen Besamung beläuft sich auf 17,1 % , der Anteil der Kühe, die unter MLP stehen und künstlich besamt

---

<sup>1</sup>Alle Angaben dieses Kapitels sind dem ASR Jahresbericht 2008 entnommen [ASR 2009].

werden macht 4,3 % der Gesamtpopulation aus.

Nachfolgend sind einige Leistungsparameter der MLP-Kühe aufgelistet.

- Durchschnittliche jährliche Milchleistung 3289 kg,
- 4,01 % Fett und 3,41 % Eiweiß,
- Erstkalbealter 32.8 Monate,
- Zwischenkalbezeit 375 Tage,
- Durchschnittsalter 6,6 Jahre,
- Durchschnittliches Abgangsalter 8,5 Jahre.

Die täglichen Zunahmen für Auktionsbullen seit der Geburt beliefen sich im Jahr 2008 auf 860 g bei der Eigenleistungsprüfung im Feld.

## 7 **Verwendete Datensätze**

Für die nachfolgenden Analysen wurden 3 verschiedene Datensätze verwendet.

### **Datensatz A**

Für die statistische und deskriptive Analyse der Population (vgl. Kapitel 8) kam der Datensatz A zur Verwendung. Der komplette Datensatz wurde aus zentralen Datenbanken ausgezogen und auf Plausibilität geprüft. Im Datensatz A sind Tiere enthalten, die in den letzten 10 vollständig besetzten Geburtsjahrgängen geboren wurden und unter Milchleistungsprüfung standen. Es konnten somit deskriptive Analysen für diesen Zeitraum gemacht werden. Entwicklungen und Verläufe, die an der untersuchten Population beobachtet werden können, konnten so über einen ausreichend großen Zeitraum dargestellt und analysiert werden. Gleichzeitig ist der Bezug zur lebenden, aktiven Zuchtpopulation gegeben, da viele der Tiere im untersuchten Datensatz noch während der Analyse zur lebenden Zuchtpopulation gehörten. Ein ausschließliches Betrachten der lebenden Zuchttiere ist für die deskriptive Datenanalyse jedoch nicht

sinnvoll. Ein zu kurzer Untersuchungszeitraum und eine nicht ausreichende Besetzung der Jahrgänge würde für eine fundierte Analyse nicht ausreichen.

### **Datensatz B**

Die Berechnung der Populationsparameter wie Inzucht und effektive Populationsgröße erfolgte auf der Grundlage eines weiteren Datensatzes B. Dieser Datensatz B umfasst alle Tiere der aktuellen Population samt Abstammungen bis zur definierten Basis (Geburtsjahrgang 1950). Als zur aktuellen Population zugehörig wurden alle Tiere behandelt, die zur letzten Generation aktiver Zuchttiere gehörten. Es wurde dazu wieder vom letzten vollbesetzten Geburtsjahrgang ausgegangen und eine Generation zurückgegangen. Um eine Vereinheitlichung zwischen den Rassen zu erreichen, wurde die Generationslänge für die Generierung des Datensatzes auf 6 Jahre festgelegt. Die tatsächliche Generationslänge kann natürlich von Rasse zu Rasse abweichen.

Für die Tiere, die in dem festgelegten Zeitraum von 6 Jahren geboren wurden, wurde das Pedigree bis zur definierten Basis aufgebaut.

### **Datensatz C**

Um einen Datensatz verwenden zu können, der nur Tiere berücksichtigt, die ein möglichst vollständiges Hinterwälder-Pedigree aufweisen, wurde ein weiterer Datensatz C erstellt, der ein Sub-Datensatz des Datensatzes B ist. Der Datensatz C wurde ebenfalls zu Berechnung der Populationsparameter verwendet. Somit konnten die Ergebnisse beider Datensätze direkt gegenüber gestellt werden.

Im Datensatz B werden Einkreuzungen fremder Rassen als Genzufluss aus einer unverwandten Basis betrachtet (Immigration). Immigration kann bereits in geringem Umfang den Inzuchtanstieg abbremsen und führt somit zu höheren Schätzwerten für die inzuchteffektive Populationsgröße. Dies kann zu Fehleinschätzungen der Entwicklung der rassespezifischen Diversität führen. Im Datensatz C wurde deshalb unter Verwendung des Kriteriums des ‚pedigree completeness index‘ (PCI) die Gesamtbetrachtung auf die Tiere der aktuellen Population eingeschränkt, die über ein ausreichend tiefes rassespezifisches Pedigree verfügen (PCI von 0.7 auf 8 Generationen). Ein Vergleich

der Ergebnisse basierend auf den Datenbeständen B und C erlaubt somit eine ungefähre Abschätzung des Effektes von Immigration auf den Inzuchtanstieg. Ergebnisse basierend auf Datensatz C dürften allerdings mehr Aussagekraft in Bezug auf die Entwicklungen einer rassespezifischen ‚Kernpopulation‘ haben.

## 8 Beschreibende Analyse der aktuellen Population

Für die nachfolgenden Analysen wurde der Datensatz A als Berechnungsbasis herangezogen (siehe Kapitel 7). Es wurden Daten von Tieren der Geburtsjahrgänge 1997 bis 2006 untersucht. Der Datensatz A bestand aus insgesamt 4013 Tieren (3586 weibliche und 427 männliche). In der untersuchten 10-Jahresperiode wurden insgesamt 356 Väter und 2380 Mütter eingesetzt.

Um einen vollständigeren Überblick über das verwendete Datenmaterial zu gewinnen, dient die Tabelle 8.1. Für jeden Geburtsjahrgang ist die Anzahl der in diesem Jahr geborenen Tiere abgetragen. Weiterhin sind in den folgenden Spalten die Anzahl der in diesem Geburtsjahrgang eingesetzten Mütter und der eingesetzten Väter abgetragen. Mütter und Väter können demnach mehrfach gezählt werden, wenn sie in mehreren Jahren zum Einsatz kommen. Für die im jeweiligen Geburtsjahrgang der untersuchten Tiere eingesetzten Väter sind weiterhin die minimale, maximale und durchschnittliche Anzahl von Nachkommen aufgelistet. In der zweiten Tabellenhälfte sind dieselben Angaben enthalten, allerdings werden für diese Berechnungen ausschließlich Tiere verwendet, deren Vater und Mutter Hinterwälder-Tiere sind.



Tab. 8.1: Anzahl der Tiere mit Eltern für die gesamte Population und für Tiere mit Hinterwälder-Eltern (GJ=Geburtsjahr, n Mütter=Anzahl Mütter, Min., Max., Mitt.= minimale, maximale und mittlere Anzahl Nachkommen je Vater im jeweiligen Geburtsjahrgang)

GJ	Alle Tiere					Nur Tiere mit Hinterwälder-Eltern						
	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.
1997	316	255	62	1	13	4	218	215	58	1	13	4
1998	353	308	62	1	17	4	249	247	61	1	17	4
1999	378	347	66	1	18	4	287	283	65	1	18	4
2000	424	397	60	1	18	5	300	296	58	1	16	5
2001	419	395	72	1	17	4	284	280	69	1	16	4
2002	427	405	73	1	15	4	259	257	70	1	14	4
2003	444	416	69	1	16	4	274	272	64	1	16	4
2004	402	386	64	1	15	4	246	242	59	1	14	4
2005	436	430	79	1	21	4	271	268	68	1	17	4
2006	414	413	67	1	17	4	255	254	60	1	17	4

Die Anzahl der Jahre, in denen ein Vater- bzw. Muttertier eingesetzt wurde, liegt bei 2.32 Jahren für die Väter und bei 2.78 Jahren für die Mütter.

In der Abbildung 8.1 ist die absolute Anzahl von Tieren im verwendeten Datensatz unterteilt nach Rassezugehörigkeit des Vaters gezeigt. Da in dem betrachteten Zeitraum nur Wäldervieh eingesetzt wurde, konnten neben Deutschland keine weiteren Herkünfte ermittelt werden.

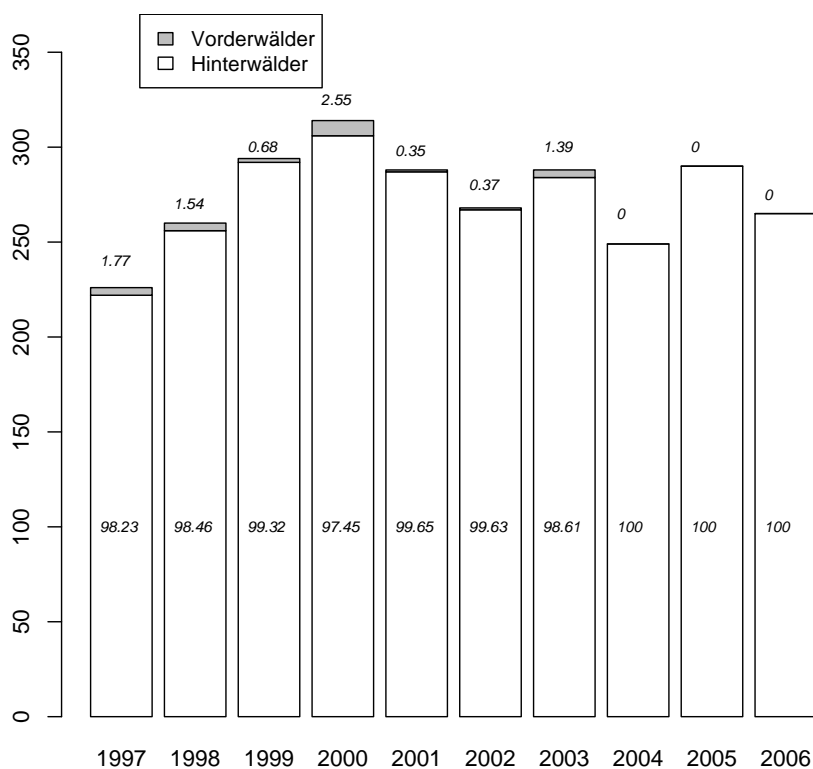


Abb. 8.1: Absolute Anzahl der Tiere im Datensatz und Rassezugehörigkeit (in Prozent) ihrer Väter

## 9 Berechnung und Analyse der Populationsparameter

Grundlage für die Berechnungen der Populationsparameter waren der Datensatz B (siehe Kapitel 7), als auch der Datensatz C, bei dem die aktuelle Population auf Basis des PCI eingeschränkt wurde. Es konnten so beide Populationen (Hinterwälder-Population mit Einkreuzung rassefremder Tiere (Datensatz B) und Hinterwälder-Population mit tiefem Hinterwälder-Pedigree (Datensatz C)) direkt miteinander verglichen und die Ergebnisse gegenübergestellt werden.

Die Auswahl der aktuellen Population erfolgte im aktuellen Bericht für den Zeitraum von 2000 bis 2005. In der aktuellen Population von Datensatz B befanden sich 2152 Tiere und von Datensatz C 1503 Tiere. Für die gesamte Population betrachtet (aktuelle Population samt Pedigree) ergaben sich Populationsgrößen von 5033 Tieren im Datensatz B und 4085 Tieren im Datensatz C. Das bedeutet, dass 19 % der im ursprünglichen Datensatz B befindlichen Tiere durch die Einschränkung mittels PCI ausgeschlossen wurden.

Die Besetzung der Geburtsjahrgänge für die Datensätze B und C wird in Abbildung 9.1 dargestellt. Der sprunghafte Anstieg der Tierzahlen im Jahr 2000 ist dadurch begründet, dass ab diesem Jahr alle Tiere, die sich in der Zuchtpopulation befanden, berücksichtigt werden. Von 1950 bis 2000 sind lediglich deren Vorfahren vorhanden.

### 9.1 Generationsintervall

Das Generationsintervall wurde für den Zeitraum von 1970 bis 2000 berechnet. Dieses Zeitfenster wurde gewählt um sicherzustellen, dass vollständige Generationen berechnet werden können. In der folgenden Abbildung 9.2 ist der Verlauf der Generationsintervalle berechnet für die 4 Vererbungspfade dargestellt. Aus den Einzelwerten für die 4 Vererbungspfade wurde über die Jahre ein arithmetisches Mittel berechnet. Das sich daraus ergebene mittlere Generationsintervall für die Hinterwälder-

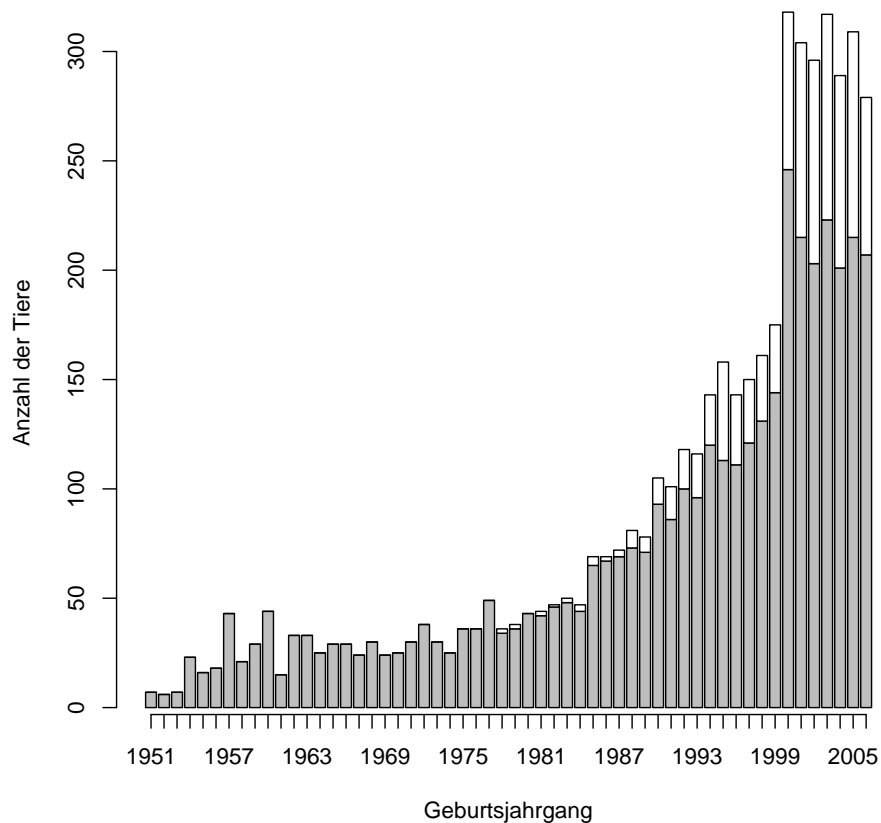


Abb. 9.1: Besetzung der Geburtsjahrgänge für Datensatz B und Datensatz C

Population lag bei 5.22 Jahren.

Tab. 9.1: Mittleres Generationsintervall in Jahren für jeden Vererbungspfad, berechnet für den Zeitraum von 1970 bis 2000

Bulle-Bulle	Bulle-Kuh	Kuh-Bulle	Kuh-Kuh
3.60	3.49	7.04	6.73

## 9.2 Pedigree-Vollständigkeit

Um gezielte Aussagen über die Inzuchtentwicklung und die daraus resultierenden Parameter gewinnen zu können, wurde die vorliegende Population im Datensatz B

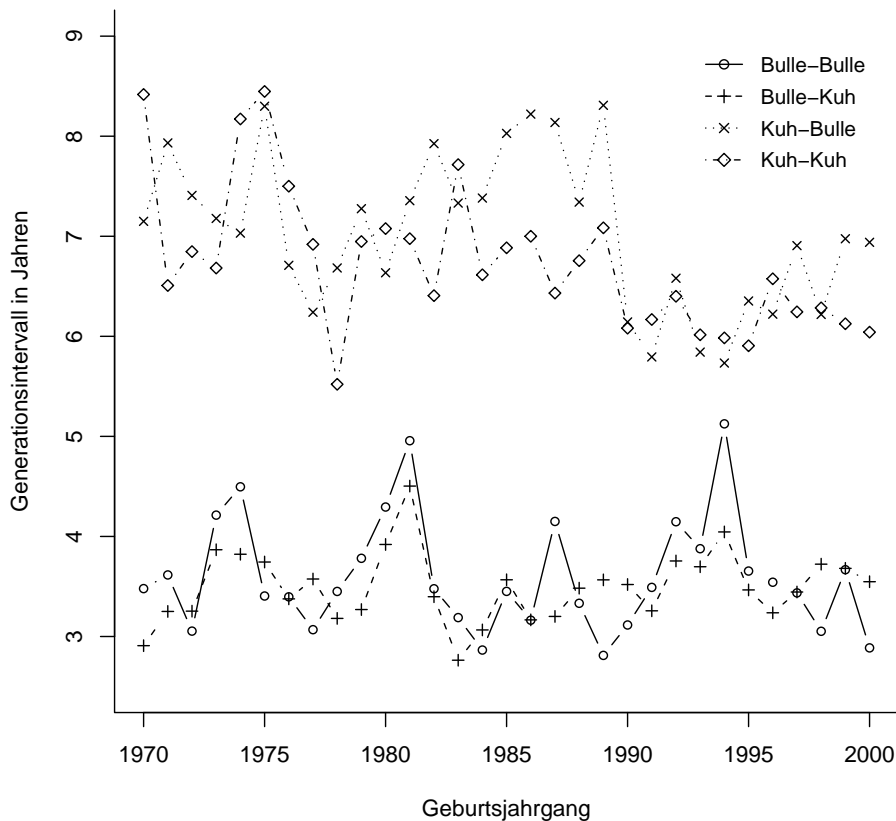


Abb. 9.2: Verlauf des Generationsintervalles für die vier Vererbungspfade für die Geburtsjahrgänge 1970 bis 2000

auf Vollständigkeit des Pedigrees, den Pedigree Completeness Index (PCI), hin untersucht.

Es wurde eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen gefordert, sowie verschiedene Mindestwerte für den PCI. In den Abbildungen 9.3 und 9.4 ist jeweils der prozentuale Anteil der Tiere dargestellt, die für die jeweilige Pedigreetiefe die geforderten Mindestwerte erfüllen. In der Abbildung 9.3 werden alle Tiere im gesamten Pedigree der aktuellen Population berücksichtigt, in Abbildung 9.4 wird die Pedigree Completeness nur für Tiere berechnet, die sich in der aktuellen Population befinden, also zur letzten Generation gehören. Da diese Tiere ein tieferes und vollständigeres Pedigree aufweisen, erhöhen sich die prozentualen Anteile von Tieren, die die geforderten Mindestwerte erreichen.

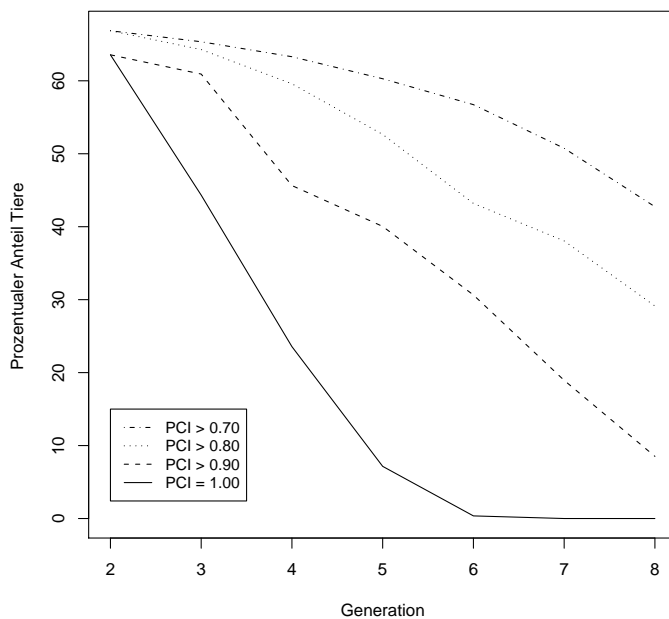


Abb. 9.3: Prozentualer Anteil der Tiere des gesamten Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

Der Verlauf des PCI über die Geburtsjahrgänge für eine Pedigreetiefe von 2 Generationen ist für die beiden verwendeten Datensätze gemeinsam in Abbildung 9.5 dargestellt.

### 9.3 Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry

Die effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) wurde sowohl auf Basis der Inzucht als auch auf Basis der Coancestry berechnet. Es sollte dadurch erreicht werden, eventuelle Differenzen zwischen beiden Methoden sichtbar zu machen und so z.B. gezielt in der Population betriebene Inzuchtvermeidung aufzudecken. In der Abbildung 9.6 sind die Kurvenverläufe der Inzucht und Coancestry dargestellt. Weiterhin ist die effektive Populationsgröße in der jeweiligen Grafik abgetragen. Für die Berechnung der effektiven Populationsgröße wurde das Jahr 1990 als Basisjahr für die Regression festgelegt.

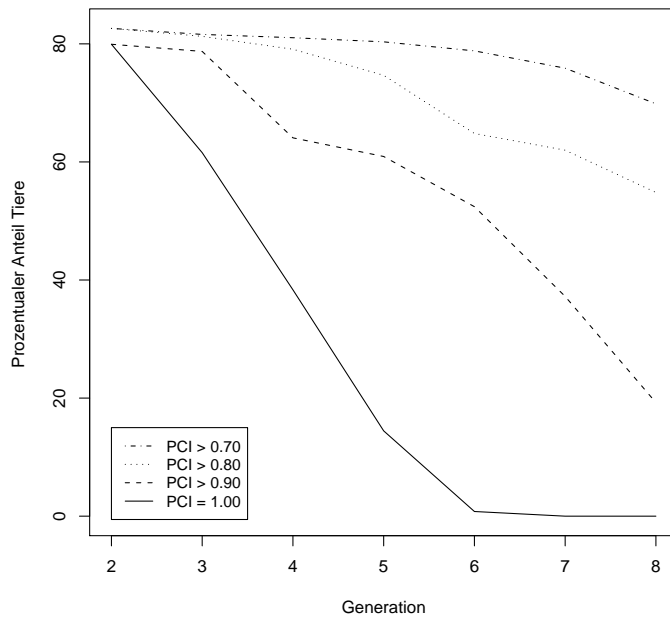


Abb. 9.4: Prozentualer Anteil der Tiere der aktuellen Population des Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

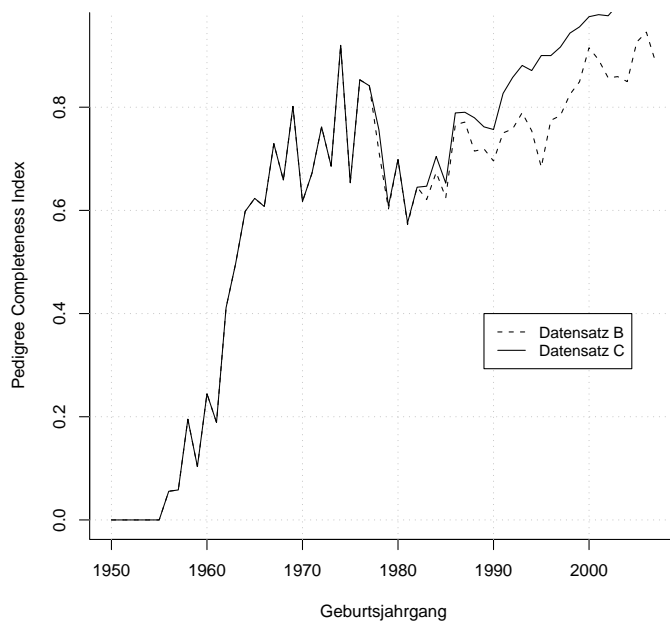
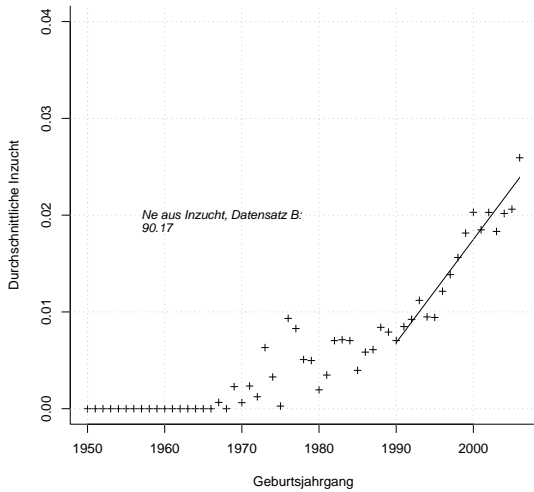
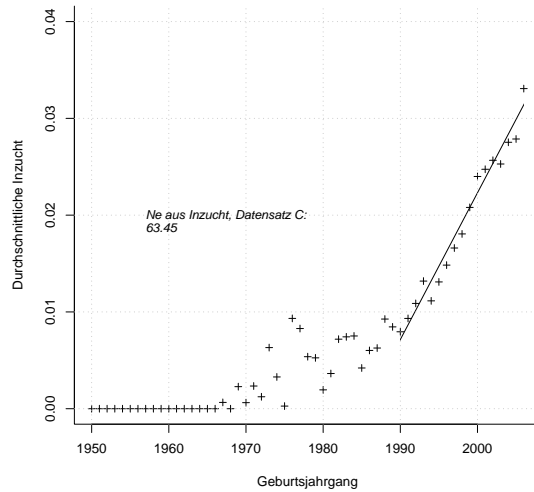


Abb. 9.5: Verlauf des Pedigree Completeness Index berechnet für beide Datensätze mit einer Pedigreetiefe von 2 Generationen

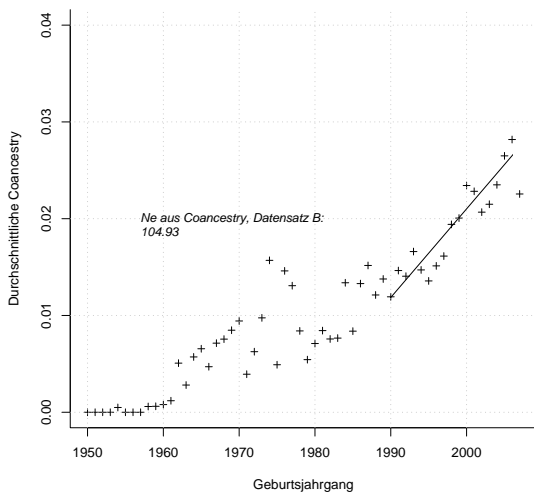
Es kann so davon ausgegangen werden, dass die Jahrgänge ausreichend besetzt sind und die Abstammungen weitgehend vollständig sind. Das Generationsintervall, das für die Berechnung ebenfalls benötigt wurde, betrug 5.22 Jahre (vgl. Kapitel 9.1).



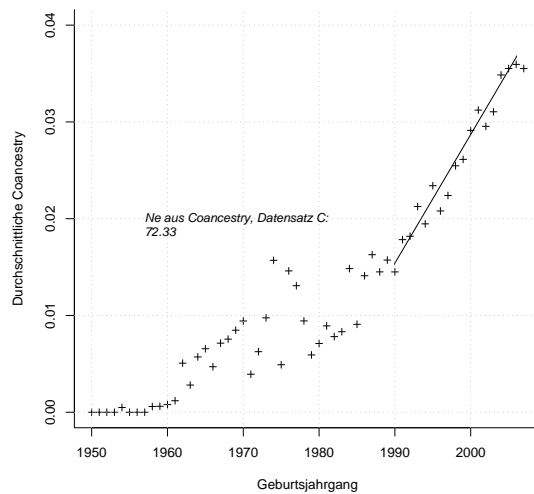
(a) Inzucht (Datensatz B)



(b) Inzucht (Datensatz C)



(c) Coancestry (Datensatz B)



(d) Coancestry (Datensatz C)

Abb. 9.6: Verlauf der Inzucht und Coancestry getrennt nach Datensätzen

Um vergleichende Aussagen zwischen Rassen treffen zu können, wurde das Verhältnis von tatsächlicher Populationsgröße der aktuellen Population und effektiver Populationsgröße aus Inzucht berechnet. Es betrug für den verwendeten Datensatz B 1:24 (effektiv:tatsächlich) und für den Datensatz C 1:24.



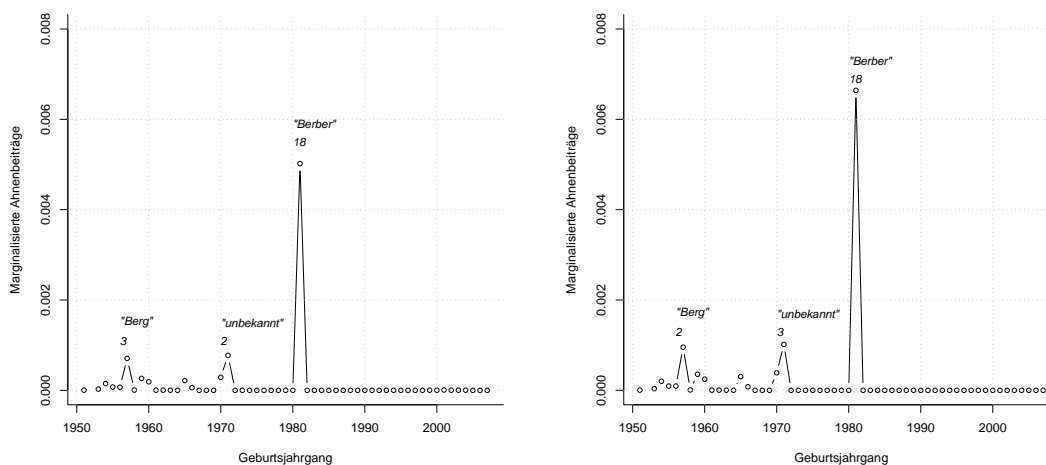
## 9.4 Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge

Für die Analyse der effektiven Anzahl der Basistiere (effective founders,  $f_e$ ) und der effektiven Anzahl der Ahnen (effective ancestors,  $f_a$ ) ergaben sich die in Tabelle 9.2 angegebenen Werte. Zusätzlich sind die Schätzwerte für die  $N_e$  angegeben.

Tab. 9.2: Berechnete Populationsparameter

Parameter	Datensatz B	Datensatz C
$N_e$ aus Inzucht / $N_e$ aus Coancestry	90 / 105	63 / 72
$f_e$	112	86
$f_a$	82	66

Um sich einen Überblick über eventuelle Flaschenhalsereignisse in der Population zu verschaffen, wurden die marginalisierten Beiträge der Ahnen berechnet. Der Verlauf dieser Beiträge ist für die Bullen in der Abbildung 9.7 zu sehen. Über den ausgeprägtesten Peaks ist der dazugehörige Bulle namentlich erwähnt sowie die Anzahl seiner direkten Nachkommen.



(a) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz B) (b) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz C)

Abb. 9.7: Darstellung der marginalisierten Ahnenbeiträge der Bullen in der Hinterwälder-Population

Eine Übersicht über die Rassebeiträge an der aktuellen Population für die Datensätze B und C geben die Tabellen 9.3 und 9.4. Die Ergebnisse sind in Abbildung 9.8 dargestellt. Es muss bei der Interpretation beachtet werden, dass im Datensatz lediglich Hinterwälder–Tiere der aktuellen Generation mit ihren Eltern enthalten sind.

Tab. 9.3: *Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz B)*

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Hinterwälder	55.94
Vorderwälder	12.70
Sonstige	31.36

Tab. 9.4: *Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz C)*

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Hinterwälder	53.33
Vorderwälder	13.79
Sonstige	32.88

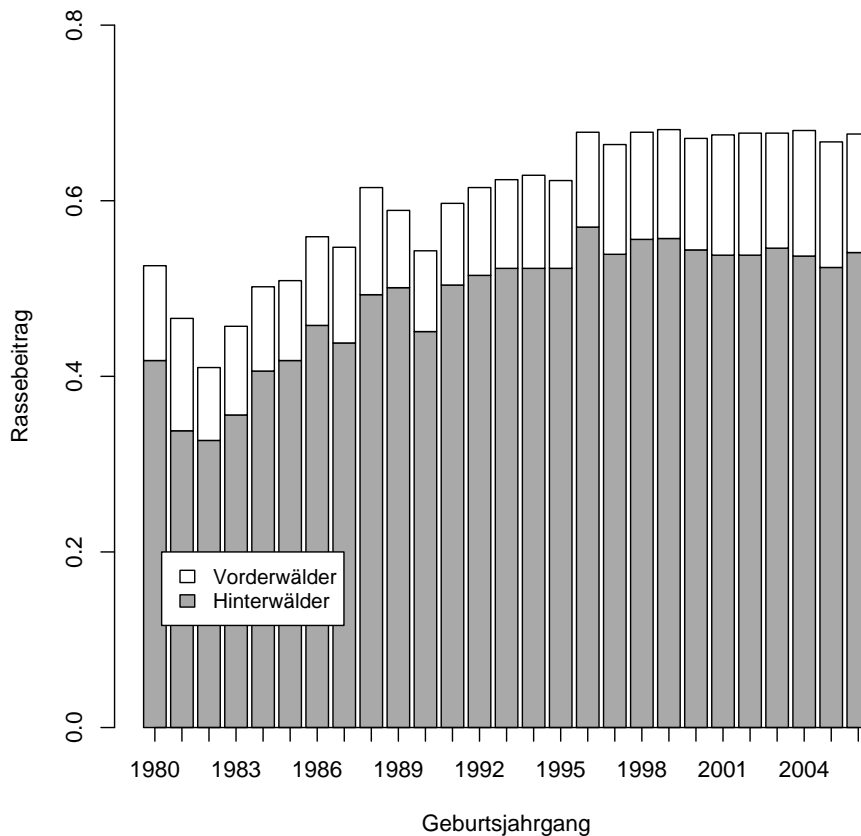


Abb. 9.8: Rassebeiträge im Verlauf über die Geburtsjahrgänge (Datensatz C)

## 10 Interpretation der Ergebnisse

Die Rasse Hinterwälder hat über die letzten 20 Jahre eine erfreuliche Entwicklung im Hinblick auf die Bestandszahlen gezeigt. Seit etwa 10 Jahren befindet sich die Rasse auf einem vergleichsweise stabilen Niveau. Es ist bekannt, dass diese Entwicklung maßgeblich durch die Eintragung von Tieren aus der Landeszucht beeinflusst wurde. Die Rasse Hinterwälder steht in einem kontinuierlichen wenn auch geringen Genaustausch mit der Rasse Vorderwälder, ohne dass hier Tendenzen einer Verdrängung zu erkennen sind. Effekte dieser Einkreuzungen und der angesprochenen Eintragungspraxis können am Unterschied zwischen den Ne-Schätzwerten basierend auf Datensatz B und C quantifiziert werden (90 gegenüber 63). Bei den Hinterwäldern zeigen

sich zudem kaum Unterschiede zwischen den Ne-Schätzwerten basierend auf dem durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten und des durchschnittlichen verwandtschaftlichen Verhältnisses (Coancestry). Dies spricht dafür, dass im Bezug auf das verwandtschaftliche Verhältnis Zufallspaarung vorgenommen wird, was in erster Linie positiv zu bewerten ist.

Für die Rasse Hinterwälder kann in guter Näherung eine inzuchteffektive Populationsgröße von rund **65 bis 75** Tieren angenommen werden. Im Hinblick auf die geringe tatsächliche Populationsgröße ist auch dies ein grundsätzlich positiver Befund. Das enge Verhältnis effektiver zu realer Populationsgröße von 1:24 und ein vergleichsweise kurzes Generationsintervall von rund 5 Jahren sind ein typisches Kennzeichen eines im Wesentlichen auf dem Einsatz von Bullen im Natursprung basierenden Zuchtprogramms. Dies unterstreicht, dass sich solche Zuchtprogramme bei sachgemäßer Durchführung (insbesondere ausreichende Zirkulation von Bullen) günstig auf die effektive Populationsgröße auswirken können.

In einer wachsenden Population ist zu erwarten, dass driftbezogene Größen wie die Anzahl effektiver Basistiere ( $f_e$ ) oder die effektive Anzahl von Ahnen ( $f_a$ ) tendenziell über der inzuchteffektiven Populationsgröße liegen, was auch im vorliegenden Fall zu beobachten ist. Drift ist hier also nicht stärker ausgeprägt als dies auf Grund des Ne-Schätzwertes zu vermuten ist. Als unterstützende Maßnahme bei Hinterwäldern kann deshalb lediglich ein verstärkter Einsatz von Vermeidungspaarungen vorgeschlagen werden.

# 11 Erbfehler beim Rind

## 11.1 Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind

Unter Erbfehlern versteht man „Missbildungen und Störungen normaler Vorgänge, die ererbt worden sind“ [KRÄUSSLICH 1994]. Solche Missbildungen und Störungen treten vorwiegend prä-, peri- und postnatal auf, können sich aber auch erst später zeigen. Viele dieser Erbfehler sind letal und führen somit zu erheblichen wirtschaftlichen Ein-

bußen in der Rinderhaltung.

Die meisten Erbfehler werden monogen homozygot rezessiv vererbt, wodurch die Häufigkeiten von Erbfehlern in Populationen sehr gering sind. Durch bestimmte Faktoren kann diese Häufigkeit allerdings durch Zufall erhöht werden. So kann z.B. ein übermäßiger Einsatz eines für einen Erbfehler heterozygoten aber sonst sehr leistungsstarken Besamungsbullen zu einer massiven Erhöhung des Auftretens dieses Erbfehlers nach einigen Generationen führen. Auch können sich homozygot unerwünschte Gene leichter ausbreiten, wenn sie in heterozygoten Tieren günstige Effekte bewirken. So wirkt sich z.B. das mutierte Gen beim Braunvieh, das homozygot zum Zwergenwuchs führt, bei heterozygoten Tieren in einem kleineren und gedrungenem Körperbau aus, was vor einigen Jahren dem Zuchtziel dieser Rasse entsprach. Ungewollt wurden also heterozygote Trägartiere des unerwünschten Gens selektiert. Ein weiteres Beispiel ist das Weaver-Gen bei Brown Swiss Rindern. Dieses Gen ist eng gekoppelt mit einem Gen, das zu erhöhter Milchleistung führt und wurde daher indirekt mit selektiert [KRÄUSSLICH 1994].

Aktuelle Informationen über den molekulargenetischen Hintergrund verschiedener genetischer Defekte beim Rind sind in der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) zu finden. Im Moment werden 376 verschiedene Phänotypen beim Rind beschrieben, wobei 75 davon zu den Single-Locus Merkmalen zählen. Für 43 Phänotypen konnte bereits die ursächliche DNA-Mutation ermittelt werden.

Die wirtschaftlich wichtigsten Erbfehler beim Rind sollen im Folgenden kurz beschrieben werden.

### **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Erblich bedingt Immunschwäche. Kälber sterben meist in den ersten Lebenswochen an banalen Infektionen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Missbildungen an der Wirbelsäule mit Auswirkungen auf die Gliedmaßen. Kälber ster-

ben spätestens kurz nach der Geburt.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Es kommt zu einer Unterproduktion von Uridin-Monophosphat, das ein wichtiger Baustein der Pyrimidin-Nukleotide darstellt. Betroffene Tiere sterben schon im embryonalen Stadium ab.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **Citrullinämie**

Harnstoff-Zyklus ist durch einen Enzymdefekt gestört. Die Kälber sterben 3–5 Tage nach der Geburt an einer Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Motorische Neuronen in Rückenmark, Hirnstamm und motorischen Hirnrindengebieten sind stark dezimiert. Die betroffenen Kälber zeigen im Alter von wenigen Wochen Muskelschwäche bzw. Schwund der Skelettmuskulatur mit Festliegen in Brustlage, herabgesetzten spinalen Reflexen und pumpender Atmung. Die Erkrankung verläuft innerhalb weniger Wochen tödlich.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **SDM (Spinale Dysmelisierung)**

Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nervenzellgebieten gekennzeichnet ist. Die erkrankten Kälber liegen zumeist gleich nach der Geburt in Seitenlage mit nach vorne gestreckten Gliedmaßen fest. Der Kopf ist häufig nach oben hinten gerichtet ('Mondguckerhaltung').

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Erste Krankheitszeichen entwickeln sich bei den betroffenen Tieren im Alter von mehreren Monaten. Diese zeigen sich in Form von Nachhandschwäche, Schwierigkeiten beim Aufstehen und unsicherem, schwankendem Gang. Innerhalb von 1-3 Jahren kommt es zum Festliegen des erkrankten Tieres und zum Tod.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Neben übermäßig langen, dünnen Gliedmaßen mit abnorm beweglichen und steifen, verkrümmten Gelenken als offensichtlichste Mißbildung weisen erkrankte Tiere häufig Schädeldeformationen, Wirbelsäulenverkrümmungen sowie Veränderungen an Blutgefäßen und zentralem Nervensystem auf. Kälber werden tot geboren oder verenden kurz nach der Geburt.

Betroffene Rassen: Fleckvieh, Brown Swiss, Deutsche Holsteins, Limousin

## **11.2 Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Hinterwälder**

Es liegen z.Zt. keine bekannten Erbfehler beim Hinterwälder vor.





# Literaturverzeichnis

[ASR 2009] ASR (2009). *Jahresbericht 2008*. Technischer Bericht, Arbeitsgemeinschaft Süddeutscher Rinderzucht- und Besamungsorganisationen e.V.

[KRÄUSSLICH 1994] KRÄUSSLICH, H. (1994). *Tierzüchtungslehre*. Eugen Ulmer, Stuttgart, 4. Aufl.

[SAMBRAUS 1999] SAMBRAUS, H. H. (1999). *Gefährdete Nutzierrassen*, Bd. 2. Eugen Ulmer, Stuttgart.

[SAMBRAUS 2001] SAMBRAUS, H. H. (2001). *Farbatlas Nutzierrassen*. Eugen Ulmer, Stuttgart, 6. Aufl.

# MONITORING TIERGENETISCHER RESSOURCEN

## Teil I

-Holstein-Rotbunt (RBT)-



herausgegeben von  
Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung e.V.

## **Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

## **Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V.

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft - Institut für Tierzucht

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

## **Berichtsautor**

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

Adresse: Heideweg 1  
27281 Verden

Internet: [www.vit.de](http://www.vit.de)

e-mail: [info@vit.de](mailto:info@vit.de)

Telefon: 04231-955-10

Fax: 04231-955-166

Ansprechpartner: Friedrich Reinhardt  
Doris Vogel



# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Allgemeine Informationen</b>	<b>4</b>
1.1	Rasseschlüssel . . . . .	4
1.2	Anerkannte Züchtervereinigungen . . . . .	4
1.3	Sonstige Verbände . . . . .	8
1.4	Hauptzuchtgebiet . . . . .	9
<b>2</b>	<b>Rassebeschreibung</b>	<b>10</b>
2.1	Zuchtziel . . . . .	10
2.2	Herkunft und Zuchtgeschichte . . . . .	11
2.2.1	Entstehung . . . . .	11
2.2.2	Entwicklung . . . . .	11
2.3	Zuchtprogramm . . . . .	13
2.4	Heutiger Stand . . . . .	15
2.5	Leistungen . . . . .	16
<b>3</b>	<b>Erbfehler</b>	<b>19</b>
3.1	Erbfehlerproblematik . . . . .	19
3.2	Bekannte Erbfehler beim Rind . . . . .	20

# Tabellenverzeichnis

1	Maße und Gewichte . . . . .	10
2	Entwicklung des Zuchtziels . . . . .	12
3	Bestandsentwicklung der Herdbuchtiere der Rasse Rotbunt . . . . .	12
4	Ergebnisse der MLP- und HB-Kühe 2008 . . . . .	16
5	Leistungsentwicklung der Herdbuchkühe . . . . .	16
6	Entwicklung der Nutzungsdauer der Kühe in MLP-Betrieben . . . . .	17
7	Ergebnisse der Stationsprüfung, Eigenleistungsprüfung 2008 . . . . .	18
8	Ergebnisse der Feldprüfung . . . . .	18

# 1 Allgemeine Informationen

## 1.1 Rasseschlüssel

TGRDEU - 118

ADR - 02

## 1.2 Anerkannte Züchtervereinigungen

### Masterrind GmbH



Adresse: Lindhooper Strasse 103  
27283 Verden

Internet: [www.masterrind.com](http://www.masterrind.com)

e-mail: [info@masterrind.com](mailto:info@masterrind.com)

Telefon: 04231-679-0

Fax: 04231-679-216

### Osnabrücker Herdbuch (OHG)



Adresse: Föckinghausen  
49324 Melle

Internet: [www.ohg-genetic.de](http://www.ohg-genetic.de)

e-mail: [info@ohg-genetic.de](mailto:info@ohg-genetic.de)

Telefon: 05422-987-0

Fax: 05422-8744

### Landesverband Thüringer Rinderzüchter (LTR)

Zucht- und Absatzgenossenschaft e.G.



Adresse: Stotternheimer Strasse 19  
99087 Erfurt

Internet: [www.ltr.de](http://www.ltr.de)

e-mail: [info@ltr.de](mailto:info@ltr.de)

Telefon: 0361-77974-0

Fax: 0361-77974-44

### Rinderzuchtverband Berlin-Brandenburg e.G. (RBB)



Adresse: Lehniner Strasse 9  
14550 Groß Kreutz

Internet: [www.rinderzucht-bb.de](http://www.rinderzucht-bb.de)

e-mail: [info@rinderzucht-bb.de](mailto:info@rinderzucht-bb.de)

Telefon: 033207-533-0

Fax: 033207-533-199

### Rinderunion Baden-Württemberg e.V. (RBW)



Adresse: Ölkofer Strasse 41  
88518 Herbertingen  
Internet: [www.rind-bw.de](http://www.rind-bw.de)  
e-mail: [info@rind-bw.de](mailto:info@rind-bw.de)  
Telefon: 07586-9206-0  
Fax: 07586-9206-35

### Rinderzucht Mecklenburg-Vorpommern GmbH (RMV)



Adresse: Zarchliner Strasse 7  
19395 Karow  
Internet: [www.rinderzucht-mv.de](http://www.rinderzucht-mv.de)  
e-mail: [mv-karow@rinderzucht-mv.de](mailto:mv-karow@rinderzucht-mv.de)  
Telefon: 038738-730-0  
Fax: 038738-730-50

### Rinderzuchtverband Sachsen-Anhalt e.G. (RSA)



Adresse: Bahnhofstrasse 32  
39576 Stendal  
Internet: [www.rsaeg.de](http://www.rsaeg.de)  
e-mail: [info@rsaeg.de](mailto:info@rsaeg.de)  
Telefon: 03931-6964-0  
Fax: 03931-212932

### Rinderzucht Schleswig-Holstein e.G. (RSH)



Adresse: Rendsburger Strasse 178  
24537 Neumünster  
Internet: [www.rsheg.de](http://www.rsheg.de)  
e-mail: [rsheg@rsheg.de](mailto:rsheg@rsheg.de)  
Telefon: 04321-905300  
Fax: 04321-905395

### Rinder-Union-West e.G. (RUW)



Adresse: Postfach 6680  
48035 Münster  
Internet: [www.ruweg.de](http://www.ruweg.de)  
e-mail: [info@ruweg.de](mailto:info@ruweg.de)  
Telefon: 0251-9288-0  
Fax: 0251-9288-236

### Zuchtverband Schwarzbunt und Rotbunt Bayern e.V. (SRB)



Adresse: Stadtgraben 1  
85276 Pfaffenhofen/Ilm  
Internet: [www.holstein-bayern.de](http://www.holstein-bayern.de)  
e-mail: [srb.bayern@t-online.de](mailto:srb.bayern@t-online.de)  
Telefon: 08441-831-01  
Fax: 08441-831-02

### Verein Ostfriesischer Stammviehzüchter e.G. (VOST)



Adresse: Nessestrasse 1  
26789 Leer  
Internet: [www.vost.de](http://www.vost.de)  
e-mail: [info@vost.de](mailto:info@vost.de)  
Telefon: 0491-8004-0  
Fax: 0491-8004-22

### Weser-Ems-Union e.G. (WEU)



Adresse: Kayhauserfeld, Feldlinie 2a  
26160 Bad Zwischenahn  
Internet: [www.weu.de](http://www.weu.de)  
e-mail: [info@weu.de](mailto:info@weu.de)  
Telefon: 04403-9326-0  
Fax: 04403-9326-13

### Zucht- und Besamungsunion Hessen e.G. (ZBH)



Adresse: An der Hessenhalle 1  
36304 Alsfeld  
Internet: [www.zbh.de](http://www.zbh.de)  
e-mail: [kontakt@zbh.de](mailto:kontakt@zbh.de)  
Telefon: 06631-784-10  
Fax: 06631-784-48

### Masterrind GmbH



Adresse: Schlettaer Strasse 8  
01662 Meißen  
Internet: [www.masterrind.com](http://www.masterrind.com)  
e-mail: [info@masterrind.com](mailto:info@masterrind.com)  
Telefon: 03521-4704-10  
Fax: 03521-4704-18

**Rinderzuchtverband Mittelfranken e.V.**



Adresse: Kaltengreuther Strasse 1  
Postfach 1843  
91522 Ansbach  
Internet: [www.lbr.bayern.de/rzv-mittelfranken](http://www.lbr.bayern.de/rzv-mittelfranken)  
e-mail: [rzv-mittelfranken@web.de](mailto:rzv-mittelfranken@web.de)  
Telefon: 0981-4884-20  
Fax: 0981-4884-250

**Rinderzuchtverband Würzburg e.V.**



Adresse: Von Luxburg Strasse 4  
97074 Würzburg  
Internet: [www.lbr.bayern.de/rzv-wuerzburg](http://www.lbr.bayern.de/rzv-wuerzburg)  
e-mail: [rzv.wuerzburg@aelf-wu.bayern.de](mailto:rzv.wuerzburg@aelf-wu.bayern.de)  
Telefon: 0931-7904-800  
Fax: 0931-7904-813

**Weilheimer Zuchtverbände e.V.**



Adresse: Wessobrunner Strasse 18  
82362 Weilheim  
Internet: [www.lbr.bayern.de/zv-weilheim](http://www.lbr.bayern.de/zv-weilheim)  
e-mail: [zuchtverband.weilheim@aelf-wm.bayern.de](mailto:zuchtverband.weilheim@aelf-wm.bayern.de)  
Telefon: 0881-98998-0  
Fax: 0881-98998-30



## 1.3 Sonstige Verbände

### Deutscher Holstein Verband e.V. (DHV)



Adresse: Adenauerallee 174  
53113 Bonn

Internet: [www.holstein-dhv.de](http://www.holstein-dhv.de)

e-mail: [info@holstein-dhv.de](mailto:info@holstein-dhv.de)

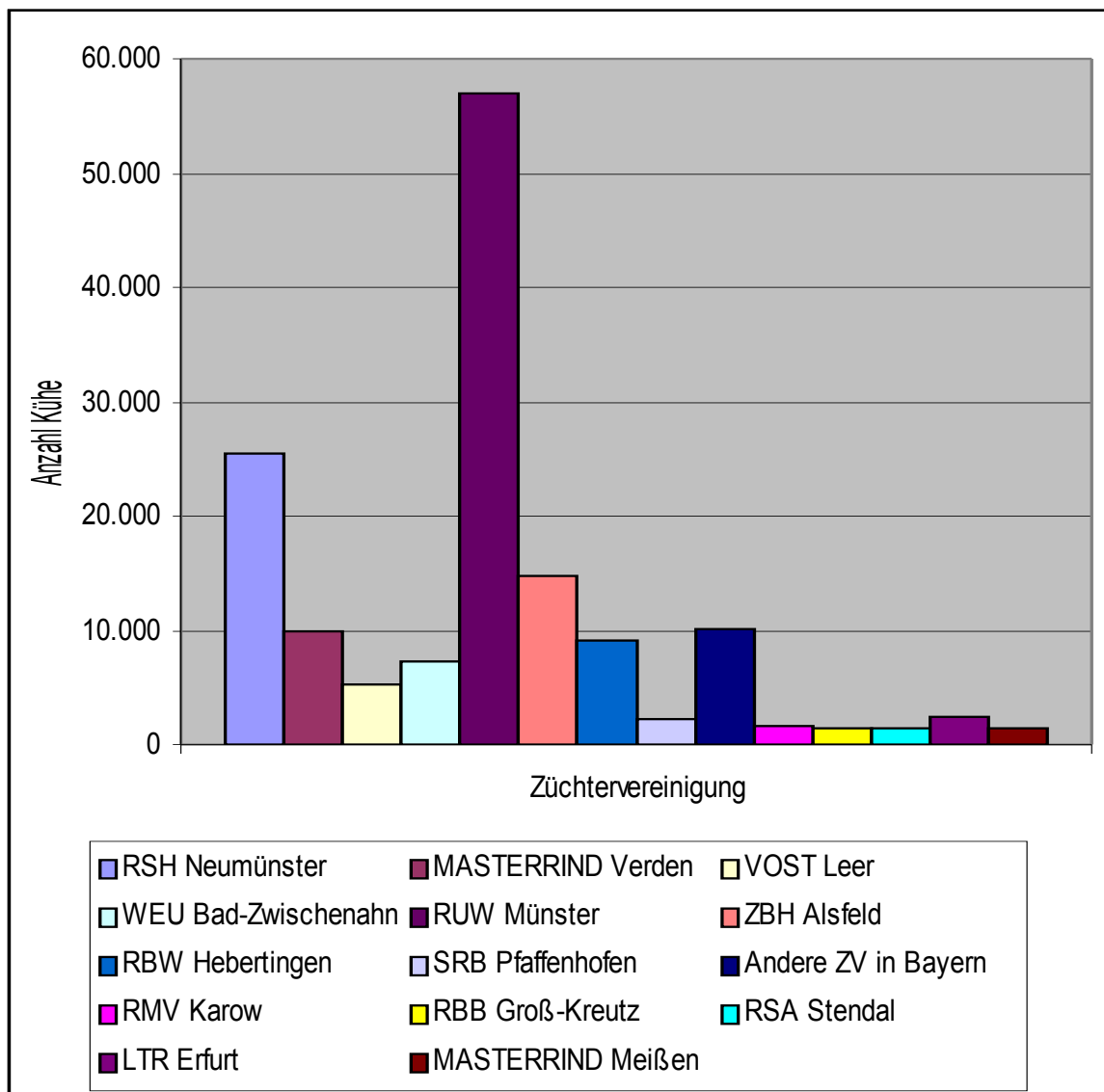
Telefon: 0228-914475-0

Fax: 0228-914475-5

## 1.4 Hauptzuchtgebiet

Das Hauptzuchtgebiet der Rasse Holstein-Rotbunt liegt in Mittel- und Norddeutschland.

**Abb. 1: Verbreitung der Herdbuchkühe in den einzelnen Züchtervereinigungen**  
(Quelle: ADR-Jahresbericht 2008)



## 2 Rassebeschreibung

### 2.1 Zuchtziel

Deutsche Holsteins der Farbrichtung Rotbunt werden auf hohe Milchleistung und gute Zuwachsleistung gezüchtet. Angestrebt wird die rentable Leistungskuh in milchbetontem Typ, die über viele Laktationen nutzbar ist und den jeweiligen Haltungsbedingungen gerecht wird. Voraussetzungen dazu sind eine genetisch bedingte Anpassungsfähigkeit, großes Grundfutter- und Trockensubstanzaufnahmevermögen sowie stabile Gesundheit und gute Fruchtbarkeit.

Angestrebt wird ein genetisches Leistungspotenzial von über

*10.000 kg Milch mit einem Fettgehalt von 4,0 % und einem Proteingehalt von 3,5 %,*

auf dessen Verbesserung besonderes Gewicht gelegt werden muß.

Verlangt wird außerdem ein gut melkbares Euter, das in Qualität und Funktionsfähigkeit hohe Tagesleistungen über viele Laktationen ermöglicht und den Anforderungen moderner Melksysteme entspricht.

**Tabelle 1:** Maße und Gewichte

Maße und Gewichte	Bullen	Kühe
Widerristhöhe, cm	-	145 - 156
Gewicht, kg	-	650 - 750
tägl. Zunahme, g	1200	-

Körperbau: wüchsig  
gute Tiefen- und Breitenmaße  
gut bemuskelt

Farbe: rot-weiß geflecktes, behorntes Rind

Eigenschaften: korrektes und widerstandsfähiges Fundament  
widerstandsfähig  
hohe Mastendgewichte mit höchster Schlachtausbeute  
vorzügliche Fleischqualität  
hervorragende Grundfutterverwertung  
hohe Fruchtbarkeit  
Langlebigkeit  
gut melkbares Euter  
hoher Milchfluß

## 2.2 Herkunft und Zuchtgeschichte

### 2.2.1 Entstehung

Die Rotbunten stammen aus dem norddeutschen Raum und sind verwandt mit dem Schwarzbunten Niederungsrind, mit dem sich auch die Ursprungszuchtgebiete überschneiden. Die Hauptzuchtgebiete lagen in Schleswig-Holstein, Süddoldenburg und im Münsterland.

In den meisten Zuchtorganisationen wurden schwarzbunte und rotbunte Tiere zunächst im gleichen Zuchtbuch geführt und das Zuchtziel für beide Farbrichtungen war identisch. In der späteren Zeit erfolgte dann die Gründung von Zuchtverbänden, die nur für Schwarzbunte oder Rotbunte zuständig waren. Durch Einkreuzung anderer Rassen wurden sehr verschiedene Schläge gezüchtet, bis man sich in den 30er Jahren des 20. Jahrhunderts in allen Zuchtgebieten auf eine Zuchtrichtung einigte.

Im Gegensatz zu den Schwarzbunten wurde die Zucht gleichwertig auf Milch- und Fleischleistung gelegt.

### 2.2.2 Entwicklung

Da nach dem 2. Weltkrieg die Wirtschaft florierte und sich damit die Lebensgewohnheiten der Menschen änderten, wurde nun die Nachfrage nach mehr Milch mit höheren Inhaltsstoffen (Fett, Eiweiß) größer. Nach verschiedenen Zuchtversuchen mit Dänischen Jerseys und British Friesian wurden 1968 150 weibliche und 5 männliche HF-Rinder aus Kanada importiert.

Bei den Rotbunten wurde allerdings vorerst auf einen Einsatz neuer Rassen verzichtet, da die Nachkommen der Holstein Friesian-Rinder schmalwüchsiger waren und an Muskulatur verloren hatten und somit dem Zweinutzungsziel der Rotbuntzüchter entgegenstanden.

Erst ab Mitte der 80er und insbesondere in den 90er Jahren des 20. Jahrhunderts wurde mit der Hereinnahme von Holsteinblut in die Rotbuntzucht die Leistungsentwicklung deutlich in Richtung Milchmenge verstärkt.

**Tabelle 2:** Entwicklung des Zuchtziels  
(Quelle: Rinderzucht Schleswig-Holstein e.G.)

<b>Jahr</b>	<b>Zuchtziel</b>
<b>1954</b>	Zweinutzungskuh mit 5.000 kg Milch mit 4 % Fett Widerristhöhe 132 cm, Gewicht 650 kg
<b>1964</b>	echte Zweinutzungskuh mit 5.000 kg Milch und 4 % Fett
<b>1977</b>	Zweinutzungskuh mit 6.000 kg Milch mit 4 % Fett und 3,5 % Eiweiß Kreuzhöhe 140 cm, Gewicht 700 kg
<b>1989</b>	fruchtbare Zweinutzungskuh mit 7.000 kg Milch mit 4 % Fett und 3,5 % Eiweiß Kreuzhöhe 142 - 145 cm, Gewicht 750 kg
<b>1997</b>	Leistungskuh im milchbetonten Typ, über 8.000 kg Milch mit 4 % Fett und 3,5 % Eiweiß, Kreuzhöhe 145 - 150 cm, Gewicht 750 kg

**Tabelle 3:** Bestandsentwicklung der Herdbuchtiere der Rasse Rotbunt  
(Quelle: Jahresberichte der ADR)

	<b>1970</b>	<b>1980</b>	<b>1990</b>	<b>2000</b>	<b>2008</b>
<b>Bullen</b>	-	-	-	1.260	913
<b>Kühe</b>	-	-	-	169.464	150.326
<b>Gesamt</b>	184.391	157.782	170.334	170.724	151.239

## 2.3 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm der Rasse Holstein-Rotbunt ist auf die Umsetzung des Zuchtziels einer funktionalen Milchkuh mit hohem Leistungspotenzial und Exterieurstärke ausgerichtet. Dieses Ziel steht bei der Auswahl von Bullenmüttern und Bullenvätern im Vordergrund. Deshalb ist der Gesamtzuchtwert RZG sowohl auf der weiblichen als auch auf der männlichen Seite das am stärksten gewichtete Selektionskriterium.

Die mit hoher Intensität aus der deutschen Zuchtpopulation selektierten Topkühe stellen den größten Teil der Bullenmütter. Vertragsanpaarungen mit internationalen Spitzenkühen ergänzen dieses Potenzial.

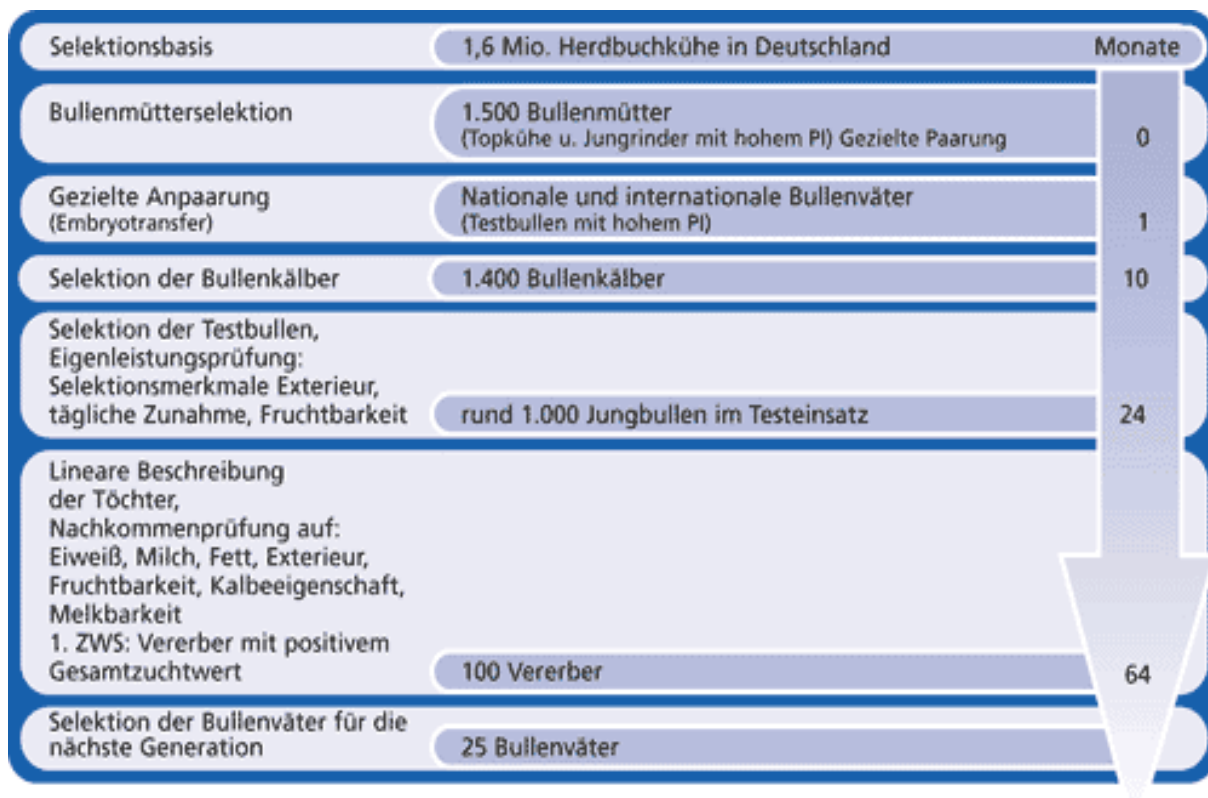
Die Altersstruktur der Bullenmütter ist so gewählt, dass sie die Vorteile eines schnellen Generationsintervalls mit der notwendigen Sicherheit kombiniert. Der Großteil der Bullenmütter wird nach dem ersten Kalb selektiert. Gleichzeitig werden aber auch Jungrinder mit einem hohen Pedigree-Zuchtwert sowie einzelne ältere Kühe, die ihr Potenzial bereits in mehreren Laktationen unter Beweis gestellt haben, genutzt.

Um die Sicherheit der Selektionsentscheidungen zu optimieren, wird ein Teil der potenziellen Bullenmütter unter gleichen Bedingungen auf Station geprüft.

Aus den eigenen Prüfprogrammen werden nur die allerbesten Vererber als Bullenväter selektiert. Hinzu kommen internationale Vererber aus anderen führenden Ländern der Holsteinzucht. Als Bullenväter kommen Vererber in Frage, die im Gesamtzuchtwert RZG zum besten 1% aller verfügbaren Bullen zählen. Zudem müssen sie in den funktionalen Merkmalen ein ausreichendes Mindestniveau erreichen. Besonderes Gewicht haben dabei die Merkmale Fundament, Euter und Zellzahl.

Im Zuchtprogramm 2007/2008 wurden für Holstein-Rotbunt 134 Prüfbullen getestet und 29 Bullenväter eingesetzt.

**Abb. 2: Zucht- und Reproduktionsprogramm der gesamten Holstein-Population in Deutschland**  
(Quelle: Deutscher Holstein Verband e.V.)



Als Zuchtmethode wird in der Regel Reinzucht betrieben. Bei der vorgegebenen Variation innerhalb der Rasse sollen für die Leistung und Exterieur wirtschaftlich wichtige Merkmale durch entsprechende Selektion der Elterntiere sinnvoll kombiniert werden.

Die Einkreuzung mit Tieren anderer Rassen zum Zwecke der Verbesserung bestimmter Eigenschaften bleiben als flankierende Maßnahme des Zuchtprogramms auf den Einzelfall beschränkt.

## 2.4 Heutiger Stand

Die Zuchtziele zwischen Rotbunt und Schwarzbunt haben sich so stark genähert, dass 1996 ein gemeinsames Zuchtziel für rotbunte und schwarzbunte Holsteins festgelegt wurde.

Auf rund 22.800 Zuchtbetrieben stehen über 1,6 Millionen Herdbuchkühe. Damit verfügt Deutschland über die weltweit größte Holstein-Herdbuchpopulation. Die Zahl der Holstein-Rotbunt in der Milchleistungsprüfung liegt bei etwa 250.000 Kühen. Jährlich durchlaufen rund 150 rotbunte Testbullen das Nachkommenprüfprogramm. Scharfe Selektionskriterien bei der Auswahl der Bullenmütter und Bullenväter sowie ein ungelenkter Testbulleneinsatz mit unabhängiger Datenerfassung gewährleisten einen hohen Zuchtfortschritt.

Die Kombination wirtschaftlich wichtiger Merkmale macht Deutsche Holsteins zu rentablen Milchkühen, die deutsche Milchproduzenten und ihre Kollegen in aller Welt zu schätzen wissen. So werden Jahr für Jahr zehntausende Herdbuchrinder in über 35 Länder exportiert. Sperma deutscher Top-Bullen sowie Embryonen aus bewährten deutschen Kuhfamilien sind weltweit gefragt.



## 2.5 Leistungen

**Tabelle 4:** Ergebnisse der MLP- und HB-Kühe 2008  
(Quelle: ADR-Jahresbericht)

Leistung		Anzahl Kühe	Milch kg	Fett %	Fett kg	Eiweiß %	Eiweiß kg
	<b>305-TL 1.LA</b>	71.175	6.926	4,15	287	3,37	233
<b>MLP</b>	<b>305-TL aller Kühe</b>	207.126	7.559	4,18	316	3,37	255
	<b>Durchschnittsl. aller Kühe</b>	251.609	7.556	4,23	320	3,41	257
	<b>305-TL 1.LA</b>	43.699	7.218	4,13	298	3,38	244
<b>HB</b>	<b>305-TL aller Kühe</b>	124.372	7.927	4,16	330	3,38	268
	<b>Durchschnittsl. aller Kühe</b>	149.627	7.979	4,22	337	3,42	273

**Tabelle 5:** Leistungsentwicklung der Herdbuchkühe  
(Quelle: ADR-Jahresberichte)

Jahr	Anzahl Kühe	Milch kg	Fett %	Fett kg	Eiweiß %	Eiweiß kg
<b>1959</b>	117.206	4.283	3,67	157	-	-
<b>1968</b>	126.956	4.688	3,81	179	-	-
<b>1978</b>	110.305	5.161	3,89	201	-	-
<b>1988</b>	125.155	5.860	4,04	236	3,38	198
<b>1998</b>	189.864	6.955	4,26	296	3,36	234
<b>2008</b>	149.627	7.979	4,22	337	3,42	273

**Tabelle 6:** Entwicklung der Nutzungsdauer der Kühe in MLP-Betrieben  
(Angaben aus der Verarbeitung der MLP-Ergebnisse für die Jahre 2004 - 2008 beim **vit**)

Laktations- Nummer	2004 absolut	in %	2005 absolut	in %	2006 absolut	in %	2007 absolut	in %	2008 absolut	in %
<b>1</b>	25.143	31,2	24.745	31,7	23.972	31,3	18.561	32,3	19.933	34,2
<b>2</b>	19.212	23,8	18.667	23,9	18.739	24,5	14.123	24,6	14.035	24,1
<b>3</b>	13.894	17,2	13.429	17,2	13.416	17,5	9.991	17,4	9.908	17,0
<b>4</b>	9.292	11,5	8.812	11,3	8.608	11,2	6.455	11,2	6.417	11,0
<b>5</b>	6.114	7,6	5.488	7,0	5.396	7,0	3.755	6,5	3.751	6,4
<b>6</b>	3.444	4,3	3.442	4,4	2.985	3,9	2.131	3,7	2.054	3,5
<b>7</b>	1.884	2,3	1.879	2,4	1.803	2,4	1.162	2,0	1.036	1,8
<b>8</b>	944	1,2	945	1,2	921	1,2	641	1,1	565	1,0
<b>9</b>	427	0,5	434	0,6	415	0,5	325	0,6	289	0,5
<b>10</b>	208	0,3	197	0,3	177	0,2	140	0,2	140	0,2
<b>&gt;10</b>	128	0,2	142	0,2	137	0,2	120	0,2	111	0,2
<b>Alle Laktationen</b>	80.690	100,0	78.180	100,0	76.569	100,0	57.404	100,0	58.239	100,0

**Tabelle 7:** Ergebnisse der Stationsprüfung, Eigenleistungsprüfung 2008  
(Quelle: Jahresbericht der ADR )

Station	Anzahl geprüfter Tiere	Alter bei Prüf- Beginn Tage	Alter bei Prüf- Ende Tage	Gewicht bei Prüf- Beginn kg	Gewicht bei Prüf- Ende kg	tägliche Zunahme g	Bemusk. Note Pkt
NRW, Düsse	55	140	340	164	448	1.420	-
Schl.-Holstein, Ruhwinkel	16	90	330	110	416	1.275	5,0
Thüringen, Nordhausen	203	195	389	202	431	1.180	-

**Tabelle 8:** Ergebnisse der Feldprüfung  
(Quelle: Jahresberichte der ADR 2000, 2004 und 2008 )

	Eigenleistungsprüfung			ungelenkte Nachkommenprüfung*		
	2000	2004	2008	2000	2004	2008
Anzahl Tiere	305	236	205	14.339	12.047	11.807
Alter, Tage	442	444	427	-	-	-
Alter, Monate	-	-	-	20,7	20,7	21,2
Lebendgewicht, kg	602	593	569	-	-	-
Schlachtgewicht, kg	-	-	-	347	358	369
tägl. Zunahme, g	1.278	1.245	1.240	-	-	-
Nettozunahme, g	-	-	-	558	572	570
Handelsklasse, Pt	-	-	-	3,2	2,52	2,08
Fettklasse, Pt	-	-	-	2,70	2,87	2,86

\* Prüfung in Schleswig-Holstein

## 3 Erbfehler

### 3.1 Erbfehlerproblematik

Erbfehler und Mißbildungen sind Abweichungen von der Norm in Körperbau, Körperfunktion und Verhalten mit nachteiliger Wirkung für das betroffene Tier oder die Population (Rasse).

Sie führen nicht nur zu wirtschaftlichen Schäden, sondern verursachen auch oft Leiden und Schmerzen bei den betroffenen Tieren. Es liegt deshalb schon in der ethischen Verantwortung, Anomalien zu erfassen und wenn möglich durch züchterische Maßnahmen zu vermeiden.

Wirtschaftlich gesehen entstehen direkte Kosten durch die Schädigungen am Tier selbst, aber auch durch Beschränkungen in den züchterischen Maßnahmen und vermindertem Zuchtfortschritt. Nicht zu unterschätzen sind auch eventuelle Imageschäden für die Rasse.

Erbfehler sind vor allem solche Defekte, denen ein monogener oder digener Erbgang oder eine Chromosomenanomalie zugrunde liegen. Soweit Erbfehler durch ein dominantes Gen verursacht werden, sind Anlageträger zugleich Merkmalsträger. Dies vereinfacht die Selektion gegen solche Merkmale, so dass im Allgemeinen keine besonderen diagnostischen, jedoch züchterische Maßnahmen erforderlich sind. Rezessive Schadgene dagegen führen nur in homozygotem Zustand, bei zwei beteiligten Genorten erst bei deren Kombination zur Manifestation des Erbfehlers und damit zum Auftreten erkennbarer Merkmalsträger.

Erbkrankheiten gewinnen besonders seit dem vermehrten Einsatz der künstlichen Besamung immer mehr an Bedeutung. So kann ein KB-Bulle mit hervorragenden Leistungsallelen, der aber ein Erbfehlerträger ist, seinen Erbfehler in einen großen Teil der Population verbreiten. Er kann erst als Erbfehlerträger erkannt werden, wenn er an einen weiteren Anlagenträger angepaart wird und aus dieser Paarung ein krankes Kalb entsteht.

Der Nachweis einer genetischen Abhängigkeit wird oft erschwert durch die relative Seltenheit der Defekte, unvollständige Penetranz, Umweltfaktoren mit ähnlicher Wirkung sowie durch Befürchtungen der Züchter vor Diskriminierung ihrer Zucht.

In Abhängigkeit von der Frequenz des Schadgens ist die Häufigkeit der phänotypisch gesunden Anlageträger in der Population um ein Vielfaches größer als die erkennbaren Merkmalsträger. Die heutige Molekulargenetik erlaubt die Entwicklung von Markertests für die frühzeitige Erkennung von Erbfehlern. Diese Tests ermöglichen eine effiziente Reduktion der Letalgene in den Populationen bei gleichzeitiger züchterischer Nutzung von Anlageträgern.

In der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) ist der aktuelle genomanalytische Wissensstand über genetische Defekte ersichtlich. Für das Rind sind z.Zt. (Stand: 01.09.2009) insgesamt 379 Merkmale aufgeführt, 80 davon als "Single-Locus-traits", von 47 Merkmalen wurde die kausale Mutation bereits auf DNA-Ebene identifiziert.

Die zuständigen Rassdachverbände in der ADR legen eine verbindliche Liste der genetischen Besonderheiten und Erbfehler fest. Das Verfahren der Festlegung von Erbfehlern erfolgt nach wissenschaftlich anerkannten Grundsätzen und wird auf bestimmte Gruppen (wie z.B. Besamungsbullen, deren Bullenmütter, ET-Spendertiere) beschränkt. Die Ergebnisse durchgeführter Untersuchungen auf genetische Besonderheiten und Erbfehler sind nach Vorliegen im Zuchtbuch zu führen und auf der Zuchtbescheinigung anzugeben. Die Entwicklung weiterer Erbfehler wird hinsichtlich ihrer Tierschutzrelevanz und/oder ökonomischen Bedeutung ständig geprüft und entsprechend behandelt.

## 3.2 Bekannte Erbfehler beim Rind

Nachfolgend werden die z.Zt. wirtschaftlich und erbhgienisch wichtigsten Defekte beim Rind beschrieben:

- **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Hierbei handelt es sich um eine Immunschwäche, die durch eine Punktmutation verursacht wird und zum Fehlen bestimmter Glukoproteine auf der Oberfläche von Leukozyten führt, wodurch sie nicht mehr aus dem Blut in Richtung eines Infektionsherdes auswandern können. Die Krankheit äußert sich in auffallender Neigung zu wiederkehrenden bakteriellen Infektionen. Die Kälber sterben oft in den ersten Lebenswochen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Es handelt sich um eine schwere Entwicklungsstörung der Wirbelsäule. Die Kälber werden abortiert, zu früh oder tot geboren. Typische Kennzeichen sind Mißbildungen an den Wirbelkörpern, verkürzte Wirbelsäule, versteifte, nach innen verdrehte Gelenke an allen vier Gliedmaßen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Uridin-Monophosphat, das eine essentielle Komponente der Pyrimidin-Nukleotide darstellt, kann nicht ausreichend synthetisiert werden. Die schwerwiegende Konsequenz ist embryonaler Fröhrtod.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Citrullinämie**

Aufgrund eines Enzymdefektes ist der Harnstoffzyklus gestört. Die Kälber sterben innerhalb von 3-5 Tagen nach der Geburt an Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Die Entwicklung der Knorpel- und Knochenbildung ist gestört. Die in der Regel toten Neugeborenen haben überlange, sehr dünne, leichtbrüchige Röhrenknochen. Die Sehnen der Gliedmaßen sind verkürzt, die Gelenke verkrümmt oder versteift. Außerdem sind häufig Verformungen des Schädels und Verkürzungen des Unterkiefers zu beobachten. Da der Defekt sich schon beim Fötus entwickelt, sind bereits bei der Geburt des Kalbes Knochenbrüche zu erwarten und dadurch Verletzungen der Geburtswege beim Muttertier möglich.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh

- **Syndactylie (Mulefoot)**

Die beiden Hauptzehen der betroffenen (eine oder mehrere) Gliedmaßen sind teilweise bis komplett verschmolzen, wobei meistens nur ein Hornschuh ausgebildet ist. Diese kegelförmig zugespitzten Hufe zwingen die Tiere zum Auftreten auf kleinsten Flächen, zu schwankender Haltung und bevorzugtem Liegen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh, Braunvieh

- **Chondrodysplasie (Bulldog)**

Hierbei handelt es sich um eine Punktmutation, die zu einer Störung der Knorpelbildung führt. Die Knochenwachstumszone wird verfröhrt verknöchert, was zur Einschränkung des Längenwachstums vor

allem der Extremitäten führt. Die Tiere fallen durch ihren unförmigen Körperbau mit kurzem Kopf und stummelartigen Gliedmaßen auf und zählen zu dem Komplex disproportionierten Zwergenwuchses.

Betroffene Rasse: Dexter

- **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Es handelt sich um eine neurogene Atrophie und Schwäche der Skelettmuskulatur, besonders der Extremitäten, hervorgerufen durch Degeneration und Schwund der Motoneuronen im Rückenmark. In der Regel zeigen sich erst im Alter von 3 bis 5 Wochen Lähmungserscheinungen. Als häufigste Komplikation tritt eine sekundäre meist therapieresistente Pneumonie auf, so dass die Kälber selten älter als zwei Monate werden.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **SDM (Spinale Dysmyelinisierung)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nerverzellgebieten gekennzeichnet ist. Die davon betroffenen Kälber liegen ab Geburt häufig in Seitenlage mit gestreckten Beinen fest. Den Kopf halten sie meist nach oben hinten ("Mondguckerhaltung"). Da die betroffenen Kälber auf keine Behandlung ansprechen, gehen sie in der Regel in den ersten Lebenswochen ein oder werden eingeschläfert.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems. Erste Krankheitszeichen treten im Alter von 5 bis 8 Monaten auf. Die betroffenen Kälber zeigen Schwächen in den Hinterbeinen und einen schwankenden, ungleichmäßigen Gang. Stärker werdende Koordinationsstörungen führen zum Festliegen und Tod durch Pansenlähmung mit 1 bis 3 Jahren.

Betroffene Rasse: Braunvieh

Genetisches Monitoring der Rasse  
'Doppelnutzung Rotbunt'  
Teil II  
(statistische Auswertungen)

vit Verden

05.07.2010

**Inhaltsverzeichnis**

<b>1</b>	<b>Übersicht Datengrundlage</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Pedigreevollständigkeit</b>	<b>6</b>
<b>3</b>	<b>Genanteile</b>	<b>10</b>
<b>4</b>	<b>Generationsintervall</b>	<b>13</b>
<b>5</b>	<b>Inzucht und effektive Populationsgröße</b>	<b>13</b>
<b>6</b>	<b>Bewertung der Ergebnisse</b>	<b>17</b>

**Abbildungsverzeichnis**

1	Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index . . . . .	9
2	Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI > 0.70 auf Geburtsjahrgang . . . . .	15
3	Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen . . . . .	16

---

---

## Tabellenverzeichnis

1	Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht . . . . .	4
2	Verteilung der Tiere auf Regionen . . . . .	5
3	Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge . . . . .	5
4	Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population . . . . .	7
5	Mittlere Genanteile der Bullen in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	11
6	Mittlere Genanteile der Kühe in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	12
7	Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden . . . . .	13



## 1 Übersicht Datengrundlage

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Rasse Doppelnutzung Rotbunt (RDN, Rassecode=09) wurden zunächst alle seit 1990 registrierten Geburten bzw. Tiere seit Geburtsjahr 1990 bereitgestellt. In Tabelle 1 sind alle geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. Aus den vollständigen Jahrgängen 2000 bis 2007 ist ersichtlich, dass pro Jahr ca. 50.000 Kälber geboren werden, allerdings mit deutlich abnehmender Tendenz. In den letzten vollständigen Geburtsjahren wurden lediglich noch ca. 40.000 Kälber gemeldet.

In Tabelle 2 ist eine regionale Verteilung der Geburten über die Bundesländer gegeben. Die Rasse wird fast ausschließlich in Schleswig-Holstein gehalten. Dies ist darin begründet, dass die Rassebezeichnung Doppelnutzung Rotbunt erst vor ca. 20 Jahren in Schleswig-Holstein eingeführt und ein eigenes Zuchtprogramm aufgebaut wurde.

Die Rassezugehörigkeit bzw. -abgrenzung zu Rotbunt ist an einem HF-Blutanteil von weniger als 25 % definiert.

In Tabelle 3 ist aufgelistet, welche Tiere der Ausgangspopulation Eltern geworden sind und welche Eltern wiederum heute noch leben. Die letzten 2 Spalten sind unter dem Vorbehalt zu betrachten, dass in den Ursprungsdateien alle Abgangsdaten vollständig verzeichnet sind.

Die Ausgangsbasis für das Genetische Monitoring bilden alle lebenden Eltern seit 2001 (aktuelles Jahr - 9). Diese Tiere sind als jüngste Elterngeneration (1) bzw. aktuelle Zuchtpopulation zu sehen und sollten selbst noch nicht als Großeltern im Datenmaterial erscheinen.

Jahrgang	männlich	weiblich
1990	269	32.910
1991	11.582	33.464
1992	14.026	36.240
1993	13.098	32.266
1994	20.816	31.945
1995	35.231	37.717
1996	38.371	35.878
1997	35.859	34.349
1998	33.771	32.054
1999	33.039	30.132
2000	29.766	27.670
2001	29.022	27.393
2002	28.500	28.352
2003	26.314	26.789
2004	25.157	24.439
2005	23.159	21.746
2006	21.367	20.581
2007	18.254	17.269
2008	6.373	6.043
2009	3.947	3.771
2010	0	0

Tabelle 1: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

Region	Anz.Tiere
Schleswig-Holstein	968.622
Hamburg	293
Niedersachsen	8.442
Bremen	494
Nordrhein-Westfalen	5.904
Hessen	2.259
Rheinland-Pfalz	1.753
Baden Württemberg	715
Bayern	13
Saarland	116
Brandenburg	110
Mecklenburg-Vorpommern	86
Sachsen	1
Sachsen-Anhalt	32
Thüringen	22
NBL, <sup>1</sup> nicht zuzuordnen	68

<sup>1</sup> Neue Bundesländer

Tabelle 2: Verteilung der Tiere auf Regionen

Jahrgang	Alle		Eltern		noch lebende Eltern	
	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe
2001	29.022	27.393	61	13.878	22	1.567
2002	28.500	28.352	56	13.337	15	2.636
2003	26.314	26.789	52	12.228	5	3.638
2004	25.157	24.439	47	10.623	5	4.518
2005	23.159	21.746	37	4.684	2	2.665
2006	21.367	20.581	33	2.128	6	1.576
gesamt	153.519	149.300	286	56.878	55	16.600

Tabelle 3: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge

## 2 Pedigreevollständigkeit

Für die in Tabelle 3/Spalten 6 und 7 (noch lebende Eltern) genannte Ausgangselterngeneration wurden alle Ahnen bis 1950 zurück, sofern bekannt und plausibel, aus den Abstammungsdateien des **vit** herausgesucht. Die Pedigrees enden, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt. Für RDN laufen die Pedigrees aber weiter, wenn ein rotbunter Ahne auftritt. Dies ist unter anderem dadurch begründet, dass in anderen Bundesländern Tiere mit einem HF-Anteil von weniger als 25 % als Rotbunte geführt werden. Die Rassebezeichnung RDN, verknüpft mit HF-Blutanteil < 25 %, wird häufig vergeben, wenn ein Elternteil nicht bekannt ist und der Blutanteil nicht korrekt berechnet werden kann. Diese beiden Punkte sind bei allen nachfolgenden Auswertungen zu berücksichtigen.

Für eine korrekte Berechnung und Darstellung des Inzuchtzuwachses und der daraus abgeleiteten effektiven Populationsgröße sind Mindestanforderungen bezüglich Vollständigkeit und Tiefe der Pedigreeinformationen zu setzen. Um diesen Informationsgehalt zu quantifizieren, wird für jedes Tier der sogenannte Pedigree Completeness Index (PCI) berechnet (MacCluer 1983). Der PCI ist eine Relativzahl, die in Abhängigkeit zur geforderten Pedigreetiefe (Anzahl Ahnengenerationen) zu sehen ist. D.h., bei 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier den PCI=1, wenn alle 32 Ahnen bekannt sind.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1960 in Tabelle 4 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf eine Pedigreetiefe von 4 Ahnengenerationen. Für die Monitoringausgangspopulation (C) erreichen nur noch 38 männliche und 2.357 weibliche Tiere den geforderten PCI > 0,70. Dieser niedrige Anteil ist auf die oben angegebenen Ursachen zurück zu führen.

In Abbildung 1 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 4 nochmal graphisch dargestellt. Je aktueller die Geburtsjahrgänge desto höher sind die mittleren PCI der Tiere. Dieses Ergebnis ergibt sich automatisch aus den verfügbaren Pedigreeinformationen.

Tabelle 4: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1960	25	0.01	64	0.00
1961	30	0.00	85	0.00
1962	40	0.02	147	0.00
1963	38	0.03	139	0.00
1964	48	0.05	154	0.01
1965	65	0.05	203	0.01
1966	58	0.13	213	0.03
1967	73	0.08	209	0.07
1968	71	0.14	250	0.10
1969	82	0.15	273	0.15
1970	66	0.18	265	0.19
1971	99	0.23	244	0.24
1972	86	0.23	261	0.26
1973	98	0.34	302	0.30
1974	92	0.31	291	0.33
1975	93	0.37	339	0.34
1976	76	0.39	321	0.40
1977	76	0.40	320	0.41
1978	76	0.44	342	0.41
1979	79	0.44	364	0.45
1980	80	0.50	392	0.46
1981	71	0.53	342	0.46
1982	89	0.57	351	0.52
1983	79	0.53	364	0.55
1984	69	0.58	367	0.55
1985	65	0.57	316	0.49
1986	74	0.60	399	0.55
1987	83	0.64	383	0.53
1988	79	0.67	359	0.57
1989	78	0.64	416	0.58
1990	113	0.65	401	0.57
1991	76	0.71	422	0.60
1992	75	0.72	384	0.62
1993	84	0.72	413	0.55
1994	88	0.69	426	0.59
1995	50	0.75	427	0.63
1996	66	0.75	411	0.58
1997	55	0.73	412	0.68

Weiter auf nächster Seite

---

---

## 2 PEDIGREEVOLLSTÄNDIGKEIT

---

---

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1998	53	0.79	434	0.66
1999	67	0.80	402	0.66
2000	48	0.76	390	0.66
2001	56	0.85	465	0.80
2002	46	0.85	488	0.84
2003	36	0.85	520	0.87
2004	24	0.82	510	0.90
2005	2	0.99	516	0.93
2006	6	0.99	476	0.93

Anzahl Tiere in Monitoring-Ausgangspopulation : 2.395

Grenzwert für PC-Index : 0.70

Bei Pedigreetiefe von : 4 Gen.

Erfüllt bei männl. Tieren : 38

Erfüllt bei weibl. Tieren : 2.357

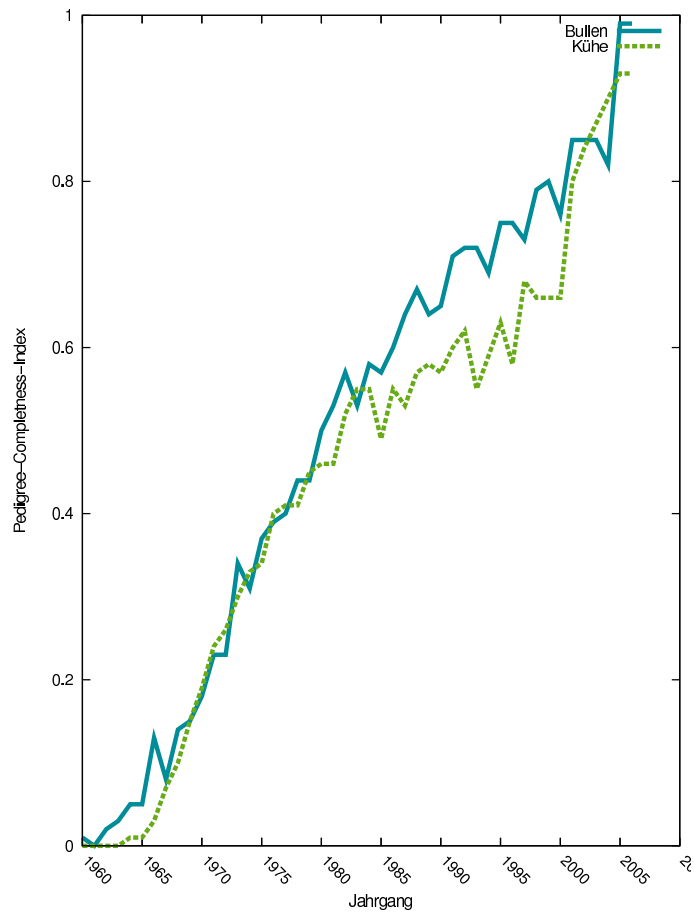


Abbildung 1: Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index

### 3 Genanteile

Für die Berechnung der Herkunftsgenanteile in den Tabellen 5 (Väter) und 6 (Mütter) wurden für alle Milchrinderrassen einheitlich die in den Spaltenköpfen genannten Rassen/Herkünfte definiert. Die Angaben beziehen sich auf die definierten Geburtsjahre der Ausgangsmonitoringpopulation (C). In Spalte 3 ist der mittlere Inzuchtgrad in den Jahrgängen ausgewiesen. In den folgenden Spalten die Herkunftsgenanteile in Prozent, die sich innerhalb Zeile zu 100 aufaddieren.

Aus den Genanteilen der Herkunftsrassen geht hervor, dass Doppelnutzung Rotbunt sehr stark durch HF-Rotbunt und indirekt sogar durch HF-Schwarzbunt beeinflusst ist. Dies ist letztendlich durch die Rassedefinition HF-Blutanteil < 25 % bedingt. Dadurch ist ein kontinuierlicher Zustrom von HF-Genen nicht ausgeschlossen. In dem hohen Anteil HF-Rotbunt-Europa kommt der Genzufluß der MRY-Population aus den Niederlanden zum Ausdruck. Mit dieser Zuchtpopulation besteht eine systematische Kooperation zur Selektion zukünftiger Vatertiere.



Jahrgang	Anzahl Tiere	Inzuchtgrad	Genanteile der Rassen in Prozent															
			Holstein/Schwarzbunt, Europa	Holstein/Rotbunt, Europa	Jersey	Braunvieh/Brown Swiss	Rotvieh/Angler (5/6)	Rotes Hoehenvieh (71)	Limpurger	Glanrind	Doppelnutzung Rotbunt (DN)	Dr. Schwarzb. Niederungsst.	Fleckvieh	Holstein, Nordamerika	Skandinavisches Rotvieh	Andere Milchrasen	Andere Fleischrasen	Sonstige/Unbekannt
2001	10	0.61	11.50	33.54	-	0.02	-	-	-	43.85	-	-	11.09	-	-	-	-	-
2002	11	0.86	12.56	38.08	-	0.19	-	-	-	38.23	-	-	10.94	-	-	-	-	-
2003	4	1.75	5.74	38.92	-	0.02	-	-	-	42.43	-	-	12.89	-	-	-	-	-
2004	5	2.13	11.35	35.00	-	0.02	-	-	-	39.88	-	-	13.75	-	-	-	-	-
2005	2	0.72	14.28	38.11	-	0.22	-	-	-	32.93	-	-	14.45	-	-	-	-	-
2006	6	1.99	6.65	41.37	-	-	-	-	-	43.22	-	-	8.76	-	-	-	-	-

Tabelle 5: Mittlere Genanteile der Bullen in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr &gt; 1999)

Jahrgang	Anzahl Tiere	Inzuchtgrad	Genanteile der Rassen in Prozent																
			Holstein/Schwarzbunt, Europa	Holstein/Rotbunt, Europa	Jersey	Braunvieh/Brown Swiss	Rotvieh/Angler (5/6)	Rotes Hoehenvieh (71)	Limpurger	Glanrind	Doppelnutzung Rotbunt (DN)	Dr. Schwarzb. Niederungsr.	Fleckvieh	Holstein, Nordamerika	Skandinavisches Rotvieh	Andere Milchrasen	Andere Fleischrasen	Sonstige/Unbekannt	
2001	169	0.92	13.64	30.99	-	-	0.04	-	-	-	39.15	-	-	-	16.14	-	0.04	-	-
2002	288	0.96	12.63	33.32	-	-	0.06	-	-	-	38.80	-	-	-	15.09	-	-	-	-
2003	368	1.22	10.48	34.53	-	-	0.06	-	-	-	39.54	-	-	-	14.83	-	-	-	-
2004	444	1.22	9.58	36.12	-	-	0.07	-	-	-	40.22	-	-	-	13.86	-	-	-	-
2005	495	1.32	10.79	36.86	-	-	0.10	-	-	-	38.24	-	-	-	13.72	-	-	-	-
2006	449	1.49	10.17	35.35	-	-	0.05	-	-	-	40.22	-	-	-	13.89	-	-	-	-

Tabelle 6: Mittlere Genanteile der Kühe in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999)

## 4 Generationsintervall

In einer weiteren Analyse werden die Generationsintervalle in den vier Selektionspfaden Bullenväter, Bullenmütter, Kuhväter und Kuhmütter ermittelt. Das Generationsintervall ergibt sich aus dem mittleren Alter der Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die in Tabelle 7 angegebenen Werte beziehen sich wiederum auf das mittlere Alter (in Jahren) der Eltern der Ausgangsgeneration der Monitoringpopulation (C). Das mittlere Generationsintervall ist als ungewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße benötigt, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich direkt mit der effektiven Populationsgröße zusammenhängt.

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Bullenväter	38	6.88
Bullenmütter	38	5.78
Kuhväter	2.357	6.06
Kuhmütter	2.357	4.64

Tabelle 7: Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade 5.84

## 5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres drückt die mittlere Wahrscheinlichkeit herkunftsgleicher Allele an einem Genort aus. Er ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene und damit auch von Erbfehlern.

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoringpopulation (C) einbezogen, die einen PCI > 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen. Damit ist gewährleistet, dass bei allen Tieren aufgrund der verfügbaren Pedigreeinformation auf Vater- und Mutterseite eine vergleichbare Chance besteht, Inzucht überhaupt zu berechnen - sofern tatsächlich vorhanden.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 2 ist die Verteilung aller Tiere und Ahnen in der gesamten Monitoringpopulation (helle Balken) sowie der Tiere mit PCI > 0,70 (dunkle Balken, Monitoringpopulation (C)) ersichtlich. Die effektive Populationsgröße kann danach nur noch an einem geringen Anteil der Ausgangstiere berechnet werden. Die Gründe dafür sind in Abschnitt 2 genannt.

Die effektive Populationsgröße ist nach der von Wooliams beschriebenen Methode als Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet.

In der RDN-Population resultiert, letztendlich aus o. g. Gründen, eine überraschend hohe effektive Populationsgröße von 324 Tieren, da fast kein Inzuchtanstieg zu verzeichnen ist bzw. berechnet werden kann. Das Ergebnis ist daher entsprechend vorsichtig zu interpretieren.

Die berechnete Anzahl effektiver Foundertiere mit  $f_e = 157$  und die Anzahl effektiver Ahnen mit  $f_a = 54$  sind allerdings wesentlich niedriger, dürften aber ebenfalls noch überschätzt sein.

Die Angabe der wichtigsten Foundertiere ist aus diesen Gründen ebenfalls nicht sehr aussagefähig und entfällt daher.

Die einflussreichsten Ahnen der RDN-Population sind die holländischen MRY-Bullen:

DORUS (528000176791744), geb. 1996, Genanteil: 8,2 %

LOUIS (528000951276374), geb. 1982, Genanteil: 4,5 %

Dies zeigt die enge und bedeutende Zusammenarbeit im Zuchtprogramm mit der MRY-Zucht in Holland.

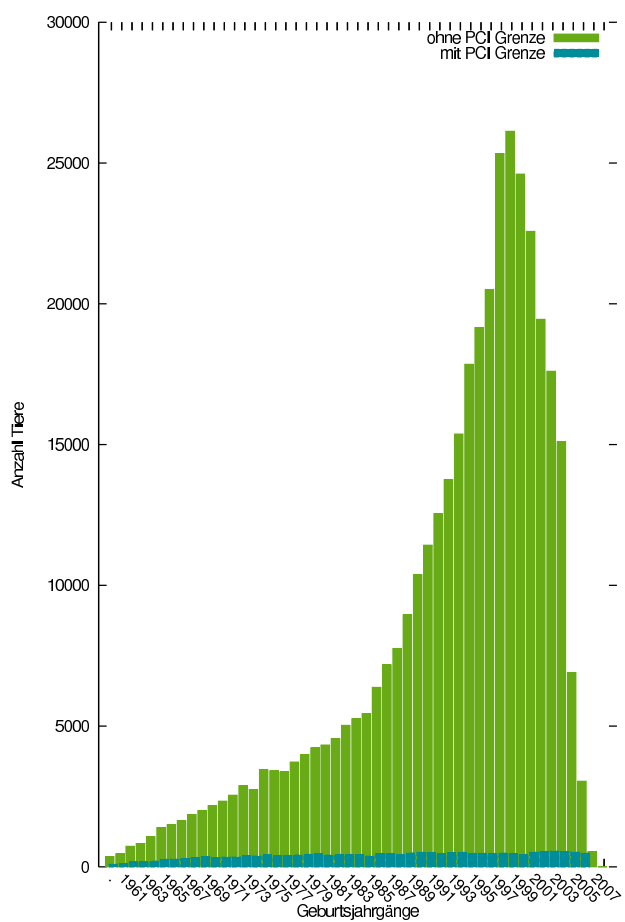


Abbildung 2: Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI > 0.70 auf Geburtsjahrgang

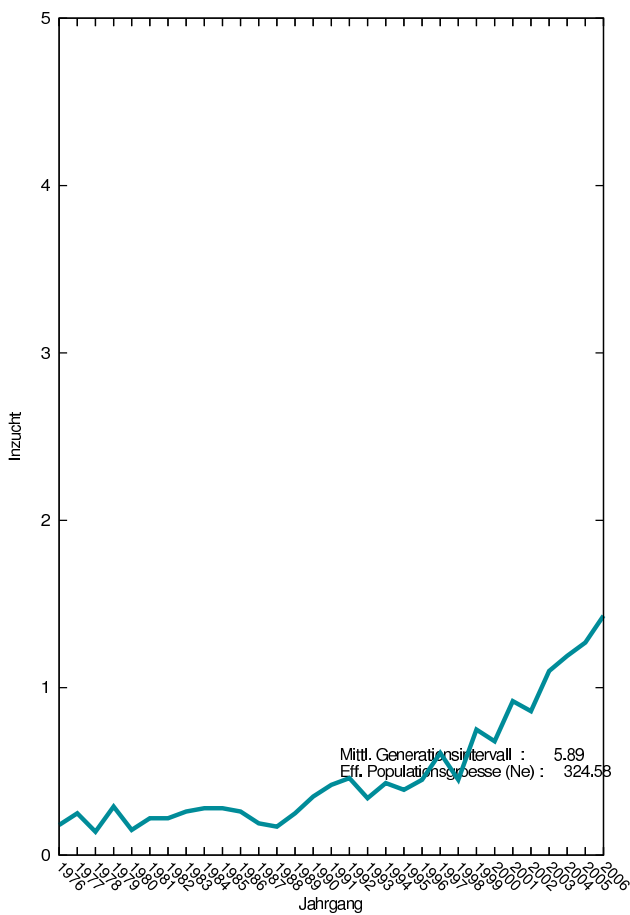


Abbildung 3: Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen

## 6 Bewertung der Ergebnisse

Die Rassebezeichnung “Doppelnutzung Rotbunt” wurde erst vor ca. 20 Jahren für Deutsche Rotbunte mit weniger als 25% Holstein Blutanteil eingeführt. Die Rasse ist nach wie vor auf die o. a. Region begrenzt. Die Bullenselektion erfolgt aktuell zusammen mit der MRY-Population in den Niederlanden. Bedingt durch diesen Genzufluß, das Auslaufen vieler Pedigrees auf Rotbunt und Holstein, sowie die geringe Pedigree-tiefe ist die wahrscheinlich überschätzte  $N_eI$  von 324 zu erklären und entsprechend zu interpretieren. Reinrassige RDN-Tiere über viele Generationen sind in den Daten kaum mehr zu finden.

# MONITORING TIERGENETISCHER RESSOURCEN

## Teil I

### -Holstein-Schwarzbunt (SBT)-



herausgegeben von  
Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung e.V.



## **Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

## **Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V.

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft - Institut für Tierzucht

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

## **Berichtsautor**

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

Adresse: Heideweg 1  
27281 Verden

Internet: [www.vit.de](http://www.vit.de)

e-mail: [info@vit.de](mailto:info@vit.de)

Telefon: 04231-955-10

Fax: 04231-955-166

Ansprechpartner: Friedrich Reinhardt  
Doris Vogel



# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Allgemeine Informationen</b>	<b>4</b>
1.1	Rasseschlüssel . . . . .	4
1.2	Anerkannte Züchtervereinigungen . . . . .	4
1.3	Sonstige Verbände . . . . .	8
1.4	Hauptzuchtgebiet . . . . .	9
<b>2</b>	<b>Rassebeschreibung</b>	<b>10</b>
2.1	Zuchtziel . . . . .	10
2.2	Herkunft und Zuchtgeschichte . . . . .	11
2.2.1	Entstehung . . . . .	11
2.2.2	Entwicklung . . . . .	11
2.3	Zuchtprogramm . . . . .	13
2.4	Heutiger Stand . . . . .	15
2.5	Leistungen . . . . .	16
<b>3</b>	<b>Erbfehler</b>	<b>19</b>
3.1	Erbfehlerproblematik . . . . .	19
3.2	Bekannte Erbfehler beim Rind . . . . .	20

# Tabellenverzeichnis

1	Maße und Gewichte . . . . .	10
2	Entwicklung des Zuchtziels . . . . .	12
3	Ergebnisse der MLP- und HB-Kühe 2008 . . . . .	16
4	Leistungsentwicklung der Herdbuchkühe . . . . .	16
5	Entwicklung der Nutzungsdauer der Kühe in MLP-Betrieben . . . . .	17
6	Ergebnisse der Stationsprüfung, Eigenleistungsprüfung 2008 . . . . .	18
7	Ergebnisse der Feldprüfung . . . . .	18

# 1 Allgemeine Informationen

## 1.1 Rasseschlüssel

TGRDEU - 119  
ADR - 01

## 1.2 Anerkannte Züchtervereinigungen

### Masterrind GmbH



Adresse: Lindhooper Strasse 103  
27283 Verden  
Internet: [www.masterrind.com](http://www.masterrind.com)  
e-mail: [info@masterrind.com](mailto:info@masterrind.com)  
Telefon: 04231-679-0  
Fax: 04231-679-216

### Osnabrücker Herdbuch (OHG)



Adresse: Föckinghausen  
49324 Melle  
Internet: [www.ohg-genetic.de](http://www.ohg-genetic.de)  
e-mail: [info@ohg-genetic.de](mailto:info@ohg-genetic.de)  
Telefon: 05422-987-0  
Fax: 05422-8744

### Landesverband Thüringer Rinderzüchter (LTR) Zucht- und Absatzgenossenschaft e.G.



Adresse: Stotternheimer Strasse 19  
99087 Erfurt  
Internet: [www.ltr.de](http://www.ltr.de)  
e-mail: [info@ltr.de](mailto:info@ltr.de)  
Telefon: 0361-77974-0  
Fax: 0361-77974-44

### Rinderzuchtverband Berlin-Brandenburg e.G. (RBB)



Adresse: Lehniner Strasse 9  
14550 Groß Kreutz  
Internet: [www.rinderzucht-bb.de](http://www.rinderzucht-bb.de)  
e-mail: [info@rinderzucht-bb.de](mailto:info@rinderzucht-bb.de)  
Telefon: 033207-533-0  
Fax: 033207-533-199

### Rinderunion Baden-Württemberg e.V. (RBW)



Adresse: Ölkofer Strasse 41  
88518 Herbertingen  
Internet: [www.rind-bw.de](http://www.rind-bw.de)  
e-mail: [info@rind-bw.de](mailto:info@rind-bw.de)  
Telefon: 07586-9206-0  
Fax: 07586-9206-35

### Rinderzucht Mecklenburg-Vorpommern GmbH (RMV)



Adresse: Zarchliner Strasse 7  
19395 Karow  
Internet: [www.rinderzucht-mv.de](http://www.rinderzucht-mv.de)  
e-mail: [mv-karow@rinderzucht-mv.de](mailto:mv-karow@rinderzucht-mv.de)  
Telefon: 038738-730-0  
Fax: 038738-730-50

### Rinderzuchtverband Sachsen-Anhalt e.G. (RSA)



Adresse: Bahnhofstrasse 32  
39576 Stendal  
Internet: [www.rsaeg.de](http://www.rsaeg.de)  
e-mail: [info@rsaeg.de](mailto:info@rsaeg.de)  
Telefon: 03931-6964-0  
Fax: 03931-212932

### Rinderzucht Schleswig-Holstein e.G. (RSH)



Adresse: Rendsburger Strasse 178  
24537 Neumünster  
Internet: [www.rsheg.de](http://www.rsheg.de)  
e-mail: [rsheg@rsheg.de](mailto:rsheg@rsheg.de)  
Telefon: 04321-905300  
Fax: 04321-905395

### Rinder-Union-West e.G. (RUW)



Adresse: Postfach 6680  
48035 Münster  
Internet: [www.ruweg.de](http://www.ruweg.de)  
e-mail: [info@ruweg.de](mailto:info@ruweg.de)  
Telefon: 0251-9288-0  
Fax: 0251-9288-236

**Zuchtverband Schwarzbunt und Rotbunt Bayern e.V. (SRB)**

Adresse: Stadtgraben 1  
85276 Pfaffenhofen/Ilm  
Internet: [www.holstein-bayern.de](http://www.holstein-bayern.de)  
e-mail: [srb.bayern@t-online.de](mailto:srb.bayern@t-online.de)  
Telefon: 08441-831-01  
Fax: 08441-831-02

**Verein Ostfriesischer Stammviehzüchter e.G. (VOST)**

Adresse: Nessestrasse 1  
26789 Leer  
Internet: [www.vost.de](http://www.vost.de)  
e-mail: [info@vost.de](mailto:info@vost.de)  
Telefon: 0491-8004-0  
Fax: 0491-8004-22

**Weser-Ems-Union e.G. (WEU)**

Adresse: Kayhauserfeld, Feldlinie 2a  
26160 Bad Zwischenahn  
Internet: [www.weu.de](http://www.weu.de)  
e-mail: [info@weu.de](mailto:info@weu.de)  
Telefon: 04403-9326-0  
Fax: 04403-9326-13

**Zucht- und Besamungsunion Hessen e.G. (ZBH)**

Adresse: An der Hessenhalle 1  
36304 Alsfeld  
Internet: [www.zbh.de](http://www.zbh.de)  
e-mail: [kontakt@zbh.de](mailto:kontakt@zbh.de)  
Telefon: 06631-784-10  
Fax: 06631-784-48

**Masterrind GmbH**

Adresse: Schlettaer Strasse 8  
01662 Meißen  
Internet: [www.masterrind.com](http://www.masterrind.com)  
e-mail: [info@masterrind.com](mailto:info@masterrind.com)  
Telefon: 03521-4704-10  
Fax: 03521-4704-18

### Rinderzuchtverband Mittelfranken e.V.



Adresse: Kaltengreuther Strasse 1  
Postfach 1843  
91522 Ansbach  
Internet: [www.lbr.bayern.de/rzv-mittelfranken](http://www.lbr.bayern.de/rzv-mittelfranken)  
e-mail: [rzv-mittelfranken@web.de](mailto:rzv-mittelfranken@web.de)  
Telefon: 0981-4884-20  
Fax: 0981-4884-250

### Rinderzuchtverband Würzburg e.V.



Adresse: Von Luxburg Strasse 4  
97074 Würzburg  
Internet: [www.lbr.bayern.de/rzv-wuerzburg](http://www.lbr.bayern.de/rzv-wuerzburg)  
e-mail: [rzv.wuerzburg@aelf-wu.bayern.de](mailto:rzv.wuerzburg@aelf-wu.bayern.de)  
Telefon: 0931-7904-800  
Fax: 0931-7904-813

### Weilheimer Zuchtverbände e.V.



Adresse: Wessobrunner Strasse 18  
82362 Weilheim  
Internet: [www.lbr.bayern.de/zv-weilheim](http://www.lbr.bayern.de/zv-weilheim)  
e-mail: [zuchtverband.weilheim@aelf-wm.bayern.de](mailto:zuchtverband.weilheim@aelf-wm.bayern.de)  
Telefon: 0881-98998-0  
Fax: 0881-98998-30

## 1.3 Sonstige Verbände

### Deutscher Holstein Verband e.V. (DHV)



Adresse: Adenauerallee 174  
53113 Bonn

Internet: [www.holstein-dhv.de](http://www.holstein-dhv.de)

e-mail: [info@holstein-dhv.de](mailto:info@holstein-dhv.de)

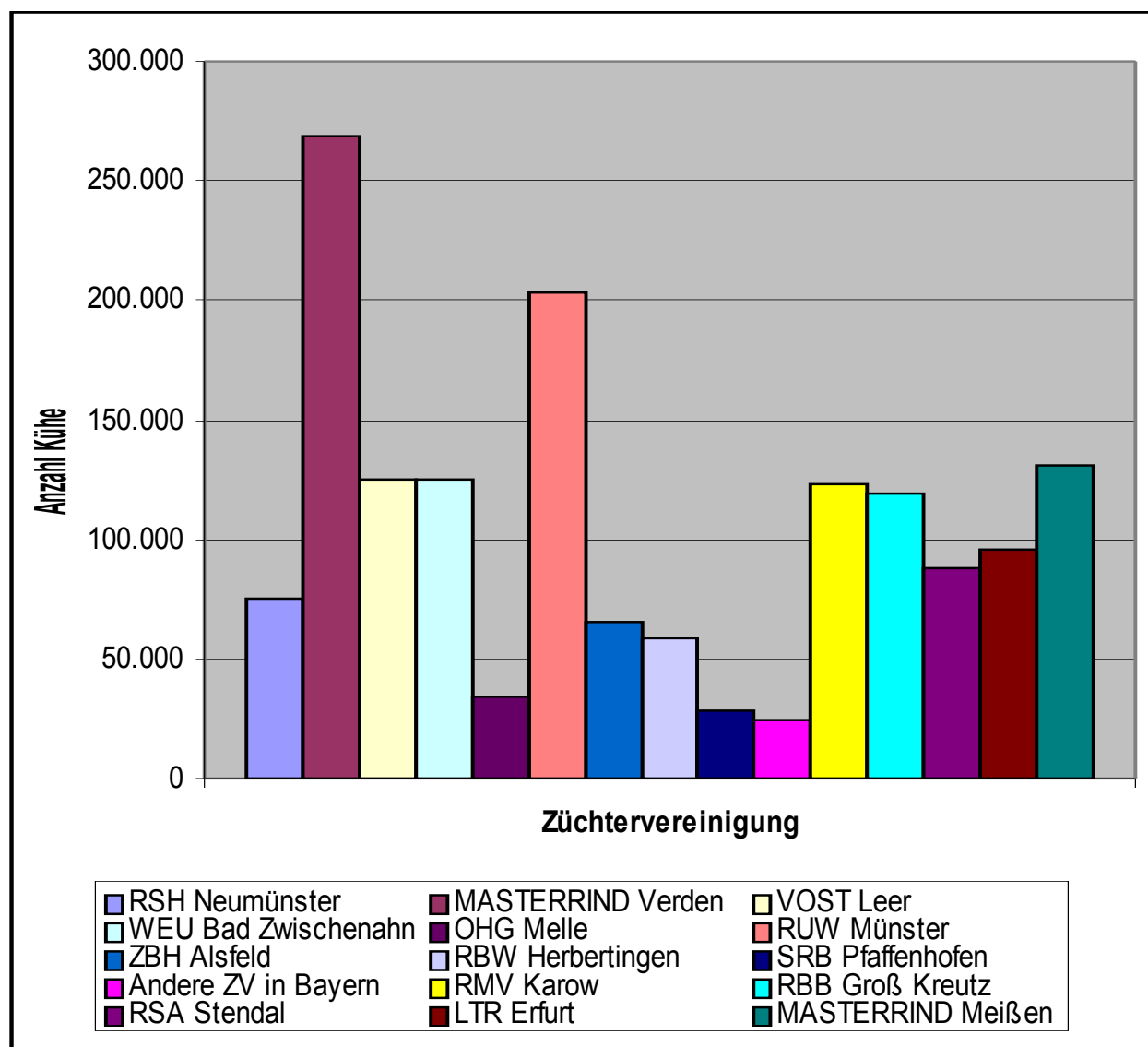
Telefon: 0228-914475-0

Fax: 0228-914475-5

## 1.4 Hauptzuchtgebiet

Das Hauptzuchtgebiet der Rasse Holstein-Schwarzbunt liegt in Mittel- und Norddeutschland.

**Abb. 1: Verbreitung der Herdbuchkühe in den einzelnen Züchtervereinigungen**  
(Quelle: ADR-Jahresbericht 2008)





## 2 Rassebeschreibung

### 2.1 Zuchtziel

Deutsche Holsteins der Farbrichtung Schwarzbunt werden auf hohe Milchleistung und gute Zuwachsleistung gezüchtet. Angestrebt wird die rentable Leistungskuh in milchbetontem Typ, die über viele Laktationen nutzbar ist und den jeweiligen Haltungsbedingungen gerecht wird. Voraussetzungen dazu sind eine genetisch bedingte Anpassungsfähigkeit, großes Grundfutter- und Trockensubstanzaufnahmevermögen sowie stabile Gesundheit und gute Fruchtbarkeit.

Angestrebt wird ein genetisches Leistungspotenzial von

*10.000 kg Milch mit einem Fettgehalt von 4,0 % und einem Proteingehalt von 3,5 %,*

auf dessen Verbesserung besonderes Gewicht gelegt werden muß. Ihr Körperbau und ihre Bewegungsmechanik, einschließlich eines korrekten und widerstandsfähigen Fundaments, müssen den hohen Leistungsanforderungen entsprechen. Verlangt wird außerdem ein gut melkbares Euter, das in Qualität und Funktionsfähigkeit hohe Tagesleistungen über viele Laktationen ermöglicht und den Anforderungen moderner Melksysteme entspricht.

**Tabelle 1:** Maße und Gewichte

Maße und Gewichte	Bullen	Kühe
Widerristhöhe, cm	-	145 - 156
Gewicht, kg	-	650 - 750
tägl. Zunahme, g	1200	-

Körperbau: wüchsig  
gute Tiefen- und Breitenmaße  
gut bemuskelt

Farbe: schwarz-weiß geflecktes, behornes Rind

Eigenschaften: korrektes und widerstandsfähiges Fundament  
widerstandsfähig  
stabile Gesundheit  
großes Futteraufnahmevermögen  
gute Fruchtbarkeit  
Langlebigkeit  
gut melkbares Euter  
hoher Milchfluß

## 2.2 Herkunft und Zuchtgeschichte

### 2.2.1 Entstehung

Die Deutschen Holsteins der Farbrichtung Schwarzbunt stammen aus dem norddeutschen Raum und sind verwandt mit dem Schwarzbunten Niederungsrind. Die Hauptzuchtgebiete lagen in Schleswig-Holstein, Süddoldenburg und im Münsterland.

1891 sperrte Deutschland zum Schutz gegen die Maul- und Klauenseuche die niederländische Grenze für die Einfuhr von Vieh. Durch diese Sanktion wurde die Eigenständigkeit der Schwarzbuntzucht in Deutschland maßgeblich gefördert. In den meisten Zuchtorganisationen wurden schwarzbunte und rotbunte Tiere zunächst im gleichen Zuchtbuch geführt und das Zuchtziel für beide Farbrichtungen war identisch. In der späteren Zeit erfolgte dann die Gründung von Zuchtverbänden, die nur für Schwarzbunte oder Rotbunte zuständig waren. Durch Einkreuzung anderer Rassen wurden sehr verschiedene Schläge gezüchtet, bis man sich um 1920 in allen Zuchtgebieten auf eine Zuchtichtung einigte. Während die Deutschen Schwarzbunten bis dahin in den meisten Gebieten als Zweinutzungsrind mit gleicher Betonung auf Milch- und Fleischleistung gezüchtet wurden, erlangte ab jetzt landesweit die Milchleistung ein stärkeres Gewicht.

### 2.2.2 Entwicklung

Da nach dem 2. Weltkrieg die Wirtschaft florierte und sich damit die Lebensgewohnheiten der Menschen änderten, wurde nun die Nachfrage nach mehr Milch mit höheren Inhaltsstoffen (Fett, Eiweiß) größer.

Um diesen Anforderungen gerecht zu werden, wurde 1964 für die Deutschen Schwarzbunten ein neues Zuchtziel von 6.000 kg Milch mit 4 % Fett bei gleichzeitiger Rahmenvergrößerung festgelegt. Erreicht wurde dieses Ziel durch die Einkreuzung von Holstein Friesians aus den USA und Kanada. Da in Nordamerika im Gegensatz zu den vielseitigen Anforderungen in Europa kein Bedarf an einem leistungsfähigen Zweinutzungsrind bestand, entwickelte sich aus den ursprünglich aus Europa importierten Schwarzbunten eine reine Milchrasse. Nach Testbulleneinkäufen in den ersten Jahren folgten Spermalieferungen von Vererberbullen. 1968 wurden 150 weibliche und 5 männliche HF-Rinder aus Kanada importiert.

Seit 1989 werden auf deutschen Zuchtbescheinigungen keine offiziellen Angaben mehr über die Holstein Friesian-Genanteile der jeweiligen Tiere gemacht, da zu diesem Zeitpunkt der Holstein-Genanteil der jüngeren Generation bereits nahezu bei 100 % lag.

**Tabelle 2:** Entwicklung des Zuchtziels  
(Quelle: Rinderzucht Schleswig-Holstein e.G.)

<b>Jahr</b>	<b>Zuchtziel</b>
<b>1954</b>	Zweinutzungs Kuh mit 5.000 kg Milch mit 4 % Fett Widerristhöhe 132 cm, Gewicht 650 kg
<b>1964</b>	milchbetonte Zweinutzungs Kuh mit 6.000 kg Milch und 4%Fett größere Rahmen
<b>1977</b>	milchbetonte Zweinutzungs Kuh Milchleistung mind. das 10-fache des Körpergewichtes mit 4 % Fett und 3,5 % Eiweiß Kreuzhöhe 140 cm
<b>1989</b>	milchbetonte Zweinutzungs Kuh mit 8.000 kg Milch mit 4 % Fett und 3,6 % Eiweiß Kreuzhöhe 145 cm und mehr, Gewicht 750 kg Eiweißgehalt, Sekundärmerkmale und nutzungsbestimmende Exterieurereigenschaften erfahren mehr Gewichtung
<b>1997</b>	Leistungskuh im milchbetonten Typ über 8.000 kg Milch mit 4 % Fett und 3,5 % Eiweiß, Kreuzhöhe 145 - 150 cm, Gewicht 750 kg

## 2.3 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm der Rasse Holstein-Schwarzbunt ist auf die Umsetzung des Zuchtziels einer funktionalen Milchkuh mit hohem Leistungspotenzial und Exterieurstärke ausgerichtet. Dieses Ziel steht bei der Auswahl von Bullenmüttern und Bullenvätern im Vordergrund. Deshalb ist der Gesamtzuchtwert RZG sowohl auf der weiblichen als auch auf der männlichen Seite das am stärksten gewichtete Selektionskriterium.

Die mit hoher Intensität aus der deutschen Zuchtpopulation selektierten Topkühe stellen den größten Teil der Bullenmütter. Vertragsanpaarungen mit internationalen Spitzenkühen ergänzen dieses Potenzial.

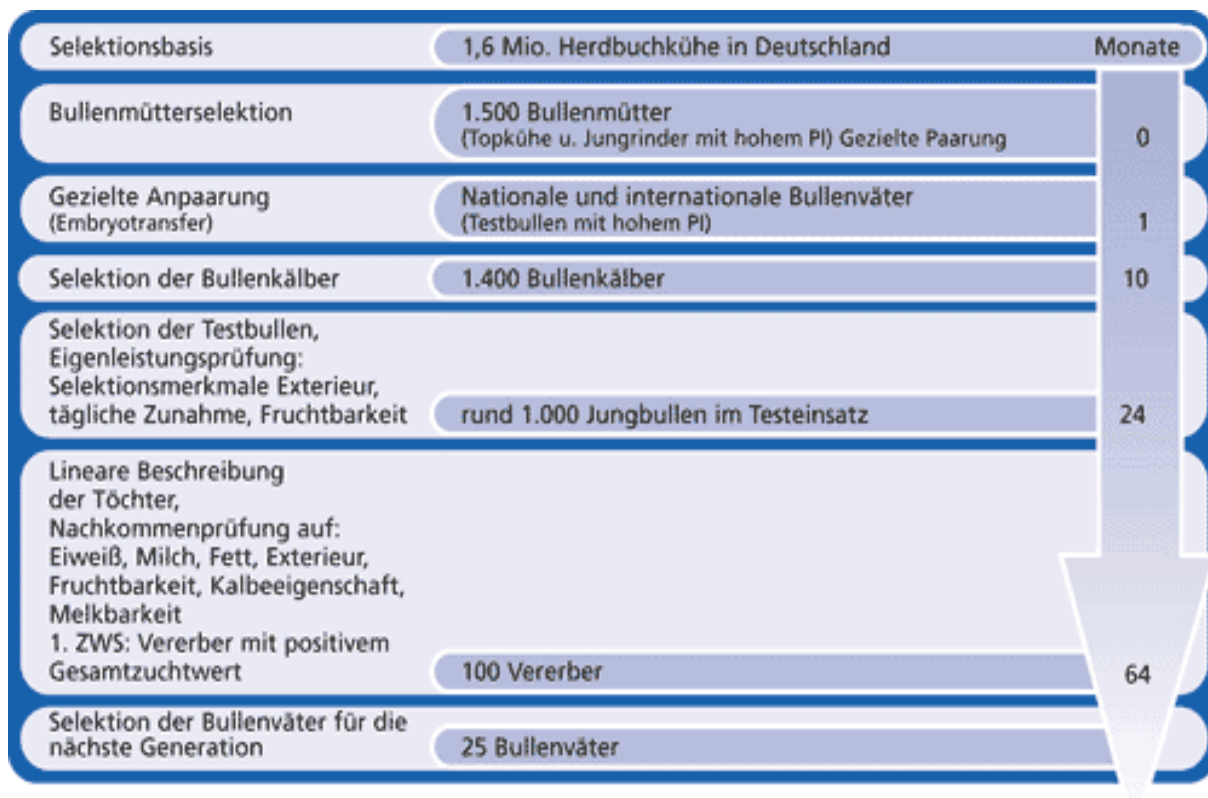
Die Altersstruktur der Bullenmütter ist so gewählt, dass sie die Vorteile eines schnellen Generationsintervalls mit der notwendigen Sicherheit kombiniert. Der Großteil der Bullenmütter wird nach dem ersten Kalb selektiert. Gleichzeitig werden aber auch Jungrinder mit einem hohen Pedigree-Zuchtwert sowie einzelne ältere Kühe, die ihr Potenzial bereits in mehreren Laktationen unter Beweis gestellt haben, genutzt.

Um die Sicherheit der Selektionsentscheidungen zu optimieren, wird ein Teil der potentiellen Bullenmütter unter gleichen Bedingungen auf Station geprüft.

Aus den eigenen Prüfprogrammen werden nur die allerbesten Vererber als Bullenväter selektiert. Hinzu kommen internationale Vererber aus anderen führenden Ländern der Holsteinzucht. Als Bullenväter kommen Vererber in Frage, die im Gesamtzuchtwert RZG zum besten 1% aller verfügbaren Bullen zählen. Zudem müssen sie in den funktionalen Merkmalen ein ausreichendes Mindestniveau erreichen. Besonderes Gewicht haben dabei die Merkmale Fundament, Euter und Zellzahl.

Im Zuchtprogramm 2007/2008 wurden für Holstein-Schwarzbunt 888 Prüfbullen getestet und 109 Bullenväter eingesetzt.

**Abb. 2: Zucht- und Reproduktionsprogramm der gesamten Holstein-Population in Deutschland**  
(Quelle: Deutscher Holstein Verband e.V.)



Als Zuchtmethode wird in der Regel Reinzucht betrieben. Bei der vorgegebenen Variation innerhalb der Rasse sollen für die Leistung und Exterieur wirtschaftlich wichtige Merkmale durch entsprechende Selektion der Elterntiere sinnvoll kombiniert werden.

Die Einkreuzung mit Tieren anderer Rassen zum Zwecke der Verbesserung bestimmter Eigenschaften bleiben als flankierende Maßnahme des Zuchtprogramms auf den Einzelfall beschränkt.

## 2.4 Heutiger Stand

Die Zuchtziele zwischen Schwarzbunt und Rotbunt haben sich so stark genähert, dass 1996 ein gemeinsames Zuchtziel für schwarzbunte und rotbunte Holsteins festgelegt wurde.

Auf rund 22.800 Zuchtbetrieben stehen über 1,6 Millionen Herdbuchkühe. Damit verfügt Deutschland über die weltweit größte Holstein-Herdbuchpopulation. Etwa 2 Millionen Kühe der Rasse Holstein-Schwarzbunt sind der Milchkontrolle angeschlossen. Die Milchkontrolldichte, wichtiger Parameter für ein erfolgreiches Zuchtprogramm, ist mit 85 % so hoch wie in keinem anderen Land der Welt.

Herdengröße, Herdenmanagement und Umweltbedingungen sind in den verschiedenen Regionen sehr unterschiedlich und stellen hohe Anforderungen an die Milchkühe. Es gibt sowohl kleine Familienbetriebe als auch große Produktionsbetriebe mit mehr als 1.000 Tieren.

Jährlich durchlaufen rund 900 schwarzbunte Testbullen das Nachkommenprüfprogramm. Scharfe Selektionskriterien bei der Auswahl der Bullenmütter und Bullenväter sowie ein un gelenkter Testbulleneinsatz mit unabhängiger Datenerfassung gewährleisten einen hohen Zuchtfortschritt.

Die Kombination wirtschaftlich wichtiger Merkmale macht Deutsche Holsteins zu rentablen Milchkühen, die deutsche Milchproduzenten und ihre Kollegen in aller Welt zu schätzen wissen. So werden Jahr für Jahr zehntausende Herdbuchrinder in über 35 Länder exportiert. Sperma deutscher Top-Bullen sowie Embryonen aus bewährten deutschen Kuhfamilien sind weltweit gefragt.

## 2.5 Leistungen

**Tabelle 3:** Ergebnisse der MLP- und HB-Kühe 2008  
(Quelle: ADR-Jahresbericht)

Leistung		Anzahl Kühe	Milch kg	Fett %	Fett kg	Eiweiß %	Eiweiß kg
	<b>305-TL 1.LA</b>	597.141	7.736	4,01	310	3,35	259
<b>MLP</b>	<b>305-TL aller Kühe</b>	1.649.146	8.504	4,05	344	3,35	285
	<b>Durchschnittsl. aller Kühe</b>	2.030.077	8.538	4,10	350	3,39	290
	<b>305-TL 1.LA</b>	459.267	7.911	4,00	316	3,36	266
<b>HB</b>	<b>305-TL aller Kühe</b>	1.264.670	8.724	4,03	352	3,35	293
	<b>Durchschnittsl. aller Kühe</b>	1.549.431	8.783	4,09	359	3,39	298

**Tabelle 4:** Leistungsentwicklung der Herdbuchkühe  
(Quelle: ADR-Jahresberichte)

Jahr	Anzahl Kühe	Milch kg	Fett %	Fett kg	Eiweiß %	Eiweiß kg
<b>1959</b>	397.648	4.446	3,82	170	-	-
<b>1968</b>	401.602	4.852	3,94	191	-	-
<b>1978</b>	412.454	5.691	3,98	227	-	-
<b>1988</b>	583.884	6.626	4,16	276	3,31	219
<b>1998</b>	1.536.084	7.225	4,29	310	3,40	246
<b>2008</b>	1.549.431	8.783	4,09	359	3,39	298

**Tabelle 5:** Entwicklung der Nutzungsdauer der Kühe in MLP-Betrieben  
(Angaben aus der Verarbeitung der MLP-Ergebnisse für die Jahre 2004 - 2008 beim **vit**)

Laktations- Nummer	2004 absolut	in %	2005 absolut	in %	2006 absolut	in %	2007 absolut	in %	2008 absolut	in %
<b>1</b>	456.069	36,1	434.985	34,7	412.189	34,1	391.038	35,4	412.076	36,3
<b>2</b>	330.192	26,2	337.448	26,9	318.888	26,4	280.998	25,4	293.229	25,9
<b>3</b>	213.993	17,0	218.985	17,5	219.930	18,2	194.779	17,6	188.047	16,6
<b>4</b>	126.755	10,0	128.332	10,2	127.725	10,6	119.526	10,8	117.542	10,4
<b>5</b>	69.660	5,5	69.375	5,5	67.971	5,6	62.408	5,7	65.928	5,8
<b>6</b>	34.632	2,7	35.137	2,8	33.941	2,8	30.407	2,8	31.422	2,8
<b>7</b>	17.139	1,4	16.412	1,3	15.939	1,3	14.251	1,3	14.419	1,3
<b>8</b>	7.760	0,6	7.826	0,6	6.965	0,6	6.274	0,6	6.460	0,6
<b>9</b>	3.575	0,3	3.427	0,3	3.198	0,3	2.740	0,2	2.747	0,2
<b>10</b>	1.590	0,1	1.577	0,1	1.340	0,1	1.207	0,1	1.173	0,1
<b>&gt;10</b>	1.088	0,1	1.083	0,1	994	0,1	849	0,1	771	0,1
<b>Gesamt</b>	1.262.453	100,0	1.254.587	100,0	1.209.080	100,0	1.133.814	100,0	1.104.477	100,0



**Tabelle 6:** Ergebnisse der Stationsprüfung, Eigenleistungsprüfung 2008  
(Quelle: Jahresbericht der ADR )

Station	Anzahl geprüfter Tiere	Alter bei Prüf- Beginn Tage	Alter bei Prüf- Ende Tage	Gewicht bei Prüf- Beginn kg	Gewicht bei Prüf- Ende kg	tägl. Zun. g	Bemusk. Note Pkt
NRW, Düsse	80	140	340	165	449	1.418	-
Sachsen, Meißen-Korbitz	155	-	471	-	497	1.467	7,1
Schleswig-Holstein, Ruhwinkel	30	90	330	110	402	1.214	4,7
Meckl.-Vorpommern, Woldegk	151	155	365	186	442	1.232	8,1
Thüringen, Nordhausen	203	195	389	202	431	1.180	-

**Tabelle 7:** Ergebnisse der Feldprüfung  
(Quelle: Jahresberichte der ADR 2000, 2004 und 2008 )

	Eigenleistungsprüfung			ungelenkte Nachkommenprüfung*		
	2000	2004	2008	2000	2004	2008
Anzahl Tiere	243	151	191	11.516	15.121	20.662
Alter, Tage	459	441	435	-	-	-
Alter, Monate	-	-	-	21,1	21,1	21,2
Lebendgewicht, kg	573	551	555	-	-	-
Schlachtgewicht, kg	-	-	-	343	355	359
tägl. Zunahme, g	1.180	1.165	1.152	-	-	-
Nettozunahme, g	-	-	-	537	555	559
Handelsklasse, Pt	-	-	-	3,8	2,08	1,90
Fettklasse, Pt	-	-	-	2,80	2,86	2,83

\* Prüfung in Schleswig-Holstein

## 3 Erbfehler

### 3.1 Erbfehlerproblematik

Erbfehler und Mißbildungen sind Abweichungen von der Norm in Körperbau, Körperfunktion und Verhalten mit nachteiliger Wirkung für das betroffene Tier oder die Population (Rasse).

Sie führen nicht nur zu wirtschaftlichen Schäden, sondern verursachen auch oft Leiden und Schmerzen bei den betroffenen Tieren. Es liegt deshalb schon in der ethischen Verantwortung, Anomalien zu erfassen und wenn möglich durch züchterische Maßnahmen zu vermeiden.

Wirtschaftlich gesehen entstehen direkte Kosten durch die Schädigungen am Tier selbst, aber auch durch Beschränkungen in den züchterischen Maßnahmen und vermindertem Zuchtfortschritt. Nicht zu unterschätzen sind auch eventuelle Imageschäden für die Rasse.

Erbfehler sind vor allem solche Defekte, denen ein monogener oder digener Erbgang oder eine Chromosomenanomalie zugrunde liegen. Soweit Erbfehler durch ein dominantes Gen verursacht werden, sind Anlageträger zugleich Merkmalsträger. Dies vereinfacht die Selektion gegen solche Merkmale, so dass im Allgemeinen keine besonderen diagnostischen, jedoch züchterische Maßnahmen erforderlich sind. Rezessive Schadgene dagegen führen nur in homozygotem Zustand, bei zwei beteiligten Genorten erst bei deren Kombination zur Manifestation des Erbfehlers und damit zum Auftreten erkennbarer Merkmalsträger.

Erbkrankheiten gewinnen besonders seit dem vermehrten Einsatz der künstlichen Besamung immer mehr an Bedeutung. So kann ein KB-Bulle mit hervorragenden Leistungsallelen, der aber ein Erbfehlerträger ist, seinen Erbfehler in einen großen Teil der Population verbreiten. Er kann erst als Erbfehlerträger erkannt werden, wenn er an einen weiteren Anlagenträger angepaart wird und aus dieser Paarung ein krankes Kalb entsteht.

Der Nachweis einer genetischen Abhängigkeit wird oft erschwert durch die relative Seltenheit der Defekte, unvollständige Penetranz, Umweltfaktoren mit ähnlicher Wirkung sowie durch Befürchtungen der Züchter vor Diskriminierung ihrer Zucht.

In Abhängigkeit von der Frequenz des Schadgens ist die Häufigkeit der phänotypisch gesunden Anlageträger in der Population um ein Vielfaches größer als die erkennbaren Merkmalsträger. Die heutige Molekulargenetik erlaubt die Entwicklung von Markertests für die frühzeitige Erkennung von Erbfehlern. Diese Tests ermöglichen eine effiziente Reduktion der Letalgene in den Populationen bei gleichzeitiger züchterischer Nutzung von Anlageträgern.

In der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) ist der aktuelle genomanalytische Wissensstand über genetische Defekte ersichtlich. Für das Rind sind z.Zt. (Stand: 01.09.2009) insgesamt 379 Merkmale aufgeführt, 80 davon als "Single-Locus-traits", von 47 Merkmalen wurde die kausale Mutation bereits auf DNA-Ebene identifiziert.

Die zuständigen Rassdachverbände in der ADR legen eine verbindliche Liste der genetischen Besonderheiten und Erbfehler fest. Das Verfahren der Festlegung von Erbfehlern erfolgt nach wissenschaftlich anerkannten Grundsätzen und wird auf bestimmte Gruppen (wie z.B. Besamungsbullen, deren Bullenmütter, ET-Spendertiere) beschränkt. Die Ergebnisse durchgeführter Untersuchungen auf genetische Besonderheiten und Erbfehler sind nach Vorliegen im Zuchtbuch zu führen und auf der Zuchtbescheinigung anzugeben. Die Entwicklung weiterer Erbfehler wird hinsichtlich ihrer Tierschutzrelevanz und/oder ökonomischen Bedeutung ständig geprüft und entsprechend behandelt.

## 3.2 Bekannte Erbfehler beim Rind

Nachfolgend werden die z.Zt. wirtschaftlich und erbhgienisch wichtigsten Defekte beim Rind beschrieben:

- **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Hierbei handelt es sich um eine Immunschwäche, die durch eine Punktmutation verursacht wird und zum Fehlen bestimmter Glukoproteine auf der Oberfläche von Leukozyten führt, wodurch sie nicht mehr aus dem Blut in Richtung eines Infektionsherdes auswandern können. Die Krankheit äußert sich in auffallender Neigung zu wiederkehrenden bakteriellen Infektionen. Die Kälber sterben oft in den ersten Lebenswochen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Es handelt sich um eine schwere Entwicklungsstörung der Wirbelsäule. Die Kälber werden abortiert, zu früh oder tot geboren. Typische Kennzeichen sind Mißbildungen an den Wirbelkörpern, verkürzte Wirbelsäule, versteifte, nach innen verdrehte Gelenke an allen vier Gliedmaßen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Uridin-Monophosphat, das eine essentielle Komponente der Pyrimidin-Nukleotide darstellt, kann nicht ausreichend synthetisiert werden. Die schwerwiegende Konsequenz ist embryonaler Frühtod.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Citrullinämie**

Aufgrund eines Enzymdefektes ist der Harnstoffzyklus gestört. Die Kälber sterben innerhalb von 3-5 Tagen nach der Geburt an Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Die Entwicklung der Knorpel- und Knochenbildung ist gestört. Die in der Regel toten Neugeborenen haben überlange, sehr dünne, leichtbrüchige Röhrenknochen. Die Sehnen der Gliedmaßen sind verkürzt, die Gelenke verkrümmt oder versteift. Außerdem sind häufig Verformungen des Schädels und Verkürzungen des Unterkiefers zu beobachten. Da der Defekt sich schon beim Fötus entwickelt, sind bereits bei der Geburt des Kalbes Knochenbrüche zu erwarten und dadurch Verletzungen der Geburtswege beim Muttertier möglich.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh

- **Syndactylie (Mulefoot)**

Die beiden Hauptzehen der betroffenen (eine oder mehrere) Gliedmaßen sind teilweise bis komplett verschmolzen, wobei meistens nur ein Hornschuh ausgebildet ist. Diese kegelförmig zugespitzten Hufe zwingen die Tiere zum Auftreten auf kleinsten Flächen, zu schwankender Haltung und bevorzugtem Liegen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh, Braunvieh

- **Chondrodysplasie (Bulldog)**

Hierbei handelt es sich um eine Punktmutation, die zu einer Störung der Knorpelbildung führt. Die Knochenwachstumszone wird verfrüht verknöchert, was zur Einschränkung des Längenwachstums vor

allem der Extremitäten führt. Die Tiere fallen durch ihren unförmigen Körperbau mit kurzem Kopf und stummelartigen Gliedmaßen auf und zählen zu dem Komplex disproportionierten Zwergenwuchses.

Betroffene Rasse: Dexter

- **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Es handelt sich um eine neurogene Atrophie und Schwäche der Skelettmuskulatur, besonders der Extremitäten, hervorgerufen durch Degeneration und Schwund der Motoneuronen im Rückenmark. In der Regel zeigen sich erst im Alter von 3 bis 5 Wochen Lähmungserscheinungen. Als häufigste Komplikation tritt eine sekundäre meist therapieresistente Pneumonie auf, so dass die Kälber selten älter als zwei Monate werden.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **SDM (Spinale Dysmyelinisierung)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nerverzellgebieten gekennzeichnet ist. Die davon betroffenen Kälber liegen ab Geburt häufig in Seitenlage mit gestreckten Beinen fest. Den Kopf halten sie meist nach oben hinten ("Mondguckerhaltung"). Da die betroffenen Kälber auf keine Behandlung ansprechen, gehen sie in der Regel in den ersten Lebenswochen ein oder werden eingeschläfert.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems. Erste Krankheitszeichen treten im Alter von 5 bis 8 Monaten auf. Die betroffenen Kälber zeigen Schwächen in den Hinterbeinen und einen schwankenden, ungleichmäßigen Gang. Stärker werdende Koordinationsstörungen führen zum Festliegen und Tod durch Pansenlähmung mit 1 bis 3 Jahren.

Betroffene Rasse: Braunvieh

**Genetisches Monitoring der Rasse  
'Holstein Schwarzbunt'  
Teil II  
(statistische Auswertungen)**

vit Verden

05.07.2010

**Inhaltsverzeichnis**

<b>1</b>	<b>Übersicht Datengrundlage</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Pedigreevollständigkeit</b>	<b>6</b>
<b>3</b>	<b>Genanteile</b>	<b>10</b>
<b>4</b>	<b>Generationsintervall</b>	<b>13</b>
<b>5</b>	<b>Inzucht und effektive Populationsgröße</b>	<b>13</b>
<b>6</b>	<b>Bewertung der Ergebnisse</b>	<b>17</b>

**Abbildungsverzeichnis**

<b>1</b>	<b>Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index . . . . .</b>	<b>9</b>
<b>2</b>	<b>Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI &gt; 0.70 auf Geburtsjahrgang . . . . .</b>	<b>15</b>
<b>3</b>	<b>Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen . . . . .</b>	<b>16</b>

---

---

## Tabellenverzeichnis

1	Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht . . . . .	4
2	Verteilung der Tiere auf Regionen . . . . .	5
3	Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge . . . . .	5
4	Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population . . . . .	7
5	Mittlere Genanteile der Bullen in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	11
6	Mittlere Genanteile der Kühe in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	12
7	Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden . . . . .	13

## 1 Übersicht Datengrundlage

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Holstein Schwarzbunt (SBT, Rassecode=01) wurden zunächst alle seit 1990 registrierten Geburten bzw. Tiere seit Geburtsjahr 1990 bereitgestellt. In Tabelle 1 sind alle geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. Aus den vollständigen Jahrgängen 2000 bis 2008 ist ersichtlich, dass pro Jahr ca. 1,9 Mio. Kälber geboren werden bzw. registriert sind.

In Tabelle 2 ist eine regionale Verteilung der Geburten über die Bundesländer gegeben. Die Rasse ist mit Ausnahme der süddeutschen Länder die führende Milchrasse in Deutschland.

In Tabelle 3 ist aufgelistet, welche Tiere der Ausgangspopulation Eltern geworden sind und welche Eltern wiederum heute noch leben. Die letzten 2 Spalten sind unter dem Vorbehalt zu betrachten, dass in den Ursprungsdateien alle Abgangsdaten vollständig verzeichnet sind.

Da das Datenmaterial bei Schwarzbunt mit dem sonst üblichen Datenhorizont (6 Jahre) sehr umfangreich ist, wurde in Hinsicht auf die Laufzeit und Speicherplatzanforderung der folgenden Auswertungsprogramme die Stichprobe für die aktive Zuchtpopulation auf einen Zeithorizont von 3 Jahren (2004 - 2006) eingegrenzt.

Diese Tiere der Jahrgänge 2004 - 2006 sind bei SBT nun als jüngste Elterngeneration (1) bzw. aktuelle Zuchtpopulation zu sehen und sollten selbst noch nicht als Großeltern im Datenmaterial erscheinen.

Jahrgang	männlich	weiblich
1990	45.433	1.129.534
1991	77.197	1.001.714
1992	109.375	949.187
1993	127.813	968.286
1994	141.028	996.777
1995	212.907	1.058.774
1996	507.165	1.069.856
1997	574.177	1.082.344
1998	664.813	1.066.220
1999	679.565	1.030.772
2000	738.331	1.010.910
2001	880.891	978.430
2002	902.209	972.494
2003	919.103	976.751
2004	942.717	989.305
2005	944.418	970.428
2006	923.532	940.560
2007	904.336	926.338
2008	941.069	938.791
2009	733.876	733.479
2010	0	0

Tabelle 1: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht



Region	Anz.Tiere
Schleswig-Holstein	3.463.893
Hamburg	9.005
Niedersachsen	9.052.496
Bremen	33.046
Nordrhein-Westfalen	2.649.089
Hessen	1.129.579
Rheinland-Pfalz	590.851
Baden Württemberg	1.390.531
Bayern	1.020.217
Saarland	528.827
Berlin	37
Brandenburg	2.084.924
Mecklenburg-Vorpommern	1.928.879
Sachsen	2.379.666
Sachsen-Anhalt	1.521.394
Thüringen	1.460.898
NBL, <sup>1</sup> nicht zuzuordnen	2.517.613

<sup>1</sup> Neue Bundesländer

Tabelle 2: Verteilung der Tiere auf Regionen

Jahrgang	Alle		Eltern		noch lebende Eltern	
	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe
2001	0	0	0	0	0	0
2002	0	0	0	0	0	0
2003	0	0	0	0	0	0
2004	942.717	989.305	6.983	652.512	2.078	293.796
2005	944.418	970.428	6.639	637.350	1.887	401.673
2006	923.532	940.560	6.764	579.790	1.881	455.647
gesamt	2.810.667	2.900.293	20.386	1.869.652	5.846	1.151.116

Tabelle 3: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge

## 2 Pedigreevollständigkeit

Für die in Tabelle 3/Spalten 6 und 7 (noch lebende Eltern) genannte Ausgangselterngeneration wurden alle Ahnen bis 1950 zurück, sofern bekannt und plausibel, aus den Abstammungsdateien des **vit** herausgesucht. Die Pedigrees enden, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt.

Für eine korrekte Berechnung und Darstellung des Inzuchtzuwachses und der daraus abgeleiteten effektiven Populationsgröße sind Mindestanforderungen bezüglich Vollständigkeit und Tiefe der Pedigreeinformationen zu setzen. Um diesen Informationsgehalt zu quantifizieren, wird für jedes Tier der sogenannte Pedigree Completeness Index (PCI) berechnet (MacCluer 1983). Der PCI ist eine Relativzahl, die in Abhängigkeit zur geforderten Pedigreetiefe (Anzahl Ahnengenerationen) zu sehen ist. D.h., bei 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier den  $PCI=1$ , wenn alle 32 Ahnen bekannt sind.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1960 in Tabelle 4 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf eine Pedigreetiefe von 6 Ahnengenerationen. Für die Monitoringausgangspopulation (C) erreichen 5.343 männliche und 926.057 weibliche Tiere den geforderten  $PCI > 0,70$ .

In Abbildung 1 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 4 nochmal graphisch dargestellt. Je aktueller die Geburtsjahrgänge desto höher sind die mittleren PCI der Tiere. Dieses Ergebnis ergibt sich automatisch aus den verfügbaren Pedigreeinformationen.

Tabelle 4: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1960	1.344	0.02	2.650	0.01
1961	1.433	0.03	3.483	0.02
1962	1.441	0.04	4.877	0.02
1963	1.727	0.05	6.023	0.03
1964	1.798	0.06	7.064	0.04
1965	1.895	0.09	9.359	0.05
1966	1.936	0.11	10.749	0.07
1967	2.098	0.14	11.994	0.09
1968	2.076	0.18	14.107	0.11
1969	2.081	0.21	16.428	0.13
1970	2.344	0.23	18.811	0.15
1971	2.614	0.25	21.354	0.18
1972	2.787	0.26	24.983	0.20
1973	2.912	0.29	29.041	0.21
1974	3.009	0.32	31.856	0.22
1975	2.974	0.33	36.501	0.24
1976	3.001	0.35	39.181	0.27
1977	3.164	0.38	42.206	0.28
1978	3.165	0.40	45.686	0.30
1979	3.236	0.43	49.613	0.32
1980	3.230	0.47	52.753	0.34
1981	3.474	0.50	56.432	0.36
1982	3.405	0.50	58.560	0.37
1983	3.359	0.52	64.027	0.39
1984	3.134	0.53	68.955	0.41
1985	2.991	0.56	69.471	0.43
1986	3.047	0.57	78.124	0.47
1987	2.963	0.61	80.410	0.49
1988	3.161	0.64	82.752	0.53
1989	2.938	0.67	85.620	0.55
1990	3.141	0.72	98.486	0.56
1991	3.332	0.76	99.808	0.58
1992	3.773	0.78	110.610	0.61
1993	4.374	0.80	115.228	0.63
1994	4.917	0.82	123.139	0.66
1995	5.030	0.84	130.866	0.68
1996	5.166	0.85	137.307	0.72
1997	5.255	0.86	147.435	0.75

Weiter auf nächster Seite

---

---

## 2 PEDIGREEVOLLSTÄNDIGKEIT

---

---

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1998	5.134	0.88	154.447	0.78
1999	5.003	0.88	162.135	0.81
2000	5.089	0.88	176.457	0.83
2001	5.350	0.89	179.191	0.85
2002	5.784	0.90	177.515	0.86
2003	5.739	0.92	150.139	0.88
2004	5.180	0.94	283.046	0.93
2005	1.887	0.95	324.141	0.94
2006	1.740	0.96	369.886	0.95

Anzahl Tiere in Monitoring-Ausgangspopulation : 931.400

Grenzwert für PC-Index : 0.70

Bei Pedigreetiefe von : 6 Gen.

Erfüllt bei männl. Tieren : 5.343

Erfüllt bei weibl. Tieren : 926.057

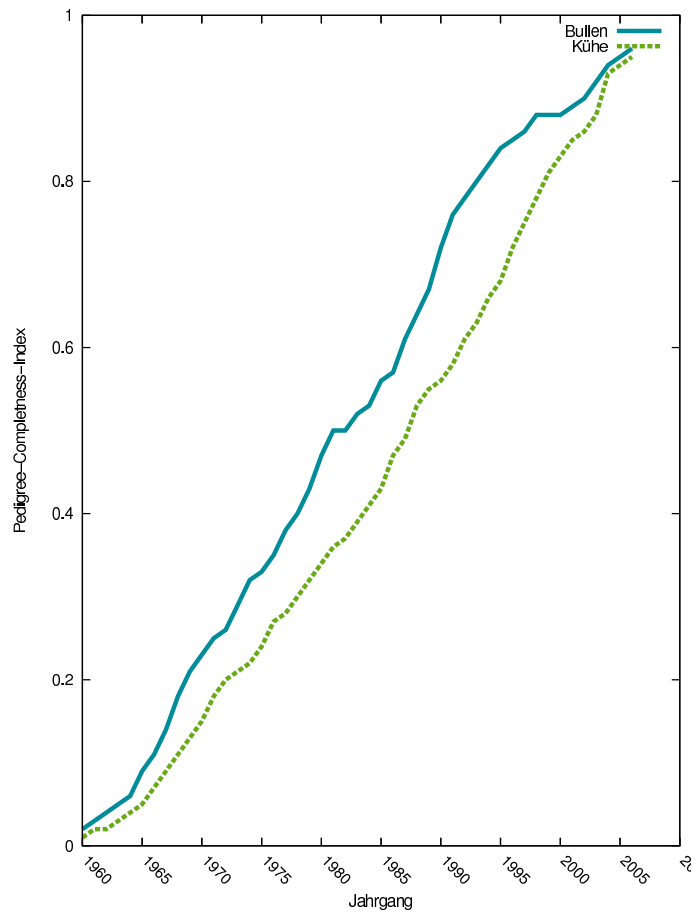


Abbildung 1: Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index

### 3 Genanteile

Für die Berechnung der Herkunftsgenanteile in den Tabellen 5 (Väter) und 6 (Mütter) wurden für alle Milchrinderrassen einheitlich die in den Spaltenköpfen genannten Rassen/Herkünfte definiert. Die Angaben beziehen sich auf die definierten Geburtsjahre der Ausgangsmonitoringpopulation (C). In Spalte 3 ist der mittlere Inzuchtgrad in den Jahrgängen ausgewiesen. In den folgenden Spalten die Herkunftsgenanteile in Prozent, die sich innerhalb Zeile zu 100 aufaddieren.

Die deutsche Holstein-Schwarzbunt-Population hat auf der Vaterseite inzwischen einen HF-Genanteil von knapp 95 %, das heißt, sie ist fast ausschließlich durch HF-Bullen aus Nordamerika geprägt. Die Kuhpopulation hat einen entsprechenden HF-Anteil von 90 %. Aus diesen Zahlen wird deutlich, dass die deutsche HF-Schwarzbunt-Population in die weltweite Holsteinzucht vollständig integriert ist und nicht isoliert betrachtet werden kann.

Der weltweite Austausch der Topbullen aller Länder, die letztendlich alle auf nordamerikanisches Blut zurückgehen, führte in allen Ländern zu sehr ähnlichen Holsteinpopulationen. Auch die Zuchtprogramme und Zuchtziele gleichen sich weltweit immer mehr an. Die deutsche HF-Schwarzbuntpopulation kann daher auch als Stichprobe der weltweiten Holsteinpopulation betrachtet werden. Nahezu alle wichtigen Holsteinlinien sind in der deutschen Population vertreten. Andere Länder unterscheiden sich nur geringfügig durch den unterschiedlich starken Einsatz von Bullenlinien.

Jahrgang	Anzahl Tiere		Genanteile der Rassen in Prozent																
		Inzuchtgrad	Holstein/Schwarzbunt, Europa	Holstein/Rotbunt, Europa	Jersey	Braunvieh/Brown Swiss	Rotvieh/Angler (5/6)	Rotes Hoehenvieh (71)	Limpurger	Glanrind	Doppelnutzung Rotbunt (DN)	Dr. Schwarzb. Niederungsst.	Fleckvieh	Holstein, Nordamerika	Skandinavisches Rotvieh	Anderer Milchrasen	Anderer Fleischrasen	Sonstige/Unbekannt	
2004	1883	4.53	3.86	1.51	-	-	-	-	-	-	-	0.06	-	94.46	-	-	-	0.10	
2005	1695	4.61	3.52	1.53	-	-	-	-	-	-	-	0.04	-	94.80	-	-	-	0.11	
2006	1733	4.64	3.84	1.26	-	-	0.01	-	-	-	-	0.05	0.01	94.70	-	-	-	0.13	

Tabelle 5: Mittlere Genanteile der Bullen in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr &gt; 1999)

Jahrgang	Genanteile der Rassen in Prozent																	
	Anzahl Tiere	Inzuchtgrad	Holstein/Schwarzbunt, Europa	Holstein/Rotbunt, Europa	Jersey	Braunvieh/Brown Swiss	Rotvieh/Angler (5/6)	Rotes Hoehenvieh (71)	Limpurger	Glanrind	Doppelnutzung Rotbunt (DN)	Dr. Schwarzb. Niederungsr.	Fleckvieh	Holstein, Nordamerika	Skandinavisches Rotvieh	Andere Milchrasen	Andere Fleischrasen	Sonstige/Unbekannt
2004	226413	3.89	8.51	1.76	0.03	-	0.01	-	-	-	0.04	0.20	0.01	88.63	-	-	0.01	0.82
2005	315120	4.07	7.80	1.70	0.03	-	0.01	-	-	-	0.04	0.17	0.01	89.45	-	-	0.01	0.78
2006	360529	4.15	7.59	1.65	0.03	-	-	-	-	-	0.03	0.16	0.01	89.78	-	-	0.01	0.74

Tabelle 6: Mittlere Genanteile der Kühe in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999)



## 4 Generationsintervall

In einer weiteren Analyse werden die Generationsintervalle in den vier Selektionspfaden Bullenväter, Bullenmütter, Kuhväter und Kuhmütter ermittelt. Das Generationsintervall ergibt sich aus dem mittleren Alter der Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die in Tabelle 7 angegebenen Werte beziehen sich wiederum auf das mittlere Alter (in Jahren) der Eltern der Ausgangsgeneration der Monitoringpopulation (C). Das mittlere Generationsintervall ist als ungewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße benötigt, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich direkt mit der effektiven Populationsgröße zusammenhängt.

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Bullenväter	5.343	7.09
Bullenmütter	5.343	4.92
Kuhväter	926.057	6.30
Kuhmütter	926.057	4.12

Tabelle 7: Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade 5.61

## 5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres drückt die mittlere Wahrscheinlichkeit herkunftsgleicher Allele an einem Genort aus. Er ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene und damit leider auch von Erbfehlern.

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere einbezogen, die einen PCI > 0,70 bezogen auf 6 Ahnengenerationen aufweisen. Damit ist gewährleistet, dass bei allen Tieren aufgrund der verfügbaren Pedigreeinformation auf Vater- und Mutterseite eine vergleichbare Chance besteht Inzucht überhaupt zu berechnen - sofern tatsächlich vorhanden.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 2 ist die Verteilung aller Tiere und Ahnen in der Monitoringpopulation (helle Balken) sowie der Tiere mit PCI > 0,70 (dunkle Balken) ersichtlich. Wie nicht anders zu erwarten, nimmt der Anteil Tiere, die bezüglich PCI die Anforderungen erfüllen, ab, je weiter wir in den Geburtsjahrgängen zurückgehen.

In der Schwarzbuntpopulation verbleiben aufgrund der gestellten PCI-Anforderung nur noch ca. die Hälfte der Tiere für die Berechnung der effektiven Populationsgröße (Abbildung 2).

Die effektive Populationsgröße ist nach der von Wooliams beschriebenen Methode als Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet.

Aus dem in Abbildung 3 dargestellten Inzuchtanstieg kann eine effektive Populationsgröße von nur noch 70 Tieren abgeleitet werden. Dieser Wert liegt im Bereich aller

bisher auch in anderen Ländern publizierten Werte und bezieht sich letztendlich auf die weltweite HF-Population, die letztendlich vollständig auf nordamerikanische Genetik zurückzuführen ist.

Die berechnete Anzahl effektiver Foundertiere mit  $f_e = 71$  stimmt sehr gut mit dem Schätzwert für die effektive Populationsgröße aus dem relativen Inzuchtwuchs überein. Die Anzahl effektiver Ahnen mit  $f_a = 21$  geschätzt, ist dagegen wesentlich geringer. Dies deutet auf einige sehr einflußreiche Ahnen in der Schwarzbuntzucht hin.

Ahnen mit den höchsten marginalen Genbeiträgen in der Ausgangsgeneration der Monitoringpopulation (C) sind:

ELEVATION (840000001491007), geb. 1965, Genbeitrag: 15,3 %

CHEF II (840000001427381), geb. 1962, Genbeitrag: 10,3 %

BELL (840000001667366), geb. 1974, Genbeitrag: 5,9 %

Der Bulle BELL, ein hervorragender Leistungsvererber, ist im Nachhinein kritisch zu betrachten, da über diese Linie hauptsächlich der Erbfehler CVM sich weltweit in der Holsteinzucht verbreitete.

Die einflußreichsten Foundertiere, auf die die Pedigrees auslaufen, sind ebenfalls Schwarzbunt-HF-Bullen:

F.A.GAY (840000002471271), geb. 1950, Genbeitrag: 4,6 %

OB. IVANHOE (840000001189870), geb. 1952, Genbeitrag: 4,6 %

Obwohl die deutsche Holsteinzucht auch stark durch kanadische Bullenväter geprägt wurde, sind die einflußreichsten Ahnen US-amerikanischer Herkunft, da die kanadischen Bullen wiederum von diesen abstammen.

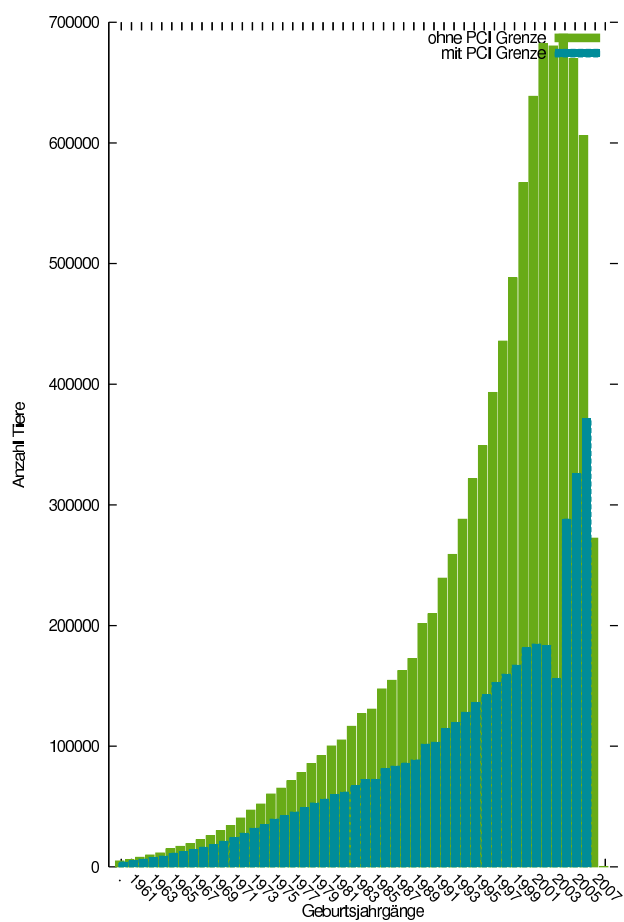


Abbildung 2: Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI > 0.70 auf Geburtsjahrgänge

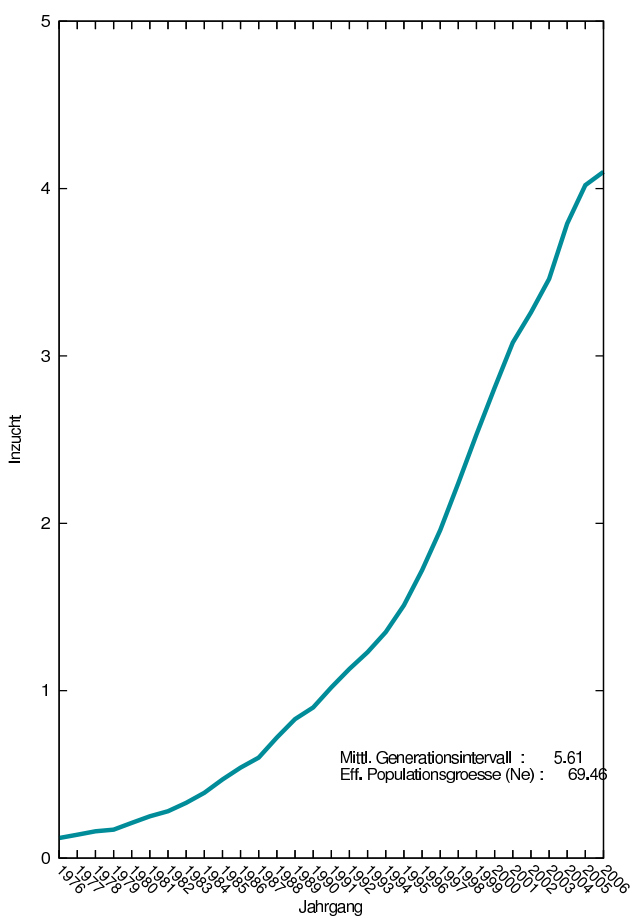


Abbildung 3: Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen

## 6 Bewertung der Ergebnisse

Mit einer aktiven Zuchtpopulation von fast 2 Mio. Tieren in Deutschland ist Holstein die größte und züchterisch wohl auch am intensivsten bearbeitete Milchrasse. Die Deutsche Holsteinzucht kann nicht isoliert betrachtet werden, da ein massiver Genaustausch zwischen allen wichtigen Holsteinzuchtländern schon über Jahrzehnte stattfindet. Fast alle Pedigrees laufen daher auch auf nordamerikanische Tiere zurück. Die hier geschätzte effektive Populationsgröße von  $N_e I = 70$  stimmt sehr gut mit früheren Schätzungen anhand der deutschen Zuchtpopulation aber auch mit international geschätzten Werten überein. Der sehr niedrige Wert zeigt aber auch die begrenzte Interpretierbarkeit, denn eine Abnahme der genetischen Variabilität in den wichtigsten Selektionsmerkmalen in den letzten Jahrzehnten ist nicht festzustellen.

# MONITORING TIERGENETISCHER RESSOURCEN

## Teil I

-Limpurger (LMP)-



herausgegeben von  
Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung e.V.

## **Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

## **Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V.

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft - Institut für Tierzucht

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

## **Berichtsautor**

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

Adresse: Heideweg 1  
27281 Verden

Internet: [www.vit.de](http://www.vit.de)

e-mail: [info@vit.de](mailto:info@vit.de)

Telefon: 04231-955-10

Fax: 04231-955-166

Ansprechpartner: Friedrich Reinhardt  
Doris Vogel



# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Allgemeine Informationen</b>	<b>4</b>
1.1	Rasseschlüssel . . . . .	4
1.2	Anerkannte Züchtervereinigungen . . . . .	4
1.3	Sonstige Verbände . . . . .	5
1.4	Hauptzuchtgebiet . . . . .	6
<b>2</b>	<b>Rassebeschreibung</b>	<b>7</b>
2.1	Zuchtziel . . . . .	7
2.2	Herkunft und Zuchtgeschichte . . . . .	9
2.2.1	Entstehung . . . . .	9
2.2.2	Entwicklung . . . . .	9
2.3	Zuchtprogramm . . . . .	10
2.4	Heutiger Stand . . . . .	11
2.5	Leistungen . . . . .	12
<b>3</b>	<b>Erbfehler</b>	<b>14</b>
3.1	Erbfehlerproblematik . . . . .	14
3.2	Bekannte Erbfehler beim Rind . . . . .	15

# Tabellenverzeichnis

1	Verteilung der Tiere . . . . .	6
2	Maße und Gewichte . . . . .	7
3	Bestandsentwicklung in den Jahren 2002 bis 2008 . . . . .	11
4	Ergebnisse der MLP- und HB-Kühe 2008 . . . . .	12
5	Leistungsentwicklung in den Zuchtbetrieben 2002 bis 2008 . . . . .	13
6	Ergebnisse der Feldprüfung auf Fleischleistung von Jungbull en in den Jahren 2002 bis 2006 . . . . .	13



# 1 Allgemeine Informationen

## 1.1 Rasseschlüssel

TGRDEU - 138

ADR - 17

## 1.2 Anerkannte Züchtervereinigungen

Rinderunion Baden-Württemberg e.V. (RBW)



Adresse: Ölkofer Strasse 41  
88518 Herbertingen

Internet: [www.rind-bw.de](http://www.rind-bw.de)

e-mail: [info@rind-bw.de](mailto:info@rind-bw.de)

Telefon: 07586-9206-0

Fax: 07586-9206-35

## 1.3 Sonstige Verbände

### Züchtervereinigung Limpurger Rind



Adresse: Eckartshäuser Straße 41  
74532 Ilshofen

Internet:

e-mail: [Limpurger@Rind-BW.de](mailto:Limpurger@Rind-BW.de)

Telefon: 07904-7007-0

Fax: 07904-7007-555

### Arbeitsgemeinschaft Süddeutscher Rinderzucht- und Besamungsorganisationen e.V.



Adresse: Haydnstraße 11  
80336 München

Internet: [www.asr-rind.de](http://www.asr-rind.de)

e-mail: [rinderzucht@t-online.de](mailto:rinderzucht@t-online.de)

Telefon: 089-2060312-0

Fax: 089-2060312-11

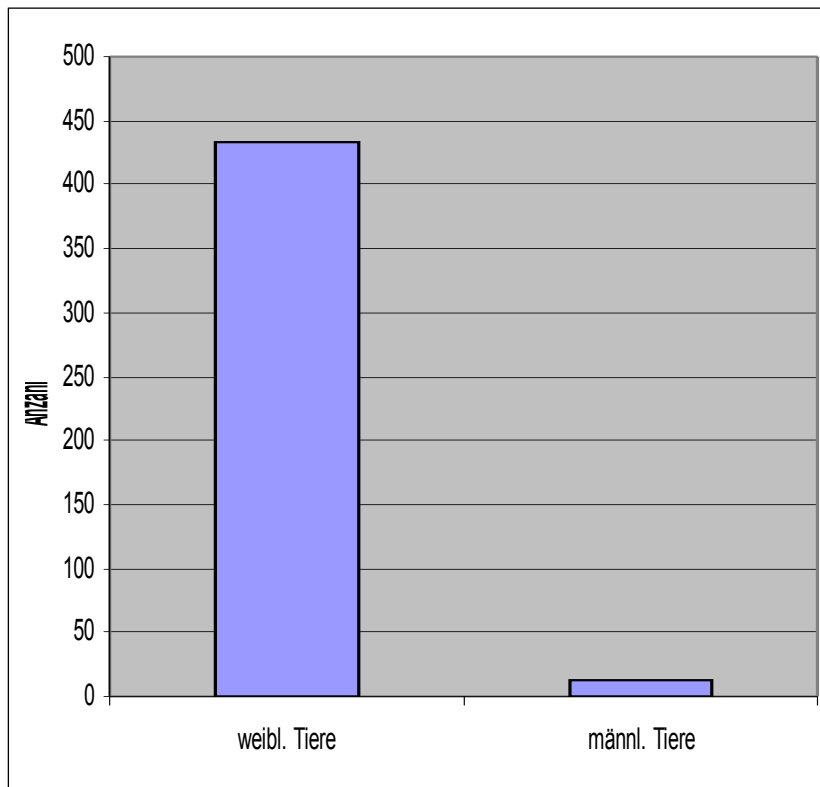
## 1.4 Hauptzuchtgebiet

Das Hauptzuchtgebiet der Rasse Limpurger liegt im Bundesland:

- Baden-Württemberg

### Abb. 1: Verbreitung des Bestandes

(Quelle: Jahresstatistik 2008 der Rinderunion Baden-Württemberg e.V.)



### Tabelle 1: Verteilung der Tiere

(Jahresstatistik 2008 der Rinderunion Baden-Württemberg e.V.)

	Anzahl Betriebe			Anzahl Tiere		
	Zucht	Mutterkuh	Gesamt	HB-Kühe	Mutterkühe	Gesamt
<b>Gesamt</b>	10	66	76	122	312	434

## 2 Rassebeschreibung

### 2.1 Zuchtziel

Angestrebt wird ein widerstandsfähiges, langlebiges Zweinutzungsrind mit gleicher Gewichtung von Milch- und Fleischleistung, regelmäßiger Fruchtbarkeit, Frohwüchsigkeit und guter Fleischbeschaffenheit. Besonderer Wert wird auf gleichmäßige, straff sitzende, drüsige Euter, korrekte Gliedmaßen, feinen Knochenbau und harte Klauen gelegt. Das Limpurger Rind ist eine bodenständige Rinderrasse mit umgänglichem Temperament, günstigen Muttereigenschaften und mittlerer Milchleistung um die 5000 kg. Dank dieser Merkmale können in der Mutterkuhhaltung auch auf Weiden unterdurchschnittlicher Qualität ohne Zufütterung von Leistungsfutter noch gute Absetzer erzeugt werden.

Das mittelrahmige Rind eignet sich in besonderer Weise zur Pflege von hängigem Gelände wie es in seiner Stammheimat dem Leintal gegeben ist.

**Tabelle 2:** Maße und Gewichte

Maße und Gewichte	Bullen	Kühe	männl. Absetzer und Jungbullen (15 Mon.)	Färsen und Ochsen in Weidehaltung
Widerristhöhe, cm	143 - 149	134 - 138	-	-
Gewicht, kg	1000 - 1100	600 - 650	-	-
tägl. Zunahme, g	-	-	1200	800

**Körperbau:** mittelrahmige Tiere (eine Vergrößerung des Rahmens wird wegen der negativen Verbindung zur Fleischbeschaffenheit und -qualität nicht angestrebt)  
gleichmäßige, straff sitzende, drüsige Euter  
trockene Gliedmaßen  
harte Klauen  
feiner Knochenbau  
feingeschnittener Kopf

**Farbe:** einfarbig gelb gefärbter Vienschlag mit Tönungen von hellgelb bis rotgelb  
Flotzmaul fleischfarben  
auch Hörner und Klauen gelb

**Eigenschaften:** hohe tägliche Zunahmen  
Frohwüchsigkeit der Kälber  
langanhaltendes Fleischwachstum ohne Verfettung  
sehr gute Schlachtkörper bei hoher Ausschachtung (mind. 58 %), hoher

Fleischanteil, vorzügliche Fleischqualität  
umgängliches Temperament  
günstige Mütterlichkeit  
Langlebigkeit (mehr als 8 Kälber)  
Fruchtbarkeit (ein Kalb pro Jahr)  
gute Milchleistung von 5000 kg in der Zweinutzung  
Genügsamkeit, Futterdankbarkeit

## 2.2 Herkunft und Zuchtgeschichte

### 2.2.1 Entstehung

Das Limpurger Rind ist die älteste noch existierende württembergische Rinderrasse. Sie entstand aus Kreuzungen des nach dem 30-jährigen Krieg noch vorhandenen Roten Landviehs mit Allgäuer Vieh. Der Name kommt von der Grafschaft Limpurg - südlich von Schwäbisch Hall. In den kleinbäuerlichen, oft sehr kargen Verhältnissen mit hängigem Gelände bildete sich eine diesen Anforderungen im besonderen Maße angepaßte bodenständige Rinderrasse heraus: mit spezieller Eignung als Zugtier, mit umgänglichem Temperament, mit guter Milchergiebigkeit und einer besonders feinen Fleischqualität.

Mitte des 19. Jahrhunderts erreichten die Limpurger ihre Blütezeit, die aber Ende der 60er Jahre schon zu Ende war. Die Gründe dafür lagen vor allem in der Nachfrage nach dem hervorragenden Fleisch, die in keinem Verhältnis stand zur Vermehrung.

Der 1903 gegründete "Limpurger Zuchtverband" versuchte durch Einkreuzung von Glanvieh und Franken, dem heutigen Gelbvieh, die Konkurrenzfähigkeit der Limpurger Rasse zu verbessern und der drohenden Verdrängung Einhalt zu gebieten. Es gelang jedoch nicht, den Niedergang der Rasse aufzuhalten. Ab Ende des 19. Jahrhunderts ging die Zahl beständig zurück. Durch die Mechanisierung in der Landwirtschaft nach dem 2. Weltkrieg nahm die Zahl der Zuchtbetriebe und Kühe weiter ab und zog 1963 die Auflösung des "Limpurger Zuchtverbandes" nach sich.

### 2.2.2 Entwicklung

Anfang der 80er Jahre des 20. Jahrhunderts galten die Limpurger als ausgestorben. Einige Betriebe hielten jedoch hartnäckig an ihren Tieren fest. Ab 1986 wurden die letzten Limpurger Tiere aufgespürt. Im Mai 1987 erfolgte die Gründung der "Züchtervereinigung Limpurger Rind" und bereits im Sommer 1987 wurden 56 Kühe in das Herdbuch aufgenommen. 22 dieser Kühe wiesen noch die gewünschte Einfarbigkeit auf, die anderen 34 Kühe stammten mütterlicherseits ebenfalls von Limpurgern ab und waren im Typ den Limpurgern sehr ähnlich. Da der Vater jedoch meist ein Fleckviehbulle war, wiesen sie mehr oder weniger große weiße Abzeichen auf der Stirn auf.

Mit dem Bullen "Herzog" stand ein rassetypisches Vatertier zur Verfügung. Außerdem wurden der Glanbulle "Habet" sowie die Bullen "Inntal" und "Heidenheim", beides Gelbviehbullen mit Glanblutführung, zur Zucht eingesetzt.

Um für die Zucht geeignete Jungbullen auswählen zu können, ging man dazu über, auf der Bullenprüfstation Neuhof Bullenkälber zur Eigenleistungsprüfung aufzustellen.

Seither nahm die Population eine erfreuliche Entwicklung - zum Ende des Jahres 2008 verzeichnete sie 434 Kühe (davon 312 Mutterkühe) mit entsprechender Nachzucht in 76 Zuchtbetrieben.

## 2.3 Zuchtprogramm

Die Zuchtplanung der RBW bezieht sich für die Rasse Limpurger auf ein Besamungszuchtprogramm mit Testbulleneinsatz und Nachkommenprüfung. Die Selektion der Testbullen erfolgt in der Regel nach Prüfung der Eigenleistung auf der Eigenleistungsprüfstation. Geprüfte Vererber werden für den Besamungseinsatz nach jeder Zuchtwertschätzung von den Zuchtleitern und dem Rasseausschuß in Absprache mit den Geschäftsführern ausgewählt. Bullenväter werden 2 - 4 mal jährlich durch die Zuchtleitung vorgeschlagen und in Abstammung mit dem Rasseausschuß festgelegt. Die Auswahl der Bullenmütter erfolgt mindestens einmal jährlich. Dazu werden die Mindestanforderungen jährlich dem Zuchtfortschritt angepaßt.

Um einer weiteren Blutlinienverengung entgegenzuwirken, werden alle Kühe in Herdbuchbetrieben gezielt angepaart. Zur Sicherung der Population und ihrer genetischen Variabilität wird mittelfristig eine Population von etwa 800 Kühen im Herdbuch angestrebt.

## 2.4 Heutiger Stand

In der Bundesrepublik Deutschland verzeichnet das Herdbuch der Züchtervereinigung Limpurger Rind gegenwärtig etwa 500 Tiere. Wegen der geringen Population werden keine Kälber geschlachtet, sondern frühestens Färsen, soweit sie nicht zur Zucht verwendet werden können. Nicht als Vererber gekörte Bullenkälber werden als Weideochsen gehalten, die nicht vor dem 25. Lebensmonat geschlachtet werden.

**Tabelle 3:** Bestandsentwicklung in den Jahren 2002 bis 2008

(Quelle: Jahresstatistik der Rinderunion Baden-Württemberg e.V.)

Anzahl	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008
Betriebe	75	76	77	79	80	79	76
Bestandskühe	340	351	360	370	385	392	434
MLP-Kühe mit Kalbungen	120				209	182	180
davon aus KB	98	181	205	183	155	139	144
Erstbesamungen	447	460	438	457	465	432	457
Testbullen	-	-	7	8	9	8	9
Erstbesamungen	-	-	281	268	311	273	287
geprüfte Bullen	-	-	17	16	14	13	13
Erstbesamungen	-	-	157	189	154	159	170



## 2.5 Leistungen

**Tabelle 4:** Ergebnisse der MLP- und HB-Kühe 2008  
(Quelle: ADR-Jahresbericht)

Leistung		Anzahl Kühe	Milch kg	Fett %	Fett kg	Eiweiß %	Eiweiß kg
	<b>305-TL 1.LA</b>	29	3.882	4,06	158	3,34	130
<b>MLP</b>	<b>305-TL aller Kühe</b>	120	4.650	3,96	184	3,35	156
	<b>Durchschnittsl. aller Kühe</b>	153	4.480	4,05	181	3,38	151
	<b>305-TL 1.LA</b>	22	4.075	4,10	167	3,41	139
<b>HB</b>	<b>305-TL aller Kühe</b>	94	4.829	4,05	196	3,40	164
	<b>Durchschnittsl. aller Kühe</b>	115	4.587	4,12	189	3,42	157

**Tabelle 5:** Leistungsentwicklung in den Zuchtbetrieben 2002 bis 2008  
(Quelle: Jahresstatistik der Rinderunion Baden-Württemberg e.V.)

Jahr	Milch	Fett		Eiweiß	
	kg	%	kg	%	kg
2002	4.337	3,94	171	3,33	144
2003	4.205	3,92	165	3,31	139
2004	4.230	3,93	166	3,39	143
2005	4.376	3,93	172	3,32	147
2006	4.582	3,92	179	3,37	155
2007	4.651	3,85	179	3,40	158
2008	4.556	4,13	188	3,42	156

**Tabelle 6:** Ergebnisse der Feldprüfung auf Fleischleistung von Jungbullen in den Jahren 2002 bis 2006  
(Quelle: Jahresstatistik der Rinderunion Baden-Württemberg e.V.)

Jahr	Anzahl Bullen	Alter Tage	Gewicht kg	tägl. Zunahme g
2002	7	538	695	1.268
2003	9	432	558	1.209
2004	9	473	588	1.172
2005	10	471	608	1.218
2006	9	460	580	1.176

## 3 Erbfehler

### 3.1 Erbfehlerproblematik

Erbfehler und Mißbildungen sind Abweichungen von der Norm in Körperbau, Körperfunktion und Verhalten mit nachteiliger Wirkung für das betroffene Tier oder die Population (Rasse).

Sie führen nicht nur zu wirtschaftlichen Schäden, sondern verursachen auch oft Leiden und Schmerzen bei den betroffenen Tieren. Es liegt deshalb schon in der ethischen Verantwortung, Anomalien zu erfassen und wenn möglich durch züchterische Maßnahmen zu vermeiden.

Wirtschaftlich gesehen entstehen direkte Kosten durch die Schädigungen am Tier selbst, aber auch durch Beschränkungen in den züchterischen Maßnahmen und vermindertem Zuchtfortschritt. Nicht zu unterschätzen sind auch eventuelle Imageschäden für die Rasse.

Erbfehler sind vor allem solche Defekte, denen ein monogener oder digener Erbgang oder eine Chromosomenanomalie zugrunde liegen. Soweit Erbfehler durch ein dominantes Gen verursacht werden, sind Anlageträger zugleich Merkmalsträger. Dies vereinfacht die Selektion gegen solche Merkmale, so dass im Allgemeinen keine besonderen diagnostischen, jedoch züchterische Maßnahmen erforderlich sind. Rezessive Schadgene dagegen führen nur in homozygotem Zustand, bei zwei beteiligten Genorten erst bei deren Kombination zur Manifestation des Erbfehlers und damit zum Auftreten erkennbarer Merkmalsträger.

Erbkrankheiten gewinnen besonders seit dem vermehrten Einsatz der künstlichen Besamung immer mehr an Bedeutung. So kann ein KB-Bulle mit hervorragenden Leistungsallelen, der aber ein Erbfehlerträger ist, seinen Erbfehler in einen großen Teil der Population verbreiten. Er kann erst als Erbfehlerträger erkannt werden, wenn er an einen weiteren Anlagenträger angepaart wird und aus dieser Paarung ein krankes Kalb entsteht.

Der Nachweis einer genetischen Abhängigkeit wird oft erschwert durch die relative Seltenheit der Defekte, unvollständige Penetranz, Umweltfaktoren mit ähnlicher Wirkung sowie durch Befürchtungen der Züchter vor Diskriminierung ihrer Zucht.

In Abhängigkeit von der Frequenz des Schadgens ist die Häufigkeit der phänotypisch gesunden Anlageträger in der Population um ein Vielfaches größer als die erkennbaren Merkmalsträger. Die heutige Molekulargenetik erlaubt die Entwicklung von Markertests für die frühzeitige Erkennung von Erbfehlern. Diese Tests ermöglichen eine effiziente Reduktion der Letalgene in den Populationen bei gleichzeitiger züchterischer Nutzung von Anlageträgern.

In der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) ist der aktuelle genomanalytische Wissensstand über genetische Defekte ersichtlich. Für das Rind sind z.Zt. (Stand: 01.09.2009) insgesamt 379 Merkmale aufgeführt, 80 davon als "Single-Locus-traits", von 47 Merkmalen wurde die kausale Mutation bereits auf DNA-Ebene identifiziert.

Die zuständigen Rassdachverbände in der ADR legen eine verbindliche Liste der genetischen Besonderheiten und Erbfehler fest. Das Verfahren der Festlegung von Erbfehlern erfolgt nach wissenschaftlich anerkannten Grundsätzen und wird auf bestimmte Gruppen (wie z.B. Besamungsbullen, deren Bullenmütter, ET-Spendertiere) beschränkt. Die Ergebnisse durchgeführter Untersuchungen auf genetische Besonderheiten und Erbfehler sind nach Vorliegen im Zuchtbuch zu führen und auf der Zuchtbescheinigung anzugeben. Die Entwicklung weiterer Erbfehler wird hinsichtlich ihrer Tierschutzrelevanz und/oder ökonomischen Bedeutung ständig geprüft und entsprechend behandelt.

## 3.2 Bekannte Erbfehler beim Rind

Nachfolgend werden die z.Zt. wirtschaftlich und erbhgienisch wichtigsten Defekte beim Rind beschrieben:

- **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Hierbei handelt es sich um eine Immunschwäche, die durch eine Punktmutation verursacht wird und zum Fehlen bestimmter Glukoproteine auf der Oberfläche von Leukozyten führt, wodurch sie nicht mehr aus dem Blut in Richtung eines Infektionsherdes auswandern können. Die Krankheit äußert sich in auffallender Neigung zu wiederkehrenden bakteriellen Infektionen. Die Kälber sterben oft in den ersten Lebenswochen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Es handelt sich um eine schwere Entwicklungsstörung der Wirbelsäule. Die Kälber werden abortiert, zu früh oder tot geboren. Typische Kennzeichen sind Mißbildungen an den Wirbelkörpern, verkürzte Wirbelsäule, versteifte, nach innen verdrehte Gelenke an allen vier Gliedmaßen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Uridin-Monophosphat, das eine essentielle Komponente der Pyrimidin-Nukleotide darstellt, kann nicht ausreichend synthetisiert werden. Die schwerwiegende Konsequenz ist embryonaler Frühtod.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Citrullinämie**

Aufgrund eines Enzymdefektes ist der Harnstoffzyklus gestört. Die Kälber sterben innerhalb von 3-5 Tagen nach der Geburt an Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Die Entwicklung der Knorpel- und Knochenbildung ist gestört. Die in der Regel toten Neugeborenen haben überlange, sehr dünne, leichtbrüchige Röhrenknochen. Die Sehnen der Gliedmaßen sind verkürzt, die Gelenke verkrümmt oder versteift. Außerdem sind häufig Verformungen des Schädels und Verkürzungen des Unterkiefers zu beobachten. Da der Defekt sich schon beim Fötus entwickelt, sind bereits bei der Geburt des Kalbes Knochenbrüche zu erwarten und dadurch Verletzungen der Geburtswege beim Muttertier möglich.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh

- **Syndactylie (Mulefoot)**

Die beiden Hauptzehen der betroffenen (eine oder mehrere) Gliedmaßen sind teilweise bis komplett verschmolzen, wobei meistens nur ein Hornschuh ausgebildet ist. Diese kegelförmig zugespitzten Hufe zwingen die Tiere zum Auftreten auf kleinsten Flächen, zu schwankender Haltung und bevorzugtem Liegen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh, Braunvieh

- **Chondrodysplasie (Bulldog)**

Hierbei handelt es sich um eine Punktmutation, die zu einer Störung der Knorpelbildung führt. Die Knochenwachstumszone wird verfrüht verknöchert, was zur Einschränkung des Längenwachstums vor

allem der Extremitäten führt. Die Tiere fallen durch ihren unförmigen Körperbau mit kurzem Kopf und stummelartigen Gliedmaßen auf und zählen zu dem Komplex disproportionierten Zwergenwuchses.

Betroffene Rasse: Dexter

- **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Es handelt sich um eine neurogene Atrophie und Schwäche der Skelettmuskulatur, besonders der Extremitäten, hervorgerufen durch Degeneration und Schwund der Motoneuronen im Rückenmark. In der Regel zeigen sich erst im Alter von 3 bis 5 Wochen Lähmungserscheinungen. Als häufigste Komplikation tritt eine sekundäre meist therapieresistente Pneumonie auf, so dass die Kälber selten älter als zwei Monate werden.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **SDM (Spinale Dysmyelinisierung)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nerverzellgebieten gekennzeichnet ist. Die davon betroffenen Kälber liegen ab Geburt häufig in Seitenlage mit gestreckten Beinen fest. Den Kopf halten sie meist nach oben hinten ("Mondguckerhaltung"). Da die betroffenen Kälber auf keine Behandlung ansprechen, gehen sie in der Regel in den ersten Lebenswochen ein oder werden eingeschläfert.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems. Erste Krankheitszeichen treten im Alter von 5 bis 8 Monaten auf. Die betroffenen Kälber zeigen Schwächen in den Hinterbeinen und einen schwankenden, ungleichmäßigen Gang. Stärker werdende Koordinationsstörungen führen zum Festliegen und Tod durch Pansenlähmung mit 1 bis 3 Jahren.

Betroffene Rasse: Braunvieh

Genetisches Monitoring der Rasse  
'Limpurger'  
Teil II  
(statistische Auswertungen)

vit Verden

05.07.2010

**Inhaltsverzeichnis**

<b>1</b>	<b>Übersicht Datengrundlage</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Pedigreevollständigkeit</b>	<b>6</b>
<b>3</b>	<b>Genanteile</b>	<b>10</b>
<b>4</b>	<b>Generationsintervall</b>	<b>13</b>
<b>5</b>	<b>Inzucht und effektive Populationsgröße</b>	<b>13</b>
<b>6</b>	<b>Bewertung der Ergebnisse</b>	<b>17</b>

**Abbildungsverzeichnis**

1	Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index . . . . .	9
2	Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI > 0.70 auf Geburtsjahrgang . . . . .	15
3	Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen . . . . .	16

---

---

## Tabellenverzeichnis

1	Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht . . . . .	4
2	Verteilung der Tiere auf Regionen . . . . .	4
3	Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge . . . . .	5
4	Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population . . . . .	7
5	Mittlere Genanteile der Bullen in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	11
6	Mittlere Genanteile der Kühe in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	12
7	Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden . . . . .	13

## 1 Übersicht Datengrundlage

Die Daten für das genetische Monitoring wurden größtenteils (ca. 80 %) von der **LfL** Bayern zugeliefert. Diese Daten wurden dann mit den Daten der **vit** Herdbuchzentraldatei zusammengespielt und abgeglichen. Alle weiteren Auswertungen im Monitoringverfahren sind gleich wie bei allen anderen Rassen.

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Limpurger (LIM, Rassecode=17) wurden zunächst alle seit 1990 registrierten Geburten bzw. Tiere seit Geburtsjahr 1990 bereitgestellt. In Tabelle 1 sind alle geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. Aus den vollständigen Jahrgängen 2000 bis 2007 ist ersichtlich, dass pro Jahr ca. 200 bis 300 Kälber geboren werden, mit leicht steigender Tendenz.

In Tabelle 2 ist eine regionale Verteilung der Geburten über die Bundesländer gegeben. Die Rasse ist ausschließlich in Baden-Württemberg (Region Hohenlohe) beheimatet.

In Tabelle 3 ist aufgelistet, welche Tiere davon Eltern geworden sind und welche Eltern wiederum heute noch leben. Die letzten 2 Spalten sind unter dem Vorbehalt zu betrachten, dass in den Ursprungsdateien alle Abgangsdaten vollständig verzeichnet sind.

Die Ausgangsbasis für das Genetische Monitoring bilden alle lebenden Eltern seit 2001 (aktuelles Jahr - 9). Diese Tiere sind als jüngste Elterngeneration (1) bzw. aktuelle Zuchtpopulation zu sehen und sollten selbst noch nicht als Großeltern im Datenmaterial erscheinen.



---

---

## 1 ÜBERSICHT DATENGRUNDLAGE

---

---

Jahrgang	männlich	weiblich
1990	7	87
1991	15	135
1992	10	154
1993	7	254
1994	9	198
1995	13	199
1996	13	177
1997	14	172
1998	8	178
1999	35	168
2000	15	175
2001	14	190
2002	16	212
2003	25	257
2004	27	253
2005	18	318
2006	21	321
2007	7	354
2008	1	43
2009	0	0

Tabelle 1: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

Region	Anz.Tiere
Baden Württemberg	3.994
Bayern	126

<sup>1</sup> Neue Bundesländer

Tabelle 2: Verteilung der Tiere auf Regionen

Jahrgang	Alle		Eltern		noch lebende Eltern	
	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe
2001	14	190	14	95	1	92
2002	16	212	12	86	2	86
2003	25	257	21	109	21	108
2004	27	253	20	77	20	77
2005	18	318	14	55	14	55
2006	21	321	4	5	4	5
gesamt	121	1.551	85	427	62	423

Tabelle 3: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge

## 2 Pedigreevollständigkeit

Für die in Tabelle 3/Spalten 6 und 7 (noch lebende Eltern) genannte Ausgangseltern-generation wurden alle Ahnen bis 1950 zurück, sofern bekannt und plausibel, aus der Gesamtabstammungsdatei, generiert aus den Teildatenbeständen des **vit** und der **LfL**, herausgesucht. Die Pedigrees enden, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt.

Für eine korrekte Berechnung und Darstellung des Inzuchtzuwachses und der daraus abgeleiteten effektiven Populationsgröße sind Mindestanforderungen bezüglich Vollständigkeit und Tiefe der Pedigreeinformationen zu setzen. Um diesen Informationsgehalt zu quantifizieren, wird für jedes Tier der sogenannte Pedigree Completeness Index (PCI) berechnet (MacCluer 1983). Der PCI ist eine Relativzahl, die in Abhängigkeit zur geforderten Pedigreetiefe (Anzahl Ahnengenerationen) zu sehen ist. D.h., bei 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier den  $PCI=1$ , wenn alle 32 Ahnen bekannt sind.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1960 in Tabelle 4 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf eine Pedigreetiefe von 4 Ahnengenerationen. Für die Monitoringausgangspopulation (C) erreichen 58 männliche und 219 weibliche Tiere den geforderten  $PCI > 0,70$ . Damit ist die unterste Grenze erreicht, ab der noch ein assagefähiges genetisches Monitoring durchgeführt werden kann.

In Abbildung 1 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 4 nochmal graphisch dargestellt. Je aktueller die Geburtsjahrgänge desto höher sind die mittleren PCI der Tiere. Dieses Ergebnis ergibt sich automatisch aus den verfügbaren Pedigreeinformationen.

Tabelle 4: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1973	0	0.00	2	0.00
1974	0	0.00	2	0.00
1975	0	0.00	2	0.00
1976	0	0.00	1	0.00
1977	0	0.00	1	0.00
1978	0	0.00	1	0.00
1979	1	0.33	3	0.00
1980	0	0.00	1	0.00
1981	0	0.00	5	0.27
1982	0	0.00	5	0.00
1983	1	0.33	5	0.07
1984	0	0.00	7	0.19
1985	2	0.33	6	0.17
1986	0	0.00	7	0.21
1987	0	0.00	4	0.25
1988	4	0.48	17	0.42
1989	3	0.41	19	0.47
1990	3	0.53	20	0.50
1991	4	0.56	23	0.64
1992	2	0.46	19	0.63
1993	3	0.82	18	0.58
1994	5	0.87	25	0.60
1995	4	0.75	22	0.74
1996	6	0.84	25	0.73
1997	4	0.85	21	0.77
1998	4	0.89	26	0.81
1999	7	0.78	31	0.81
2000	6	0.89	21	0.83
2001	9	0.91	57	0.93
2002	5	0.91	42	0.95
2003	21	0.98	56	0.94
2004	18	0.96	37	0.96
2005	13	0.98	26	0.96
2006	4	0.93	1	0.91

Anzahl Tiere in Monitoring-Ausgangspopulation : 277

Grenzwert für PC-Index : 0.70

Bei Pedigreetiefe von : 3 Gen.

Erfüllt bei männl. Tieren : 58

Erfüllt bei weibl. Tieren : 219

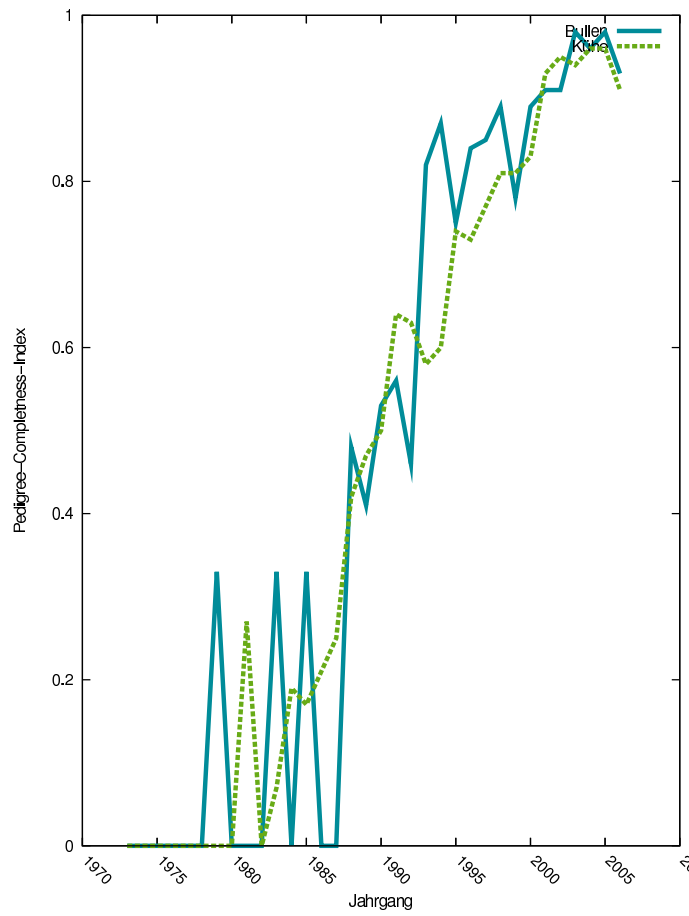


Abbildung 1: Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index

### 3 Genanteile

Für die Berechnung der Herkunftsgenanteile in den Tabellen 5 (Väter) und 6 (Mütter) wurden für alle Milchrinderrassen einheitlich die in den Spaltenköpfen genannten Rassen/Herkünfte definiert. Die Angaben beziehen sich auf die definierten Geburtsjahre der Ausgangsmonitoringpopulation (C). In Spalte 3 ist der mittlere Inzuchtgrad in den Jahrgängen ausgewiesen. In den folgenden Spalten die Herkunftsgenanteile in Prozent, die sich innerhalb Zeile zu 100 aufaddieren.

Die Pedigreedaten der Limpurger beinhalten nur eine Rasseangabe bei den Ahnen, wenn diese Ahnen selbst der Rasse Limpurger angehören. Ansonsten ist bei Ahnen anderer Rassen das Rassefeld leer. Aus Tabelle 5 und 6 kann daher der Fremdgenanteil nur als Ganzes in der letzten Spalte angegeben werden. Dieser Fremdgenanteil ist jedoch nur korrekt, wenn wirklich alle Ahnen mit Rassefeld unbekannt auch einer anderen Rasse angehören. Der Fremdgenanteil ist überschätzt, sofern diese Ahnen mit Rassecode = 00 auch Limpurger sind.





Jahrgang	Anzahl Tiere	Inzuchtgrad	Genanteile der Rassen in Prozent																
			Holstein/Schwarzbunt, Europa	Holstein/Rotbunt, Europa	Jersey	Braunvieh/Brown Swiss	Rotvieh/Angler (5/6)	Rotes Hoehenvieh (71)	Limpurger	Glanrind	Doppelnutzung Rotbunt (DN)	Dr. Schwarzb. Niederungsstr.	Fleckvieh	Holstein, Nordamerika	Skandinavisches Rotvieh	Andere Milchrassen	Andere Fleischrassen	Sonstige/Unbekannt	
2001	56	3.42	-	-	-	-	-	-	-	45.20	-	-	-	-	-	-	-	-	54.80
2002	41	3.04	-	-	-	-	-	-	-	43.56	-	-	-	-	-	-	-	-	56.44
2003	55	4.02	-	-	-	-	-	-	-	44.47	-	-	-	-	-	-	-	-	55.53
2004	37	4.24	-	-	-	-	-	-	-	41.91	-	-	-	-	-	-	-	-	58.09
2005	26	4.56	-	-	-	-	-	-	-	44.47	-	-	-	-	-	-	-	-	55.53
2006	1	1.17	-	-	-	-	-	-	-	57.03	-	-	-	-	-	-	-	-	42.97

Tabelle 6: Mittlere Genanteile der Kühe in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999)

## 4 Generationsintervall

In einer weiteren Analyse werden die Generationsintervalle in den vier Selektionspfaden Bullenväter, Bullenmütter, Kuhväter und Kuhmütter ermittelt. Das Generationsintervall ergibt sich aus dem mittleren Alter der Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die in Tabelle 7 angegebenen Werte beziehen sich wiederum auf das mittlere Alter (in Jahren) der Eltern der Ausgangsgeneration der Monitoringpopulation (C). Das mittlere Generationsintervall ist als ungewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße benötigt, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich direkt mit der effektiven Populationsgröße zusammenhängt.

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Bullenväter	58	5.81
Bullenmütter	58	6.12
Kuhväter	219	5.72
Kuhmütter	219	5.42

Tabelle 7: Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade 5.77

## 5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres drückt die mittlere Wahrscheinlichkeit herkunftsgleicher Allele an einem Genort aus. Er ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene und damit leider auch von Erbfehlern.

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere einbezogen, die einen PCI > 0,70 bezogen auf 4 Ahnengenerationen aufweisen. Damit ist gewährleistet, dass bei allen Tieren aufgrund der verfügbaren Pedigreeinformation auf Vater- und Mutterseite eine vergleichbare Chance besteht Inzucht überhaupt zu berechnen - sofern tatsächlich vorhanden.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 2 ist die Verteilung aller Tiere und Ahnen in der Monitoringpopulation (helle Balken) sowie der Tiere mit PCI > 0,70 (dunkle Balken) ersichtlich. Wie nicht anders zu erwarten, nimmt der Anteil Tiere, die bezüglich PCI die Anforderungen erfüllen, ab, je weiter wir in den Geburtsjahrgängen zurückgehen.

Bei den Limpurgern verbleiben aufgrund der PCI-Anforderung nur noch ca. die Hälfte der Tiere für die Berechnung der effektiven Populationsgröße (Abbildung 2).

Die effektive Populationsgröße ist nach der von Wooliams beschriebenen Methode als Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet.

Aus dem in Abbildung 3 dargestellten Inzuchtanstieg kann eine effektive Populationsgröße von 108 Tieren abgeleitet werden. Dieser Wert liegt noch relativ hoch im Vergleich zu anderen Rassen mit ähnlicher Gefährdungssituation.

Die berechnete Anzahl effektiver Foundertiere mit  $f_e = 38$  weist jedoch auf eine wesentlich stärkere genetische Verengung hin. Die Anzahl effektiver Ahnen mit  $f_a = 16$  geschätzt, bestärken diese Bewertung noch mehr. Auf Grund der geringen Ausgangspopulationsgröße sind diese Werte unsicher geschätzt und entsprechend vorsichtig zu interpretieren.

Als Ahnen mit den höchsten marginalen Genbeiträgen in der Ausgangsgeneration der Monitoringpopulation (C) sind zu nennen:

Herzog (276000809619450), geb. 1985, Genbeitrag: 13,2 %

Name unbek. (276000803621313), geb. 1985, Genbeitrag: 12,9 %

Name unbek. (276000803617867), geb. 1983, Genbeitrag: 8,3 %

Auf Grund dieser Werte wird deutlich, dass die ohnehin schon kleine Population ab 1985 eine zusätzliche genetische Verengung erfahren hat (Flaschenhalseffekt).

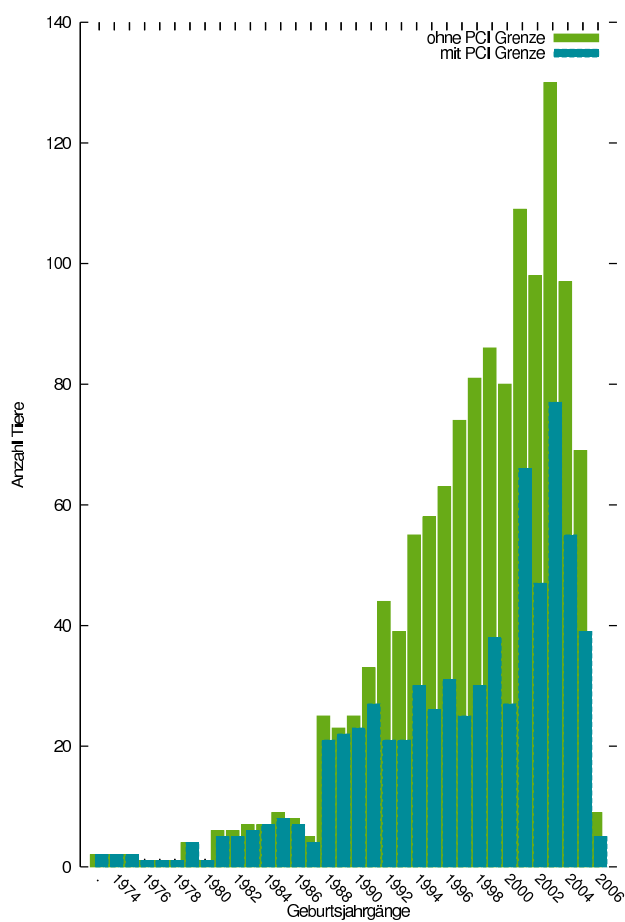


Abbildung 2: Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI > 0.70 auf Geburtsjahrgang

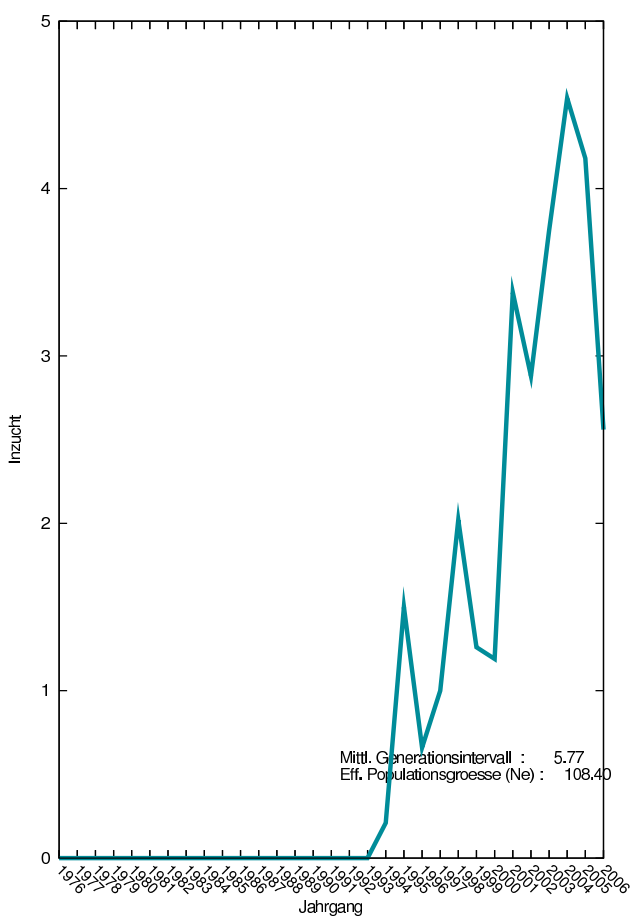


Abbildung 3: Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen

## 6 Bewertung der Ergebnisse

Von den insgesamt über 3000 in den Abstammungsdateien der **LfL** und des **vit** noch registrierten Tieren erfüllen nur 277 Ausgangstiere (aktive lebende Zuchtpopulation) die Anforderungen bezüglich Mindest-Pedigreevollständigkeit (3 Generationen). Aus diesen und ihren Ahnen wird eine  $N_e I = 108$  berechnet. Dieser für die noch lebende Population doch sehr hohe Wert ist durch die geringe Pedigreetiefe zu erklären. Aus der selben Datengrundlage berechnen sich nur noch 16 effektive Ahnen.

# Monitoring tiergenetischer Ressourcen

–MURNAU–WERDENFELSER–



herausgegeben von  
Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft  
27. April 2010



**Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

**Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V. (ADR)

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL)

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (VIT)

Quelle Titelbild: LfL



# Inhaltsverzeichnis

1	Anerkannte Zuchtverbände . . . . .	4
2	Rassebeschreibung . . . . .	5
3	Zuchtgeschichte . . . . .	6
4	Zuchtprogramm . . . . .	7
5	Zuchtziel . . . . .	7
6	Heutiger Stand . . . . .	8
7	Verwendete Datensätze . . . . .	8
8	Beschreibende Analyse der aktuellen Population . . . . .	10
9	Berechnung und Analyse der Populationsparameter . . . . .	14
9.1	Generationsintervall . . . . .	15
9.2	Pedigree-Vollständigkeit . . . . .	16
9.3	Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry . . . . .	19
9.4	Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge . . . . .	19
10	Interpretation der Ergebnisse . . . . .	22
11	Erbfehler beim Rind . . . . .	24
11.1	Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind . . . . .	24
11.2	Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Murnau–Werdenfelser	27
	<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>29</b>

# 1 Anerkannte Zuchtverbände

## **Weilheimer Zuchtverbände e.V.**

Waisenhausstr. 5

82362 Weilheim

Tel.: 0881/98998-0

email: [zuchtverband.weilheim@alf-wm.bayern.de](mailto:zuchtverband.weilheim@alf-wm.bayern.de)

[www.lbr.bayern.de/zv-weilheim](http://www.lbr.bayern.de/zv-weilheim)



## 2 Rassebeschreibung



Abb. 2.1: Murnau–Werdenfelser–Kuh, Quelle: LfL

Murnau–Werdenfelser sind die einzigen autochthonen Rinder in Bayern. Sie werden als milchbetontes Zweinutzungsrind gezüchtet. Sie stehen nach wie vor im Typ einer robusten Landrasse, obwohl mehrmals milchbetonte Rassen wie Braunvieh und Fleckvieh eingekreuzt wurden.

Murnau-Werdenfelser sind einfarbig gelb bis rotbraun, wobei die Bullen meist dunkler sind als die Kühe. Häufig haben die Tiere einen hellen Aalstrich. Das dunkle Flotzmaul ist hell gesäumt. Die Klauen, Hornspitzen und die Schwanzquaste sind schwarz. Mit Widerristhöhen zwischen 128 (Kuh) und 145 cm (Bulle) gehört die Rasse zu den mittelrahmigen Rassen.

Murnau–Werdenfelser sind spätreif, allerdings sehr fruchtbar und langlebig. Sie sind vital, haben harte Klauen und feste Gelenke und kommen mit den typischen moorigen Weidebedingungen ihres ursprünglichen Zuchtgebietes sehr gut zurecht.

Die Kühe erbringen beachtliche Milchleistungen aus Grundfutter von 4300 kg mit 3,7

% Fett und 3,4 % Eiweiß. Die Milch weist die größte genetische Variabilität an Milchproteinen aller Rinderrassen auf. Vor allem durch das hohe Vorkommen an beta-Laktoglobulin D und dem einzigartigen Vorkommen von beta-Laktoglobulin W heben sich die Murnau-Werdenfelser von anderen Rinderrassen ab.

## 3 Zuchtgeschichte

Ursprungsgebiet für die Rasse Murnau-Werdenfelser ist der Landkreis Garmisch und das Werdenfelser Land. Die Rasse ist aus Kreuzungen aus Oberinntaler Vieh und Braunvieh entstanden. Später erfolgten Einkreuzungen mit Graubündnern, Montafonern, Ellinger Vieh und Murbodnern [SAMBRAUS 1999].

Murnau-Werdenfelser waren vor allem bekannt für die beachtliche Zugleistung der Ochsen, was in der zweiten Hälfte des 19. Jahrhunderts zu einem Mangel an Bullen führte. Es wurden daher vermehrt Bullen der Rassen Ellinger Vieh, Gelbvieh, Braunvieh und Montafoner eingekreuzt. Die ursprünglichen Zuchtgebiete Garmisch und Murnau blieben jedoch weitgehend reinrassig.

Im Jahr 1901 wurde der Zuchtverband für einfarbiges Gebirgsvieh in Oberbayern gegründet. Bedingt durch die Kriegswirren des ersten Weltkriegs und die nach dem Weltkrieg ausbrechenden Seuchen wie Brucellose und Tuberkulose kam die züchterische Arbeit des Zuchtverbandes weitgehend zum Erliegen. Im Jahr 1952 wurde schließlich ein eigenständiger Zuchtverband für das Murnau-Werdenfelser Vieh gegründet [SAMBRAUS 2001]. Um dem Anspruch nach gesteigerter Milchleistung nachkommen zu können, stellten schon früh viele Züchter auf Braunvieh oder Fleckvieh um. Besonders nach 1960 erfolgte eine zügige Umstellung. Nachteilig wirkte sich der Vergleich von Murnau-Werdenfelsern mit Braunvieh oder Fleckvieh vor allem durch die schlechten Standortbedingungen der Murnau-Werdenfelser aus, die eine hohe Milchleistung trotz vorhandenem genetischen Potential nicht zuließen.

Seit Anfang der Achtziger Jahre wird für die Murnau-Werdenfelser eine Haltungsprämie gezahlt. Es gibt heute etwa noch 80 Betriebe, die Murnau-Werdenfelser Vieh züchten, meist in Betrieben, die noch weitere Rassen halten. Die meisten Tiere wer-

den nach wie vor in Garmisch–Partenkirchen und Mittenwald gehalten.

Das Murnau–Werdenfeler Rind ist die einzige autochthone Rasse Bayerns.

## 4 Zuchtprogramm

Um das Problem der Inzucht in einer so kleinen Population wie den Murnau–Werdenfelson in den Griff zu bekommen, werden die Tiere gezielt verpaart. Bullenkälber aus Herdbuch- und Landeszuchtbetrieben werden für die Nachkommenprüfung herangezogen. Die besten dieser Bullen kommen später in der künstlichen Besamung und im Natursprung zum Einsatz.

Zum Erhalt einer staatlichen Genreserve wurden Embryonen und Sperma verschiedener Blutlinien eingelagert.

## 5 Zuchtziel

Das Zuchtziel des Murnau–Werdenfeler Rindes konzentriert sich auf eine milchbetonte Doppelnutzung. Die mittlere Jahresmilchleistung sollte bei ca. 4500 kg mit 3,36 % Eiweiß und 3,75 % Fett liegen.

Die gewünschte Schlachtausbeute der Mastbullen liegt bei 59 %. Das Fleisch ist feinfaserig, gut marmoriert und hat einen ausgezeichneten Geschmack.

Bei den funktionalen Merkmalen spielen vor Langlebigkeit, gutes Fundament und gute Fruchtbarkeit eine Rolle.

Die im Zuchtziel festgelegten Körpermaße betragen für die Widerristhöhe 138 - 148 cm bei Bullen und 128 - 138 cm bei Kühen sowie für das Körpergewicht 850 - 950 kg bei Bullen und 500 - 600 kg bei Kühen.

## 6 Heutiger Stand

Im Jahr 2008 wurden insgesamt 1150 Tiere der Rasse Murnau–Werdenfelser gehalten, wovon 460 Kühe waren.<sup>1</sup> Alle Tiere dieser Rasse wurden in Bayern gehalten.

Es gab 9 Herdbuch–Betriebe in denen 118 Kühe standen. Der Anteil an Kühen, die in der Milchleistungsprüfung erfasst wurden, lag bei 37,8 %. 91 Tiere gehörten zur aktiven Zuchtpopulation. Der Anteil der künstlichen Besamung belief sich auf 61 %, der Anteil der Kühe, die unter MLP standen und künstlich besamt wurden machte 19,8 % der Gesamtpopulation aus.

Nachfolgend sind einige Leistungsparameter der MLP-Kühe aufgelistet.

- Durchschnittliche jährliche Milchleistung 3989 kg,
- 3,73 % Fett und 3,30 % Eiweiß,
- Erstkalbealter 36 Monate,
- Zwischenkalbezeit 407 Tage,
- Durchschnittsalter 6,1 Jahre,
- Durchschnittliches Abgangsalter 7,3 Jahre.

## 7 Verwendete Datensätze

Für die nachfolgenden Analysen wurden 3 verschiedene Datensätze verwendet.

### **Datensatz A**

Für die statistische und deskriptive Analyse der Population (vgl. Kapitel 8) kam der Datensatz A zur Verwendung. Der komplette Datensatz wurde aus zentralen Datenbanken ausgezogen und auf Plausibilität geprüft. Im Datensatz A sind Tiere enthalten, die in den letzten 10 vollständig besetzten Geburtsjahrgängen geboren wurden und

---

<sup>1</sup>Alle Angaben dieses Kapitels sind dem ASR Jahresbericht 2008 entnommen [ASR 2009].

unter Milchleistungsprüfung standen. Es konnten somit deskriptive Analysen für diesen Zeitraum gemacht werden. Entwicklungen und Verläufe, die an der untersuchten Population beobachtet werden können, konnten so über einen ausreichend großen Zeitraum dargestellt und analysiert werden. Gleichzeitig ist der Bezug zur lebenden, aktiven Zuchtpopulation gegeben, da viele der Tiere im untersuchten Datensatz noch während der Analyse zur lebenden Zuchtpopulation gehörten. Ein ausschließliches Betrachten der lebenden Zuchttiere ist für die deskriptive Datenanalyse jedoch nicht sinnvoll. Ein zu kurzer Untersuchungszeitraum und eine nicht ausreichende Besetzung der Jahrgänge würde für eine fundierte Analyse nicht ausreichen.

### **Datensatz B**

Die Berechnung der Populationsparameter wie Inzucht und effektive Populationsgröße erfolgte auf der Grundlage eines weiteren Datensatzes B. Dieser Datensatz B umfasst alle Tiere der aktuellen Population samt Abstammungen bis zur definierten Basis (Geburtsjahrgang 1950). Als zur aktuellen Population zugehörig wurden alle Tiere behandelt, die zur letzten Generation aktiver Zuchttiere gehörten. Es wurde dazu wieder vom letzten vollbesetzten Geburtsjahrgang ausgegangen und eine Generation zurückgegangen.

Um eine Vereinheitlichung zwischen den Rassen zu erreichen, wurde die Generationslänge für die Generierung des Datensatzes auf 6 Jahre festgelegt. Die tatsächliche Generationslänge kann natürlich von Rasse zu Rasse abweichen.

Für die Tiere, die in dem festgelegten Zeitraum von 6 Jahren geboren wurden, wurde das Pedigree bis zur definierten Basis aufgebaut.

### **Datensatz C**

Um einen Datensatz verwenden zu können, der nur Tiere berücksichtigt, die ein möglichst vollständiges Murnau–Werdenfelser–Pedigree aufweisen, wurde ein weiterer Datensatz C erstellt, der ein Sub–Datensatz des Datensatzes B ist. Der Datensatz C wurde ebenfalls zur Berechnung der Populationsparameter verwendet. Somit konnten die Ergebnisse beider Datensätze direkt gegenüber gestellt werden.

Im Datensatz B werden Einkreuzungen fremder Rassen als Genzufluss aus einer un-

verwandten Basis betrachtet (Immigration). Immigration kann bereits in geringem Umfang den Inzuchtanstieg abbremsen und führt somit zu höheren Schätzwerten für die inzuchteffektive Populationgröße. Dies kann zu Fehleinschätzungen der Entwicklung der rassespezifischen Diversität führen. Im Datensatz C wurde deshalb unter Verwendung des Kriteriums des ‚pedigree completeness index‘ (PCI) die Gesamtbetrachtung auf die Tiere der aktuellen Population eingeschränkt, die über ein ausreichend tiefes rassespezifisches Pedigree verfügen (PCI von 0.7 auf 4 Generationen). Ein Vergleich der Ergebnisse basierend auf den Datenbeständen B und C erlaubt somit eine ungefähre Abschätzung des Effektes von Immigration auf den Inzuchtanstieg. Ergebnisse basierend auf Datensatz C dürften allerdings mehr Aussagekraft in Bezug auf die Entwicklungen einer rassespezifischen ‚Kernpopulation‘ haben.

## 8 Beschreibende Analyse der aktuellen Population

Für die nachfolgenden Analysen wurde der Datensatz A als Berechnungsbasis herangezogen (siehe Kapitel 7). Es wurden Daten von Tieren der Geburtsjahrgänge 1997 bis 2006 untersucht. Der Datensatz A bestand aus insgesamt 1851 Tieren (1681 weibliche und 170 männliche). In der untersuchten 10-Jahresperiode wurden insgesamt 172 Väter und 861 Mütter eingesetzt.

Um einen vollständigeren Überblick über das verwendete Datenmaterial zu gewinnen, dient die Tabelle 8.1. Für jeden Geburtsjahrgang ist die Anzahl der in diesem Jahr geborenen Tiere abgetragen. Weiterhin sind in den folgenden Spalten die Anzahl der in diesem Geburtsjahrgang eingesetzten Mütter und der eingesetzten Väter abgetragen. Mütter und Väter können demnach mehrfach gezählt werden, wenn sie in mehreren Jahren zum Einsatz kommen. Für die im jeweiligen Geburtsjahrgang der untersuchten Tiere eingesetzten Väter sind weiterhin die minimale, maximale und durchschnittliche Anzahl von Nachkommen aufgelistet. In der zweiten Tabellenhälfte sind dieselben Angaben enthalten, allerdings werden für diese Berechnungen ausschließlich Tiere verwendet, deren Vater und Mutter Murnau–Werdenfelser-Tiere



sind.

Tab. 8.1: Anzahl der Tiere mit Eltern für die gesamte Population und für Tiere mit Murnau-Werdenfelser (MW) Eltern (GJ=Geburtsjahr, n Mütter=Anzahl Mütter, Min., Max., Mitt.= minimale, maximale und mittlere Anzahl Nachkommen je Vater im jeweiligen Geburtsjahrgang)

GJ	Alle Tiere						Nur Tiere mit MW-Eltern					
	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.
1997	184	128	31	1	34	4	90	90	14	1	31	6
1998	213	154	24	1	36	6	125	120	18	1	34	7
1999	221	169	37	1	21	4	134	131	25	1	20	5
2000	202	156	34	1	20	4	119	116	24	1	15	5
2001	156	121	28	1	19	4	83	82	15	1	15	6
2002	168	137	29	1	29	4	95	92	17	1	17	6
2003	169	145	34	1	16	4	89	88	20	1	15	4
2004	169	145	31	1	16	4	77	77	17	1	12	5
2005	177	162	28	1	21	4	83	82	14	1	17	6
2006	192	180	28	1	18	5	73	71	15	1	13	5

Die Anzahl der Jahre, in denen ein Vater– bzw. Muttertier eingesetzt wurde, liegt bei 2.16 Jahren für die Väter und bei 2.73 Jahren für die Mütter.

In der Abbildung 8.1 ist die absolute Anzahl von Tieren im verwendeten Datensatz unterteilt nach Rassezugehörigkeit des Vaters gezeigt.

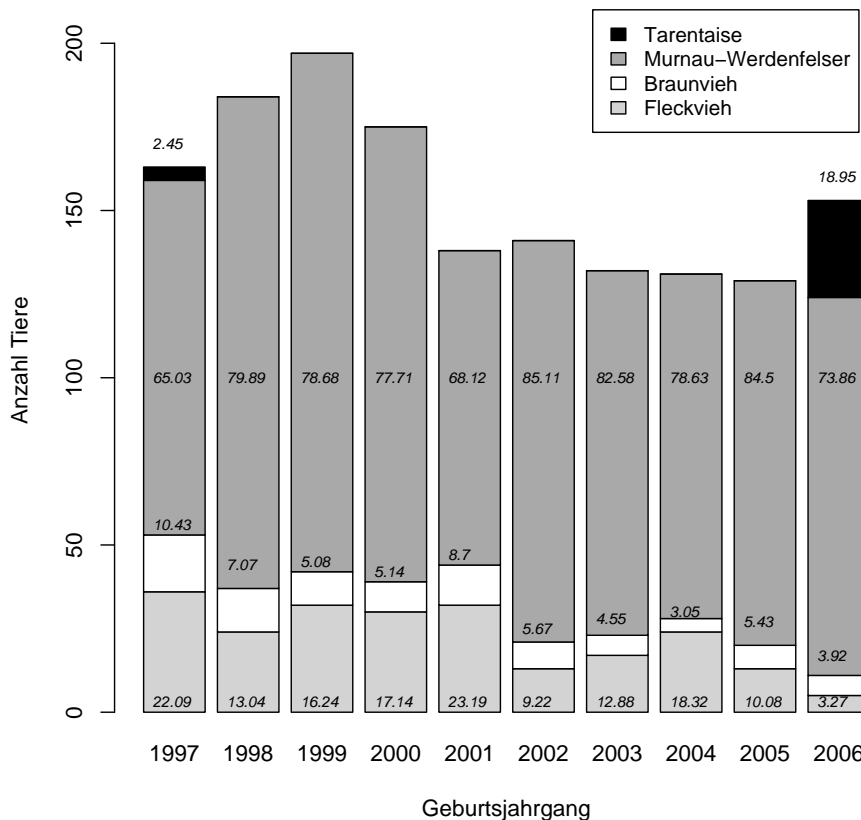


Abb. 8.1: Absolute Anzahl der Tiere im Datensatz und Rassezugehörigkeit (in Prozent) ihrer Väter

Einen Überblick über die Rassezugehörigkeit und die Herkunft der eingesetzten Väter gibt die Tabelle 8.2. In der Tabelle ist sowohl die Anzahl der eingesetzten Väter als auch die Anzahl der Nachkommen dargestellt.

Tab. 8.2: *Herkunftsland und -rasse der Väter (AUT = Österreich, FRA = Frankreich, DEU = Deutschland, ITA = Italien, NLD = Niederlande, Zahl vor Schrägstrich = Anzahl Väter, Zahl hinter Schrägstrich = Anzahl Nachkommen)*

Herkunft	Total	Fleckv.	Braunv.	M.-W.	Lim.	Tarentaise	Sonst.
AUT	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	1/1
FRA	6/32	0/0	0/0	0/0	0/0	3/29	3/3
DEU	162/1301	53/82	13/13	74/1171	6/11	2/4	17/20
ITA	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	1/1
NLD	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	1/1

## 9 Berechnung und Analyse der Populationsparameter

Grundlage für die Berechnungen der Populationsparameter waren der Datensatz B (siehe Kapitel 7), als auch der Datensatz C, bei dem die aktuelle Population auf Basis des PCI eingeschränkt wurde. Es konnten so beide Populationen (Murnau–Werdenfelser–Population mit Einkreuzung rassefremder Tiere (Datensatz B) und Murnau–Werdenfelser–Population mit tiefem Murnau–Werdenfelser–Pedigree (Datensatz C)) direkt miteinander verglichen und die Ergebnisse gegenübergestellt werden.

Die Auswahl der aktuellen Population erfolgte im aktuellen Bericht für den Zeitraum von 2000 bis 2005. In der aktuellen Population von Datensatz B befanden sich 1088 Tiere und von Datensatz C 658 Tiere. Für die gesamte Population betrachtet (aktuelle Population samt Pedigree) ergaben sich Populationsgrößen von 2035 Tieren im Datensatz B und 1413 Tieren im Datensatz C. Das bedeutet, dass 31 % der im ursprünglichen Datensatz B befindlichen Tiere durch die Einschränkung mittels PCI ausgeschlossen wurden, obwohl bei dieser Rasse das Einschränkungskriterium PCI nur für eine Pedigreetiefe von 4 Generationen berechnet wurde.

Die Besetzung der Geburtsjahrgänge für die Datensätze B und C wird in Abbildung 9.1 dargestellt. Der sprunghafte Anstieg der Tierzahlen im Jahr 2000 ist dadurch begründet, dass ab diesem Jahr alle Tiere, die sich in der Zuchtpopulation befanden, berücksichtigt werden. Von 1950 bis 2000 sind lediglich deren Vorfahren vorhanden.

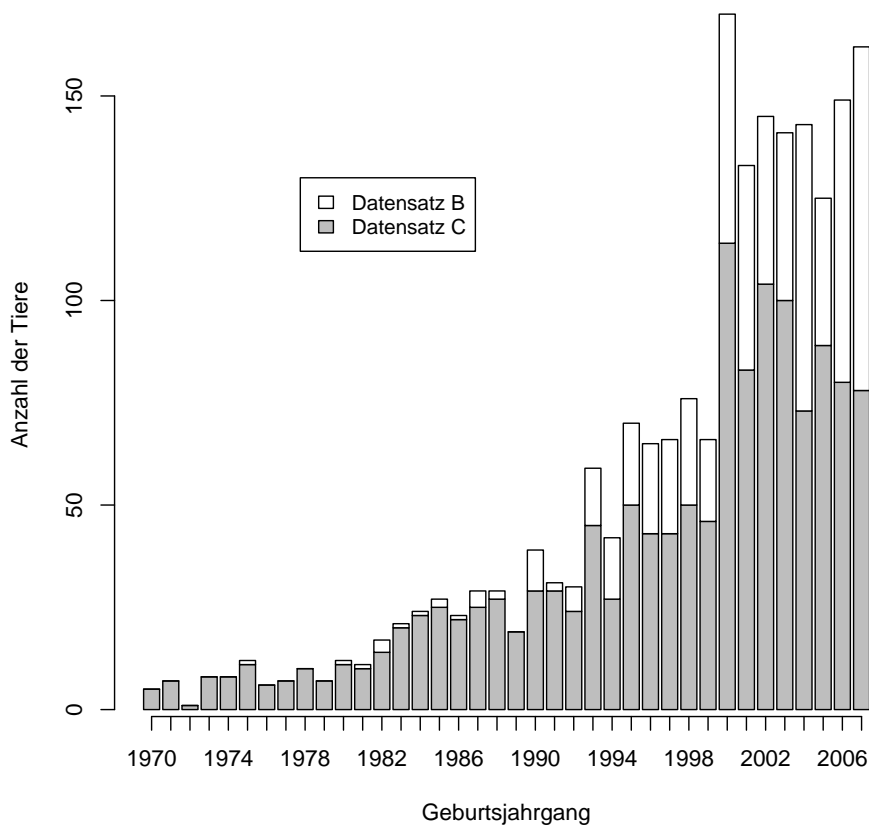


Abb. 9.1: Besetzung der Geburtsjahrgänge für Datensatz B und Datensatz C

## 9.1 Generationsintervall

Das Generationsintervall wurde für den Zeitraum von 1982 bis 2000 berechnet. Dieses Zeitfenster wurde gewählt um sicherzustellen, dass vollständige Generationen berechnet werden können. In der folgenden Abbildung 9.2 ist der Verlauf der Generationsintervalle berechnet für die 4 Vererbungspfade dargestellt. Aus den Einzelwerten für die 4 Vererbungspfade wurde über die Jahre ein arithmetisches Mittel berechnet. Das sich daraus ergebene mittlere Generationsintervall für die Murnau–Werdenfelser–Population lag bei 8.02 Jahren.

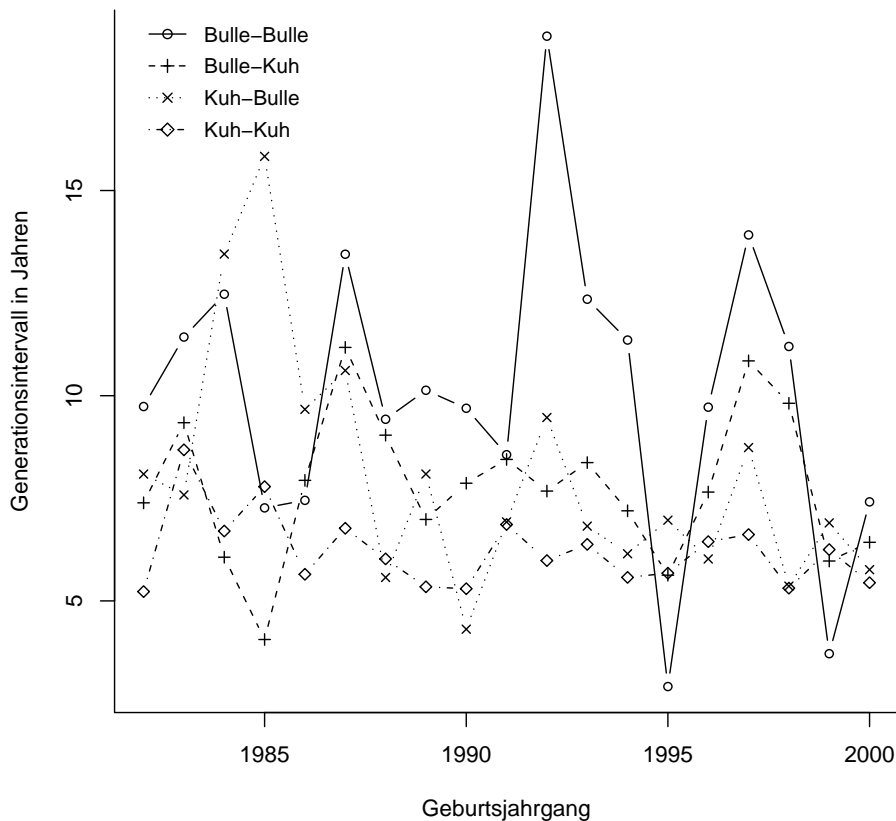


Abb. 9.2: Verlauf des Generationsintervalles für die vier Vererbungspfade für die Geburtsjahrgänge 1982 bis 2000

Tab. 9.1: Mittleres Generationsintervall in Jahren für jeden Vererbungspfad, berechnet für den Zeitraum von 1982 bis 2000

Bulle-Bulle	Bulle-Kuh	Kuh-Bulle	Kuh-Kuh
10.05	7.78	8.02	6.21

## 9.2 Pedigree-Vollständigkeit

Um gezielte Aussagen über die Inzuchtentwicklung und die daraus resultierenden Parameter gewinnen zu können, wurde die vorliegende Population im Datensatz B auf Vollständigkeit des Pedigrees, den Pedigree Completeness Index (PCI), hin untersucht.

Es wurde eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen gefordert, sowie verschiedene

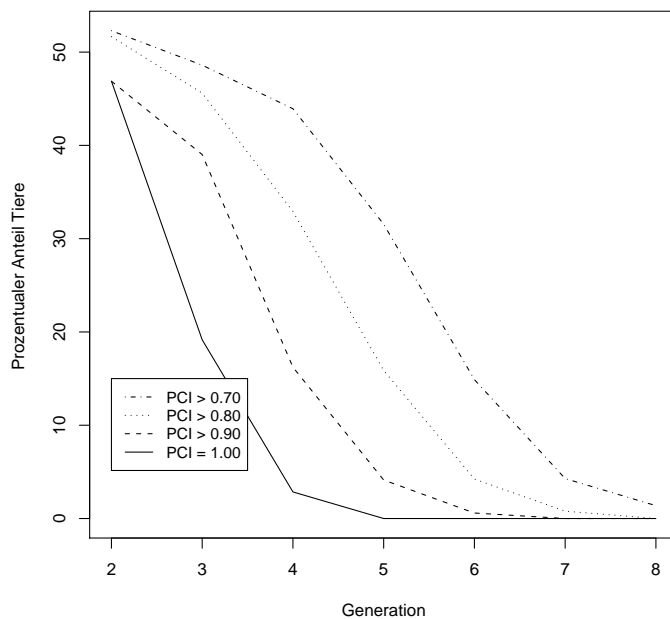


Abb. 9.3: Prozentualer Anteil der Tiere des gesamten Datensatzes B mit einem PCI  $> 0.70$  für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

Mindestwerte für den PCI. In den Abbildungen 9.3 und 9.4 ist jeweils der prozentuale Anteil der Tiere dargestellt, die für die jeweilige Pedigreetiefe die geforderten Mindestwerte erfüllen. In der Abbildung 9.3 werden alle Tiere im gesamten Pedigree der aktuellen Population berücksichtigt, in Abbildung 9.4 wird die Pedigree Completeness nur für Tiere berechnet, die sich in der aktuellen Population befinden, also zur letzten Generation gehören. Da diese Tiere ein tieferes und vollständigeres Pedigree aufweisen, erhöhen sich die prozentualen Anteile von Tieren, die die geforderten Mindestwerte erreichen.

Der Verlauf der PCI über die Geburtsjahrgänge für eine Pedigreetiefe von 2 Generationen ist für die beiden verwendeten Datensätze gemeinsam in Abbildung 9.5 dargestellt.

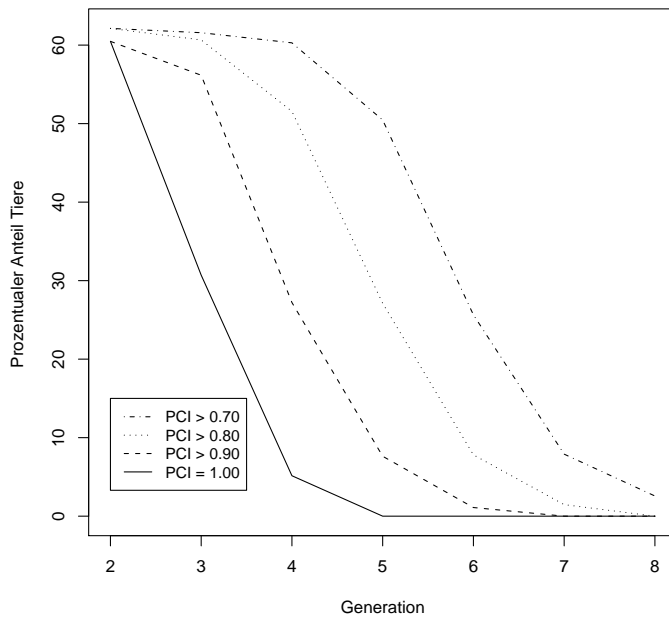


Abb. 9.4: Prozentualer Anteil der Tiere der aktuellen Population des Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

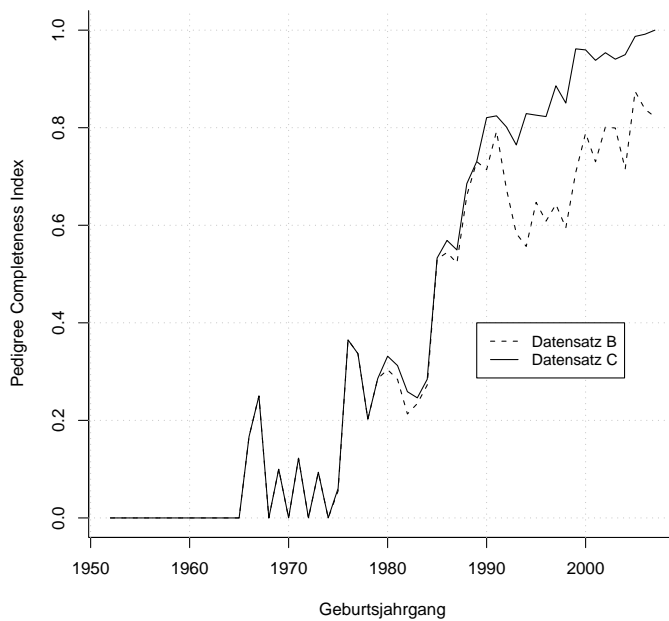


Abb. 9.5: Verlauf des Pedigree Completeness Index berechnet für beide Datensätze mit einer Pedigreetiefe von 2 Generationen



### 9.3 Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry

Die effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) wurde sowohl auf Basis der Inzucht als auch auf Basis der Coancestry berechnet. Es sollte dadurch erreicht werden, eventuelle Differenzen zwischen beiden Methoden sichtbar zu machen und so z.B. gezielt in der Population betriebene Inzuchtvermeidung aufzudecken. In der Abbildung 9.6 sind die Kurvenverläufe der Inzucht und Coancestry dargestellt. Weiterhin ist die effektive Populationsgröße in der jeweiligen Grafik abgetragen. Für die Berechnung der effektiven Populationsgröße wurde das Jahr 1990 als Basisjahr für die Regression festgelegt. Es kann so davon ausgegangen werden, dass die Jahrgänge ausreichend besetzt sind und die Abstammungen weitgehend vollständig sind. Das Generationsintervall, das für die Berechnung ebenfalls benötigt wurde, betrug 8.02 Jahre (vgl. Kapitel 9.1). Um vergleichende Aussagen zwischen Rassen treffen zu können, wurde das Verhältnis von tatsächlicher Populationsgröße der aktuellen Population und effektiver Populationsgröße aus Inzucht berechnet. Es betrug für den verwendeten Datensatz B 1:31 (effektiv:tatsächlich) und für den Datensatz C 1:32.

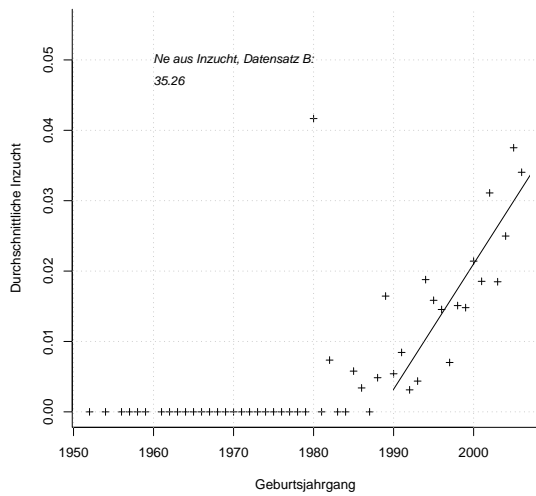
### 9.4 Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge

Für die Analyse der effektiven Anzahl der Basistiere (effective founders,  $f_e$ ) und der effektiven Anzahl der Ahnen (effective ancestors,  $f_a$ ) ergaben sich die in Tabelle 9.2 angegebenen Werte. Zusätzlich sind die Schätzwerte für die  $N_e$  angegeben.

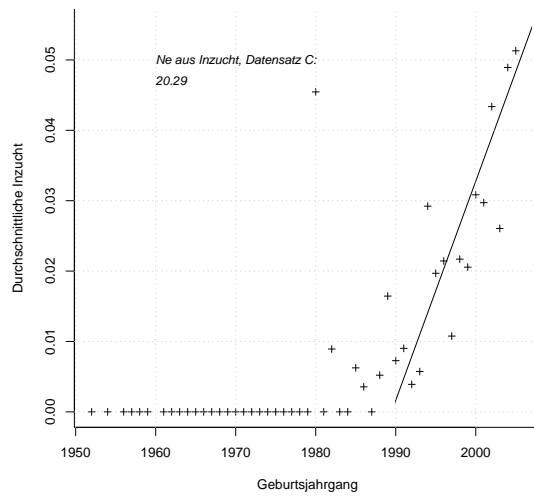
Tab. 9.2: Berechnete Populationsparameter

Parameter	Datensatz B	Datensatz C
$N_e$ aus Inzucht / $N_e$ aus Coancestry	35 / 83	20 / 34
$f_e$	50	34
$f_a$	22	13

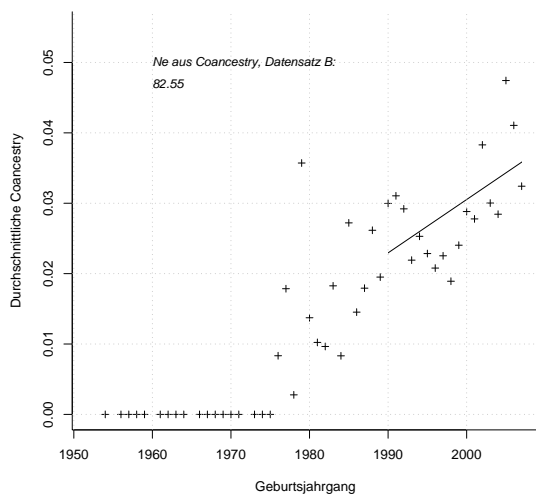
Um sich einen Überblick über eventuelle Flaschenhalsereignisse in der Population zu verschaffen, wurden die marginalisierten Beiträge der Ahnen berechnet. Der Verlauf



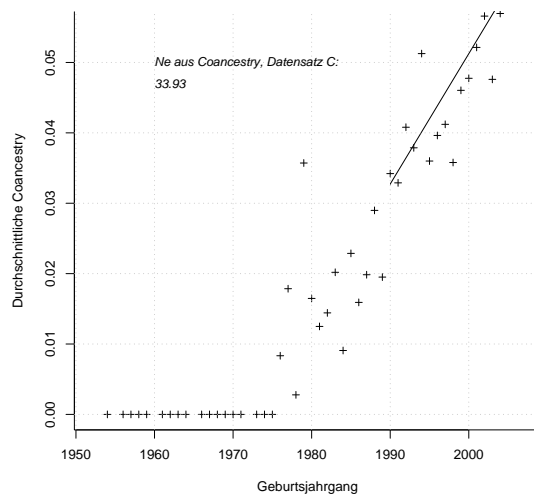
(a) Inzucht (Datensatz B)



(b) Inzucht (Datensatz C)



(c) Coancestry (Datensatz B)



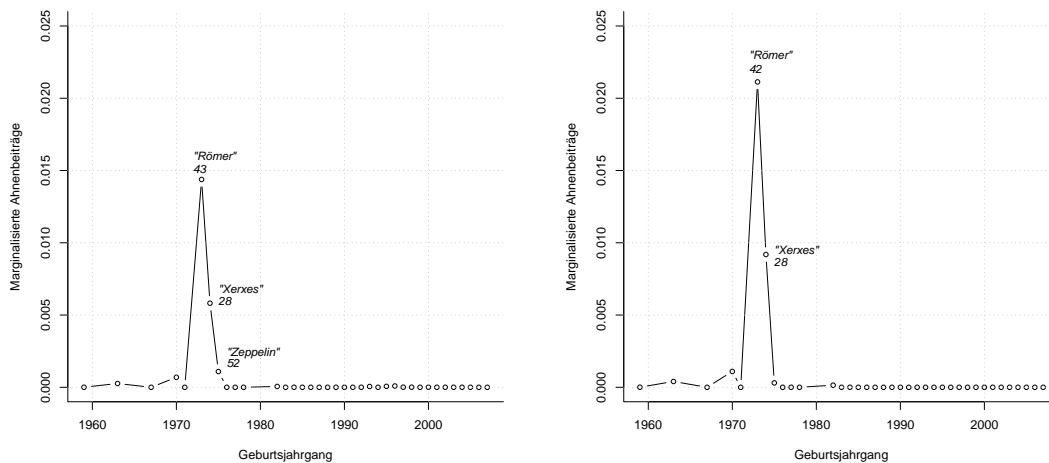
(d) Coancestry (Datensatz C)

Abb. 9.6: Verlauf der Inzucht und Coancestry getrennt nach Datensätzen

dieser Beiträge ist für die Bullen in der Abbildung 9.7 zu sehen. Über den ausgeprägtesten Peaks ist der dazugehörige Bulle namentlich erwähnt sowie die Anzahl seiner direkten Nachkommen.

Eine Übersicht über die Rassebeiträge an der aktuellen Population für die Datensätze B und C geben die Tabellen 9.3 und 9.4.

Um Aussagen über den zeitlichen Verlauf der Rassebeiträge machen zu können,



(a) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz B) (b) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz C)

Abb. 9.7: Darstellung der marginalisierten Ahnenbeiträge der Bullen in der Murnau-Werdenfelser-Population

wurden für Datensatz C die Rassebeiträge je Geburtsjahrgang für die Geburtsjahrgänge 1980 bis 2004 berechnet. Die Ergebnisse sind in Abbildung 9.8 dargestellt. Es muss bei der Interpretation beachtet werden, dass im Datensatz lediglich Murnau-Werdenfelser-Tiere der aktuellen Generation mit ihren Eltern enthalten sind.

Tab. 9.3: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz B)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Fleckvieh	1.46
Braunvieh	4.34
Murnau-W.	5.85
Holstein	6.37
Tarentaise	6.51
Sonstige	75.47

Tab. 9.4: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz C)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Braunvieh	3.11
Murnau-W.	3.29
Tarentaise	4.36
Sonstige	89.24

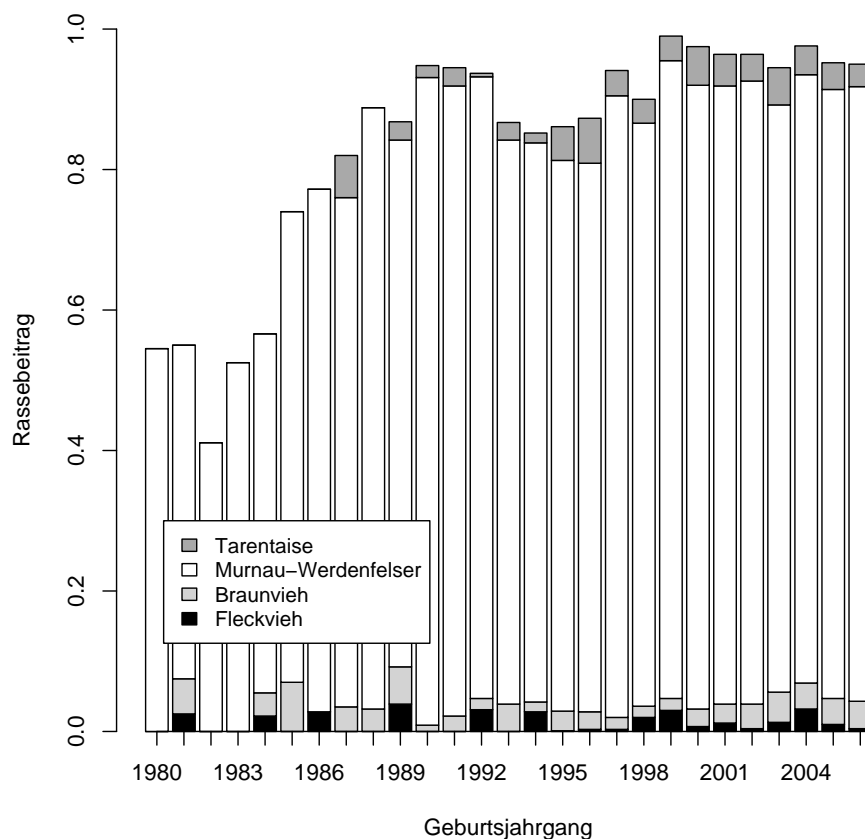


Abb. 9.8: Rassebeiträge im Verlauf über die Geburtsjahrgänge (Datensatz C)

## 10 Interpretation der Ergebnisse

Die Rasse Murnau–Werdenfelser ist eine sehr kleine und zudem regional begrenzte Rasse aus Südbayern. Die Anzahl jährlich geborener Tiere ist relativ stabil, jedoch insgesamt auf einem sehr niedrigen Niveau von etwa 130 geborenen Tieren je Jahrgang, die im Herdbuch geführt werden. Da sich die berechneten Werte für die Popu-

lationsparameter daher nur auf eine geringe Tierzahl je Jahrgang stützen, sollten die errechneten Zahlen mit Vorsicht interpretiert werden.

Wegen der insgesamt niedrigen Pedigree-Vollständigkeit wurde das PCI-Kriterium zur Erstellung des Datensatzes C gelockert und nur eine Pedigreetiefe von 4 Generationen für die Berechnung des PCI gefordert. Die geringen Tierzahlen je Jahrgang deuten sich auch in den unruhigen Kurvenverläufen der Inzucht- und Coancestrykoeffizienten an. Für den Datensatz C wurden erheblich steilere Kurvenverläufe berechnet, was sich auch in der niedrigeren  $N_e$  ausdrückt. Generell kann für diese Rasse eine inzuchteffektive Populationsgröße von etwa **30** angenommen werden.

Bei den Murnau-Werdenfelsen zeigen sich deutliche Unterschiede zwischen den beiden angewendeten  $N_e$ -Schätzwerten mit höheren Werten für die  $N_e$  basierend auf dem Anstieg der Coancestrykoeffizienten. Eine höhere  $N_e$  basierend auf dem Anstieg der Coancestrykoeffizienten wird häufig in Populationen beobachtet, in denen vorwiegend Natursprung praktiziert wird. Durch die Bildung von Natursprungherden entstehen Sub-Populationen, innerhalb derer die durchschnittliche Inzucht hoch ist und das Populationsmittel angehoben wird. Der Anstieg der Verwandtschaft zwischen den Tieren innerhalb einer Sub-Population ist allerdings im Durchschnitt niedrig, wodurch es zu höheren  $N_e$ -Schätzwerten basierend auf den Koeffizienten der Coancestry kommt. Wie schon erwähnt sind diese Interpretationen allerdings vage, da sie sich auf Werte stützen, die anhand sehr geringer Tierzahlen berechnet wurden.

Bei der Betrachtung der drift-relevanten Größen effektive Anzahl Founder und effektive Anzahl Ahnen fällt der niedrige Wert der effektiven Anzahl Ahnen auf, der auf gravierende Flaschenhalsereignisse in der Vergangenheit schließen läßt.

Es wird bei der Rasse Murnau-Werdenfelser davon ausgegangen, dass Abstammungen und vor allem die Rasse des jeweils im Pedigree vorkommenden Tieres nur unzureichend dokumentiert wurde. So läßt sich aus den hohen Rassebeiträgen der Sonstigen-Rassen (unter diese Kategorie fallen Tiere ohne Rassecode) der Foundertiere darauf schließen, dass die meisten dieser Foundertiere der Rasse Murnau-Werdenfelser angehörten, für diese allerdings kein Rassecode eingetragen wurde. Insgesamt deuten die Ergebnisse des Monitorings darauf hin, dass die Rasse Murnau-

Werdenfelser über lange Zeit im Hinblick auf eine nachhaltige Erhaltung der genetischen Ressourcen dieser Rasse wenig oder zu ineffizient bearbeitet wurde, obwohl schon zu Beginn der 1970er Jahre durch das Bayerische Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten mit der Gründung einer Mutterkuhherde als Genreserve der Grundstock gelegt wurde. Zusätzlich gibt es eine staatliche Förderung für die Erhaltung der Rasse. Sehr wahrscheinlich ist es aber diesen Maßnahmen mit zu verdanken, dass die Rasse als solche überhaupt noch existiert.

# 11 Erbfehler beim Rind

## 11.1 Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind

Unter Erbfehlern versteht man „Missbildungen und Störungen normaler Vorgänge, die ererbt worden sind“ [KRÄUSSLICH 1994]. Solche Missbildungen und Störungen treten vorwiegend prä-, peri- und postnatal auf, können sich aber auch erst später zeigen. Viele dieser Erbfehler sind letal und führen somit zu erheblichen wirtschaftlichen Einbußen in der Rinderhaltung.

Die meisten Erbfehler werden monogen homozygot rezessiv vererbt, wodurch die Häufigkeiten von Erbfehlern in Populationen sehr gering sind. Durch bestimmte Faktoren kann diese Häufigkeit allerdings durch Zufall erhöht werden. So kann z.B. ein übermäßiger Einsatz eines für einen Erbfehler heterozygoten aber sonst sehr leistungsstarken Besamungsbullen zu einer massiven Erhöhung des Auftretens dieses Erbfehlers nach einigen Generationen führen. Auch können sich homozygot unerwünschte Gene leichter ausbreiten, wenn sie in heterozygoten Tieren günstige Effekte bewirken. So wirkt sich z.B. das mutierte Gen beim Braunvieh, das homozygot zum Zwergenwuchs führt, bei heterozygoten Tieren in einem kleineren und gedrungenem Körperbau aus, was vor einigen Jahren dem Zuchtziel dieser Rasse entsprach. Ungewollt wurden also heterozygote Trägertiere des unerwünschten Gens selektiert. Ein weiteres Beispiel ist das Weaver-Gen bei Brown Swiss Rindern. Dieses Gen ist eng gekoppelt mit einem Gen, das zu erhöhter Milchleistung führt und wurde daher

indirekt mit selektiert [KRÄUSSLICH 1994].

Aktuelle Informationen über den molekulargenetischen Hintergrund verschiedener genetischer Defekte beim Rind sind in der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) zu finden. Im Moment werden 376 verschiedene Phänotypen beim Rind beschrieben, wobei 75 davon zu den Single-Locus Merkmalen zählen. Für 43 Phänotypen konnte bereits die ursächliche DNA-Mutation ermittelt werden.

Die wirtschaftlich wichtigsten Erbfehler beim Rind sollen im Folgenden kurz beschrieben werden.

### **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Erblich bedingt Immunschwäche. Kälber sterben meist in den ersten Lebenswochen an banalen Infektionen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Missbildungen an der Wirbelsäule mit Auswirkungen auf die Gliedmaßen. Kälber sterben spätestens kurz nach der Geburt.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Es kommt zu einer Unterproduktion von Uridin-Monophosphat, das ein wichtiger Baustein der Pyrimidin-Nukleotide darstellt. Betroffene Tiere sterben schon im embryonalen Stadium ab.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **Citrullinämie**

Harnstoff-Zyklus ist durch einen Enzymdefekt gestört. Die Kälber sterben 3–5 Tage nach der Geburt an einer Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Motorische Neuronen in Rückenmark, Hirnstamm und motorischen Hirnrindengebieten sind stark dezimiert. Die betroffenen Kälber zeigen im Alter von wenigen Wochen Muskelschwäche bzw. Schwund der Skelettmuskulatur mit Festliegen in Brustlage, herabgesetzten spinalen Reflexen und pumpender Atmung. Die Erkrankung verläuft innerhalb weniger Wochen tödlich.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **SDM (Spinale Dysmelisierung)**

Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nervenzellgebieten gekennzeichnet ist. Die erkrankten Kälber liegen zumeist gleich nach der Geburt in Seitenlage mit nach vorne gestreckten Gliedmaßen fest. Der Kopf ist häufig nach oben hinten gerichtet ('Mondguckerhaltung').

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Erste Krankheitszeichen entwickeln sich bei den betroffenen Tieren im Alter von mehreren Monaten. Diese zeigen sich in Form von Nachhandschwäche, Schwierigkeiten beim Aufstehen und unsicherem, schwankendem Gang. Innerhalb von 1-3 Jahren kommt es zum Festliegen des erkrankten Tieres und zum Tod.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Neben übermäßig langen, dünnen Gliedmaßen mit abnorm beweglichen und steifen, verkrümmten Gelenken als offensichtlichste Mißbildung weisen erkrankte Tiere häufig Schädeldeformationen, Wirbelsäulenverkrümmungen sowie Veränderungen an Blutgefäßen und zentralem Nervensystem auf. Kälber werden tot geboren oder verenden kurz nach der Geburt.

Betroffene Rassen: Fleckvieh, Brown Swiss, Deutsche Holsteins, Limousin



## **11.2 Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Murnau–Werdenfelser**

Es liegen z.Zt. keine bekannten Erbfehler beim Murnau–Werdenfelser vor.



# Literaturverzeichnis

[ASR 2009] ASR (2009). *Jahresbericht 2008*. Technischer Bericht, Arbeitsgemeinschaft Süddeutscher Rinderzucht- und Besamungsorganisationen e.V.

[KRÄUSSLICH 1994] KRÄUSSLICH, H. (1994). *Tierzüchtungslehre*. Eugen Ulmer, Stuttgart, 4. Aufl.

[SAMBRAUS 1999] SAMBRAUS, H. H. (1999). *Gefährdete Nutzierrassen*, Bd. 2. Eugen Ulmer, Stuttgart.

[SAMBRAUS 2001] SAMBRAUS, H. H. (2001). *Farbatlas Nutzierrassen*. Eugen Ulmer, Stuttgart, 6. Aufl.

# Monitoring tiergenetischer Ressourcen

–ORIGINAL BRAUNVIEH–



herausgegeben von  
Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft

14. Mai 2010



**Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

**Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V. (ADR)

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL)

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (VIT)

Quelle Titelbild: Immler, AELF Kempten

# Inhaltsverzeichnis

1	Anerkannte Zuchtverbände . . . . .	4
2	Rassebeschreibung . . . . .	5
3	Zuchtgeschichte . . . . .	6
4	Zuchtprogramm . . . . .	7
5	Zuchtziel . . . . .	8
6	Heutiger Stand . . . . .	8
7	Verwendete Datensätze . . . . .	9
8	Beschreibende Analyse der aktuellen Population . . . . .	11
9	Berechnung und Analyse der Populationsparameter . . . . .	13
9.1	Generationsintervall . . . . .	14
9.2	Pedigree-Vollständigkeit . . . . .	15
9.3	Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry . . . . .	17
9.4	Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge . . . . .	18
10	Interpretation der Ergebnisse . . . . .	21
11	Erbfehler beim Rind . . . . .	23
11.1	Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind . . . . .	23
11.2	Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Original Braunvieh . . . . .	26
	<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>27</b>

# 1 Anerkannte Zuchtverbände

## **Allgäuer Herdbuchgesellschaft Kempten**

Kotterner Str. 36

87435 Kempten

Tel.: 0831/52244-0

email: [ahg-kempten@alf-ke.bayern.de](mailto:ahg-kempten@alf-ke.bayern.de)

[www.ahg-kempten.de](http://www.ahg-kempten.de)



## **Allgäuer Herdbuchgesellschaft Kaufbeuren**

Otto-Müller-Str. 1

87600 Kaufbeuren

Tel.: 08341/9394-0

email: [info@ahg-kaufbeuren.de](mailto:info@ahg-kaufbeuren.de)

[www.ahg-kaufbeuren.de](http://www.ahg-kaufbeuren.de)



## **Weilheimer Zuchtverbände e.V.**

Waisenhausstr. 5

82362 Weilheim

Tel.: 0881/98998-0

email: [zuchtverband.weilheim@alf-wm.bayern.de](mailto:zuchtverband.weilheim@alf-wm.bayern.de)

[www.lbr.bayern.de/zv-weilheim](http://www.lbr.bayern.de/zv-weilheim)



### **Besamungsstation Greifenberg**

Hechenwanger Str. 10–12  
86926 Greifenberg/Ammersee  
Tel.: 08192/9336–3  
email: [info@besamungsstation.eu](mailto:info@besamungsstation.eu)  
[www.greifenberg-genetics.de](http://www.greifenberg-genetics.de)



### **Rinderbesamungsgenossenschaft Memmingen**

Buxheimer Str. 104  
87700 Memmingen  
Tel.: 08331/96159–0  
email: [info@rbgmm.de](mailto:info@rbgmm.de)  
[www.rinderbesamung-memmingen.de](http://www.rinderbesamung-memmingen.de)



### **Rinderunion Baden–Württemberg e.V.**

Ölkofer Strasse 41  
88518 Herbertingen  
Tel.: 07586/9206–0  
email: [info@rind-bw.de](mailto:info@rind-bw.de)  
[www.rind-bw.de](http://www.rind-bw.de)



## **2 Rassebeschreibung**

Original Braunvieh ist eine milchbetonte Zweinutzungsrasse. Als typisches Rind der Alpen wird es in Deutschland vorwiegend im Allgäu gehalten. Original Braunvieh hat eine einheitlich dunkelbraune bzw. mausgraue Fellfärbung. Das Fell um das Flotzmaul und die Augen sowie die Innenbehaarung der Ohren ist heller. Hornspitzen, Klauenhorn und das Flotzmaul sind dunkel pigmentiert.

Original Braunviehtiere sind klein bis mittelgroß mit Widerristhöhen von 130-137 cm (Kuh) bzw. 137-148 cm (Bulle). Sie sind kräftig, gut bemuskelt und haben einen kur-





Abb. 2.1: *Original Braunvieh–Kuh, Quelle: Immler, AELF Kempten*

zen Rumpf. Die jährliche Milchleistung aus Grundfutter liegt bei 5000 kg. Als typisches Alpenrind verfügen sie über harte Klauen, sie sind trittsicher, robust, langlebig und fruchtbar.

## 3 Zuchtgeschichte

Die Rasse Original Braunvieh geht auf das europäische Kurzhornrind zurück, das von Siedlern aus dem Osten in den Alpenraum gebracht wurde. Die erste gezielte Zuchtarbeit erfolgte vor 600 Jahren im schweizer Kanton Schwyz, von wo aus sich die verschiedenen Braunviehschläge weiter verbreiteten.

Seit dem Jahr 1880 wird das „Schweizerische Braunvieh“ als eigenständige Rasse mit Papieren im Herdbuch der Schweiz geführt. In Deutschland wurde der erste Zuchtverband im Jahr 1893 mit dem Namen Allgäuer Herdbuchgesellschaft für das Allgäuer Braunvieh gegründet.

Die deutsche Zucht des Allgäuer Braunviehs lebte nach den großen Einbußen durch

die Rinderpest zu Beginn des 19. Jahrhunderts von Importen aus der Schweiz. Ein großrahmiges Rind mit einer hohen Milchleistung wurde angestrebt. Mit Beginn der Entstehung des Dritten Reichs wurde auf Grund der knappen Futtermittelversorgung mehr Wert auf ein kleineres, leichteres und wirtschaftliches Rind gelegt. Daher wurden in den 1930er und 40er Jahren vermehrt Vorarlberger und Montafoner Bullen eingekreuzt, woraufhin die typischen Charakteristika des Allgäuer Braunviehs teilweise verdrängt wurden.

Um in den Jahren des Wirtschaftswachstums nach dem Zweiten Weltkrieg dem gesteigerten Nahrungsmittelkonsum gerecht zu werden und dem Leistungsdruck anderer Rassen (vor allem der Holsteinrinder) zu begegnen, wurden ab 1966 Brown Swiss-Tiere aus Amerika in die bestehende Braunvieh-Population in Deutschland eingekreuzt. Dadurch wurden die Tiere wieder großrahmiger und die Milchleistung konnte erheblich gesteigert werden. Seit dieser Zeit hat die Rasse durch die kontinuierliche Einkreuzung von Brown Swiss-Tieren erhebliche Tierzahlen eingebüßt, da Tiere mit einem Brown-Swiss-Anteil über 12,5 % der Rasse Braunvieh zugeordnet werden.

Seit 1995 gibt es den Allgäuer Original Braunviehzuchtverein e.V., dessen Mitglieder Original Braunvieh in Reinzucht oder mit einem Brown Swiss-Anteil unter 12,5 % züchten.

## 4 Zuchtprogramm

Die Haltung von Original Braunviehtieren wird in Bayern seit 1992 im Rahmen des Förderprogramms zur Erhaltung gefährdeter einheimischer Nutztierassen gefördert. Es werden seit 2008 folgende Förderungen gezahlt:

- Haltungsprämie in Höhe von jährlich 180 € je Kuh mit einem Fremdgenanteil von max. 12,5 % in Betrieben mit Milchleistungsprüfung,
- Haltungsprämie in Höhe von jährlich 90 € je Kuh in der Mutterkuhhaltung mit einem Fremdgenanteil von max. 12,5 %,

- Bullenprämie in Höhe von jährlich 250 € für jeden zum Decken eingesetzten Zuchtbullen des Betriebes mit maximal 50 % Braunvieh-Genanteil,
- Prämie in Höhe von 300 € je Zuchttier für die Bereitstellung zur Gewinnung von Embryonen im Rahmen des Zuchtprogrammes.

## 5 Zuchtziel

Das Zuchtziel des Original Braunviehs konzentriert sich auf eine ausgewogene Doppelnutzung von Milch und Fleisch. Die mittlere Jahresmilchleistung sollte bei ca. 6000 kg mit 3,5 % Eiweiß und 3,8 % Fett liegen.

Die täglichen Zunahmen der Masttiere sollen bei 1300 g liegen. Bei den funktionalen Merkmalen spielen vor allem die Langlebigkeit, die Anpassungsfähigkeit und das gesunde Fundament eine Rolle. Weiterhin sollten die Tiere robust und fruchtbar, leichtkalbig und leistungsfähig sein.

Die im Zuchtziel festgelegten Körpermaße betragen für die Widerristhöhe 135 - 150 cm bei Bullen und 130 - 140 cm bei Kühen sowie für das Körpergewicht 700 - 1200 kg bei Bullen und 550 - 700 kg bei Kühen.

## 6 Heutiger Stand

Es lassen sich auf Grund der kleinen Population mit einer Aufteilung auf Bayern und Baden–Württemberg keine gesicherten Aussagen über die aktuelle Situation in der Population machen. Im Internet veröffentlichte Daten stammen von Fördervereinen oder Züchtergemeinschaften und sind daher nicht zwingend auf dem aktuellsten Stand. Wir verweisen daher auf das Kapitel 8, um einen Überblick über die Struktur der untersuchten Daten zu gewinnen.

## 7 **Verwendete Datensätze**

Für die nachfolgenden Analysen wurden 3 verschiedene Datensätze verwendet. Als Ausgangspunkt dienten die vom Landeskuratorium der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern (LKV) und vom Rechenzentrum in Baden–Württemberg (BW) zur Verfügung gestellten Datensätze. In diesen Datensätzen sind alle von den jeweils zuständigen Behörden als Original Braunvieh eingestufte Milch- und Mutterkühe aufgelistet. Nach Bereinigung der Daten (Löschen doppelter Tiere etc.) wurden aus der zentralen Pedigreedatei für Braunvieh die Abstammungen der Tiere dazugespielt. Im weiteren Verlauf wurde der neu aufgebaute Datensatz auf Plausibilität geprüft.

### **Datensatz A**

Für die statistische und deskriptive Analyse der Population (vgl. Kapitel 8) kam der Datensatz A zur Verwendung. Im Datensatz A sind Tiere enthalten, die in den letzten 10 vollständig besetzten Geburtsjahrgängen geboren wurden sind. Es konnten somit deskriptive Analysen für diesen Zeitraum gemacht werden. Entwicklungen und Verläufe, die an der untersuchten Population beobachtet werden können, konnten so über einen ausreichend großen Zeitraum dargestellt und analysiert werden. Gleichzeitig ist der Bezug zur lebenden, aktiven Zuchtpopulation gegeben, da viele der Tiere im untersuchten Datensatz noch während der Analyse zur lebenden Zuchtpopulation gehörten. Ein ausschließliches Betrachten der lebenden Zuchttiere ist für die deskriptive Datenanalyse jedoch nicht sinnvoll. Ein zu kurzer Untersuchungszeitraum und eine nicht ausreichende Besetzung der Jahrgänge würde für eine fundierte Analyse nicht ausreichen.

### **Datensatz B**

Die Berechnung der Populationsparameter wie Inzucht und effektive Populationsgröße erfolgte auf der Grundlage eines weiteren Datensatzes B. Dieser Datensatz B umfasst alle Tiere der aktuellen Population samt Abstammungen bis zur definierten Basis (Geburtsjahrgang 1950). Als zur aktuellen Population zugehörig wurden alle Tiere behandelt, die zur letzten Generation aktiver Zuchttiere gehörten. Es wurde

dazu wieder vom letzten vollbesetzten Geburtsjahrgang ausgegangen und eine Generation zurückgegangen. Um eine Vereinheitlichung zwischen den Rassen zu erreichen, wurde die Generationslänge für die Generierung des Datensatzes auf 6 Jahre festgelegt. Die tatsächliche Generationslänge kann natürlich von Rasse zu Rasse abweichen.

Für die Tiere, die in dem festgelegten Zeitraum von 6 Jahren geboren wurden, wurde das Pedigree bis zur definierten Basis aufgebaut.

Der Datensatz B umfasst alle Tiere der aktuellen Population aus dem Ursprungsdatensatz (vom LKV und aus BW zur Verfügung gestellte Original Braunviehtiere). Anhand der berechneten Fremdblutanteile in der Braunviehpopulation (Brown Swiss Tiere wurden hierbei als Fremdrassetiere behandelt<sup>1</sup>) wurden die als Original Braunvieh eingetragenen Tiere auf Fremdblutanteil überprüft. Tiere mit einem Fremdblutanteil von mehr als 12,5 % wurden aus der Analyse ausgeschlossen, auch wenn sie im Datensatz als Original Braunviehtiere gekennzeichnet waren.

### **Datensatz C**

Um einen Datensatz verwenden zu können, der nur Tiere berücksichtigt, die ein möglichst vollständiges Original Braunvieh–Pedigree aufweisen, wurde ein weiterer Datensatz C erstellt, der ein Sub–Datensatz des Datensatzes B ist. Der Datensatz C wurde ebenfalls zu Berechnung der Populationsparameter verwendet. Somit konnten die Ergebnisse beider Datensätze direkt gegenüber gestellt werden.

Im Datensatz B werden Einkreuzungen fremder Rassen als Genzufluss aus einer unverwandten Basis betrachtet (Immigration). Immigration kann bereits in geringem Umfang den Inzuchtanstieg abbremsen und führt somit zu höheren Schätzwerten für die inzuchteffektive Populationsgröße. Dies kann zu Fehleinschätzungen der Entwicklung der rassespezifischen Diversität führen. Im Datensatz C wurde deshalb unter Verwendung des Kriteriums des ‚pedigree completeness index‘ (PCI) die Gesamtbetrachtung auf die Tiere der aktuellen Population eingeschränkt, die über ein ausreichend tiefes rassespezifisches Pedigree verfügen (PCI von 0.7 auf 5 Generationen). Ein Vergleich der Ergebnisse basierend auf den Datenbeständen B und C erlaubt somit eine unge-

---

<sup>1</sup>Für mehr Details siehe Braunvieh-Bericht.

fähre Abschätzung des Effektes von Immigration auf den Inzuchtanstieg. Ergebnisse basierend auf Datensatz C dürften allerdings mehr Aussagekraft in Bezug auf die Entwicklungen einer rassespezifischen ‚Kernpopulation‘ haben.

## 8 Beschreibende Analyse der aktuellen Population

Für die nachfolgenden Analysen wurde der Datensatz A als Berechnungsbasis herangezogen (siehe Kapitel 7). Es wurden Daten von Tieren der Geburtsjahrgänge 1997 bis 2006 untersucht. Der Datensatz A bestand aus insgesamt 1147 Tieren (966 weibliche und 181 männliche). In der untersuchten 10-Jahresperiode wurden insgesamt 222 Väter und 692 Mütter eingesetzt.

Um einen vollständigeren Überblick über das verwendete Datenmaterial zu gewinnen, dient die Tabelle 8.1. Für jeden Geburtsjahrgang ist die Anzahl der in diesem Jahr geborenen Tiere abgetragen. Weiterhin sind in den folgenden Spalten die Anzahl der in diesem Geburtsjahrgang eingesetzten Mütter und der eingesetzten Väter abgetragen. Mütter und Väter können demnach mehrfach gezählt werden, wenn sie in mehreren Jahren zum Einsatz kommen. Für die im jeweiligen Geburtsjahrgang der untersuchten Tiere eingesetzten Väter sind weiterhin die minimale, maximale und durchschnittliche Anzahl von Nachkommen aufgelistet. In der zweiten Tabellenhälfte sind dieselben Angaben enthalten, allerdings werden für diese Berechnungen ausschließlich Tiere verwendet, deren Vater und Mutter Braunvieh-Tiere sind.

Tab. 8.1: Anzahl der Tiere mit Eltern für die gesamte Population und für Tiere mit Braunvieh-Eltern (GJ=Geburtsjahr, n Mütter=Anzahl Mütter, Min., Max., Mitt.= minimale, maximale und mittlere Anzahl Nachkommen je Vater im jeweiligen Geburtsjahrgang)

GJ	Alle Tiere						Nur Tiere mit Braunvieh-Eltern					
	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.
1997	88	87	41	1	6	2	81	81	41	1	6	2
1998	93	92	43	1	8	2	87	87	42	1	8	2
1999	111	106	52	1	8	2	104	100	50	1	8	2
2000	106	102	47	1	9	2	100	97	45	1	9	2
2001	105	101	37	1	13	3	100	98	36	1	13	3
2002	114	113	54	1	14	2	111	111	54	1	14	2
2003	121	121	49	1	17	2	118	118	48	1	17	2
2004	134	126	52	1	9	2	124	119	50	1	9	2
2005	137	132	48	1	11	3	125	124	48	1	11	3
2006	138	134	59	1	9	2	135	131	59	1	9	2

Die Anzahl der Jahre, in denen ein Vater– bzw. Muttertier eingesetzt wurde, liegt bei 2.31 Jahren für die Väter und bei 1.49 Jahren für die Mütter.

Einen Überblick über die Rassezugehörigkeit und die Herkunft der eingesetzten Väter gibt die Tabelle 8.2. In der Tabelle ist sowohl die Anzahl der eingesetzten Väter als auch die Anzahl der Nachkommen dargestellt. Es muss bei der Interpretation darauf geachtet werden, dass in Bezug auf die Rassezugehörigkeit nicht zwischen Original Braunvieh und Braunvieh unterschieden wurde.

Tab. 8.2: *Herkunftsland und -rasse der Väter (AUT = Österreich, DEU = Deutschland, CHE = Schweiz, Zahl vor Schrägstrich = Anzahl Väter, Zahl hinter Schrägstrich = Anzahl Nachkommen)*

Herkunft	Total	Braunvieh	Brown Swiss	Sonstige
AUT	4/7	4/7	0/0	0/0
DEU	148/871	148/871	0/0	0/0
CHE	65/215	62/212	0/0	4/4
USA	3/3	0/0	3/3	0/0

## 9 Berechnung und Analyse der Populationsparameter

Grundlage für die Berechnungen der Populationsparameter waren der Datensatz B (siehe Kapitel 7) und der Datensatz C, bei dem die aktuelle Population auf Basis des PCI eingeschränkt wurde. Es konnten so beide Populationen (Original Braunvieh–Population mit Einkreuzung rassefremder Tiere (Datensatz B) und Original Braunvieh–Population mit tiefem Braunvieh–Pedigree (Datensatz C)) direkt miteinander verglichen und die Ergebnisse gegenübergestellt werden.

Die Auswahl der aktuellen Population erfolgte im aktuellen Bericht für den Zeitraum von 2000 bis 2005. In der aktuellen Population von Datensatz B befanden sich 898 Tiere und von Datensatz C 717 Tiere. Für die gesamte Population betrachtet (ak-



tuelle Population samt Pedigree) ergaben sich Populationsgrößen von 4713 Tieren im Datensatz B und 4404 Tieren im Datensatz C. Das bedeutet, dass 7 % der im ursprünglichen Datensatz B befindlichen Tiere durch die Einschränkung mittels PCI ausgeschlossen wurden.

Die Besetzung der Geburtsjahrgänge für die Datensätze B und C wird in Abbildung 9.1 dargestellt.

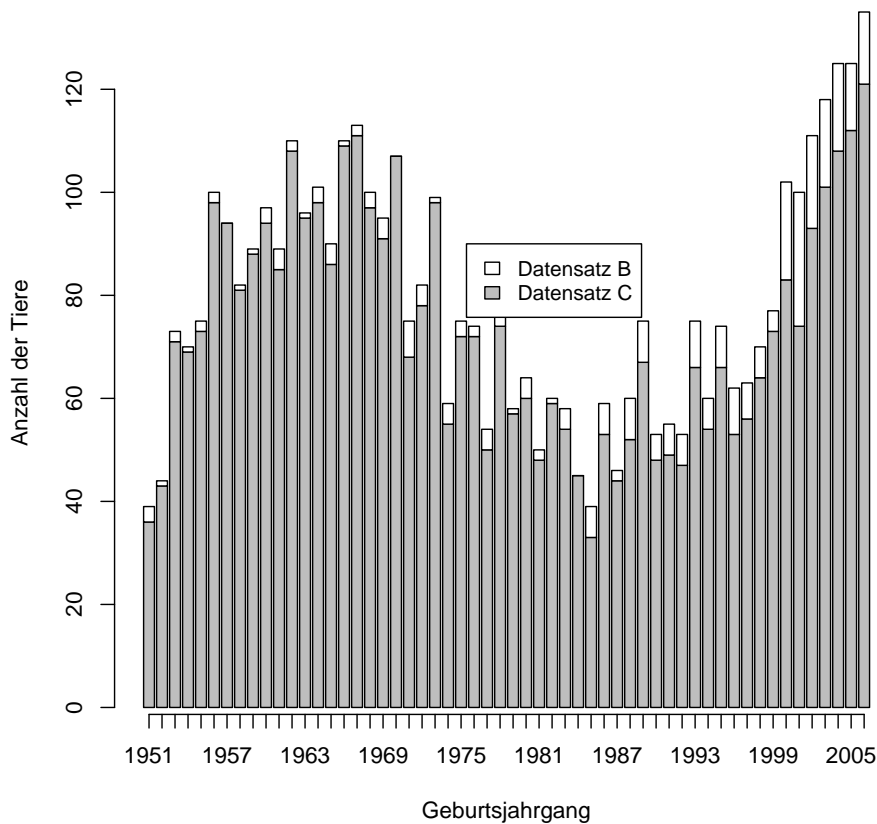


Abb. 9.1: Besetzung der Geburtsjahrgänge für Datensatz B und Datensatz C

### 9.1 Generationsintervall

Das Generationsintervall wurde für den Zeitraum von 1970 bis 2000 berechnet. Dieses Zeitfenster wurde gewählt um sicherzustellen, dass vollständige Generationen

berechnet werden können. In der folgenden Abbildung 9.2 ist der Verlauf der Generationsintervalle berechnet für die 4 Vererbungspfade dargestellt. Aus den Einzelwerten für die 4 Vererbungspfade (Tab. 9.1) wurde über die Jahre ein arithmetisches Mittel berechnet. Das sich daraus ergebene mittlere Generationsintervall für die Original Braunvieh–Population für den Datensatz B lag bei 7.62 Jahren.

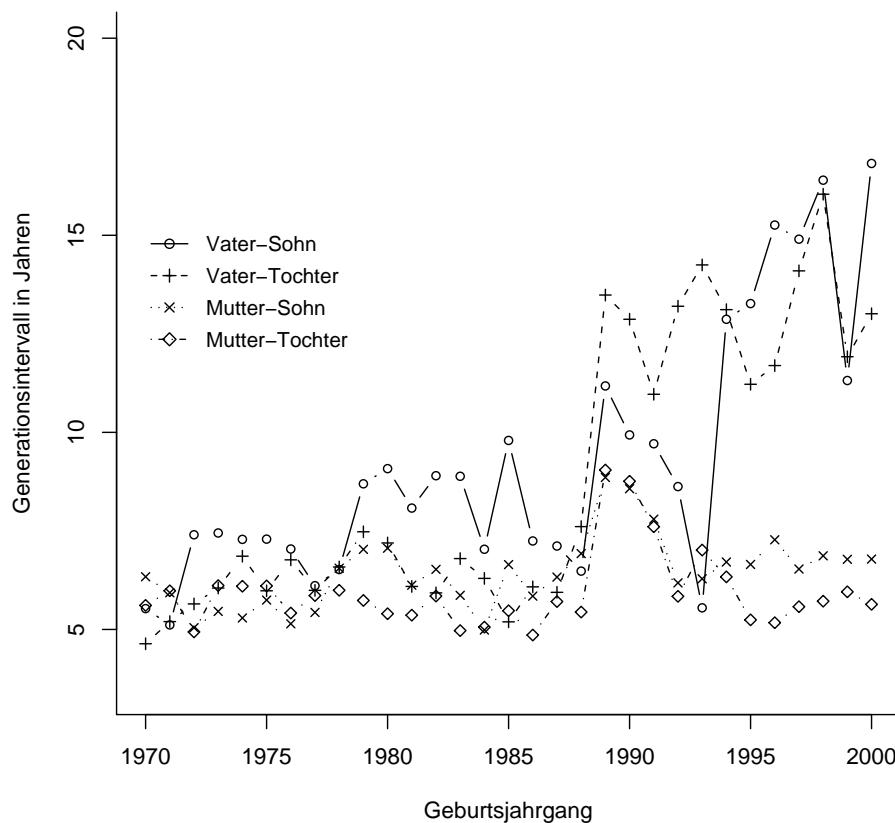


Abb. 9.2: Verlauf des Generationsintervalles für die vier Vererbungspfade für die Geburtsjahrgänge 1970 bis 2000

## 9.2 Pedigree–Vollständigkeit

Um gezielte Aussagen über die Inzuchtentwicklung und die daraus resultierenden Parameter gewinnen zu können, wurde die vorliegende Population im Datensatz B

Tab. 9.1: Mittleres Generationsintervall in Jahren für jeden Vererbungspfad, berechnet für den Zeitraum von 1970 bis 2000

Bulle-Bulle	Bulle-Kuh	Kuh-Bulle	Kuh-Kuh
9.25	8.84	6.44	5.93

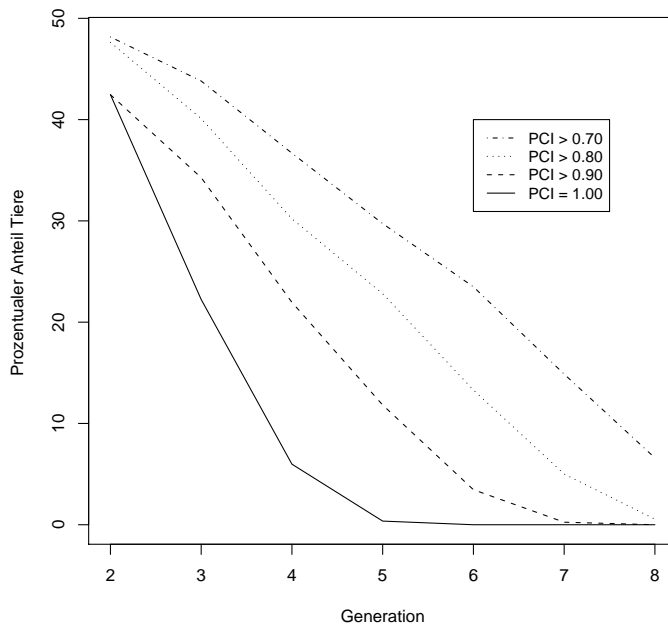


Abb. 9.3: Prozentualer Anteil der Tiere des gesamten Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

auf Vollständigkeit des Pedigrees, den Pedigree Completeness Index (PCI), hin untersucht.

Es wurde eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen gefordert, sowie verschiedene Mindestwerte für den PCI. In den Abbildungen 9.3 und 9.4 ist jeweils der prozentuale Anteil der Tiere dargestellt, die für die jeweilige Pedigreetiefe die geforderten Mindestwerte erfüllen. In der Abbildung 9.3 werden alle Tiere im gesamten Pedigree der aktuellen Population berücksichtigt, in Abbildung 9.4 wird die Pedigree Completeness nur für Tiere berechnet, die sich in der aktuellen Population befinden, also zur letzten Generation gehören. Da diese Tiere ein tieferes und vollständigeres Pedigree aufweisen, erhöhen sich die prozentualen Anteile von Tieren, die die geforderten Mindestwerte erreichen.

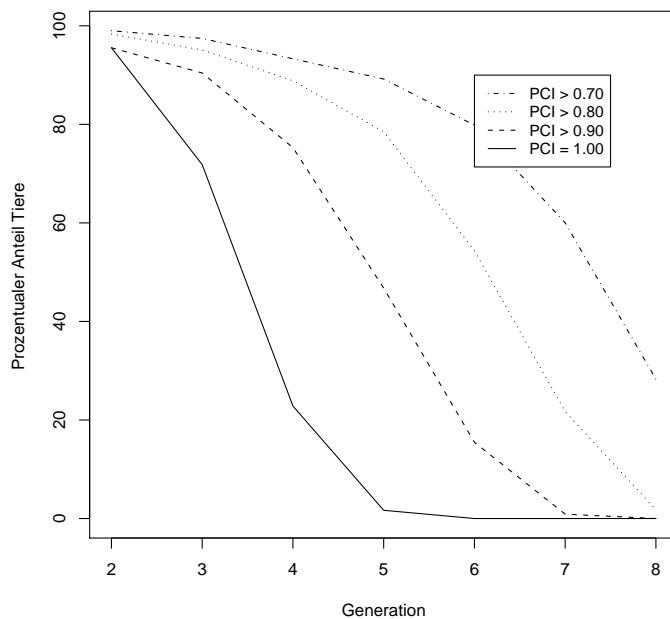


Abb. 9.4: Prozentualer Anteil der Tiere der aktuellen Population des Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

Der Verlauf des PCI über die Geburtsjahrgänge für eine Pedigreetiefe von 2 Generationen ist für die beiden verwendeten Datensätze gemeinsam in Abbildung 9.5 dargestellt.

### 9.3 Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry

Die effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) wurde sowohl auf Basis der Inzucht als auch auf Basis der Coancestry berechnet. Es sollte dadurch erreicht werden, eventuelle Differenzen zwischen beiden Methoden sichtbar zu machen und so z.B. gezielt in der Population betriebene Inzuchtvermeidung aufzudecken. In der Abbildung 9.6 sind die Kurvenverläufe der Inzucht und Coancestry dargestellt. Weiterhin ist die effektive Populationsgröße in der jeweiligen Grafik abgetragen. Für die Berechnung der effektiven Populationsgröße wurde das Jahr 1990 als Basisjahr für die Regression festgelegt.

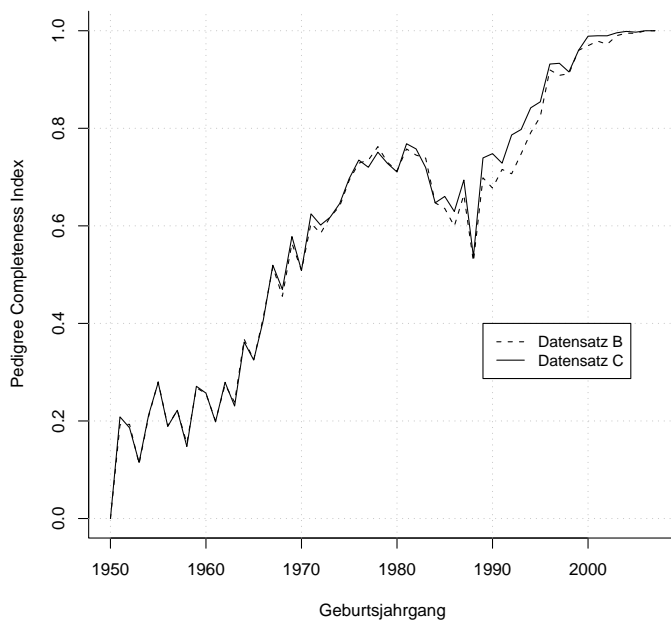


Abb. 9.5: Verlauf des Pedigree Completeness Index berechnet für beide Datensätze mit einer Pedigreetiefe von 2 Generationen

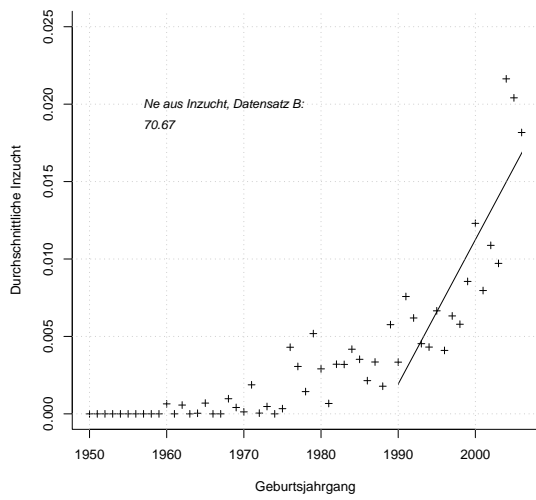
Es kann so davon ausgegangen werden, dass die Jahrgänge ausreichend besetzt sind und die Abstammungen weitgehend vollständig sind. Das Generationsintervall, das für die Berechnung ebenfalls benötigt wurde, betrug 7.62 Jahre.

Um vergleichende Aussagen zwischen Rassen treffen zu können, wurde das Verhältnis von tatsächlicher Populationsgröße der aktuellen Population und effektiver Populationsgröße aus Inzucht berechnet. Es betrug für den verwendeten Datensatz B 1:13 (effektiv:tatsächlich) und für den Datensatz C 1:11.

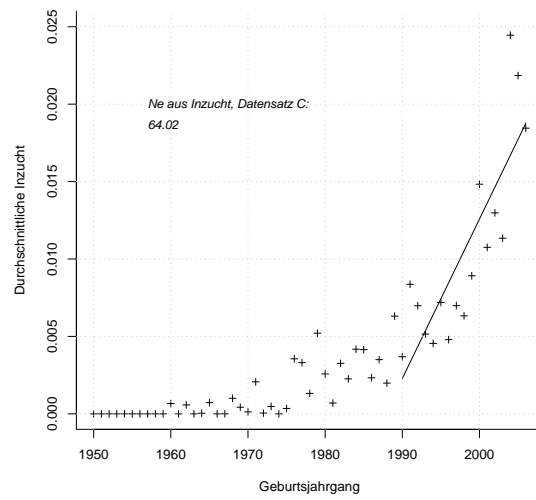
### 9.4 Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge

Für die Analyse der effektiven Anzahl der Basistiere (effective founders,  $f_e$ ) und der effektiven Anzahl der Ahnen (effective ancestors,  $f_a$ ) ergaben sich die in Tabelle 9.2 angegebenen Werte. Zusätzlich ist der Schätzwert für die  $N_e$  angegeben.

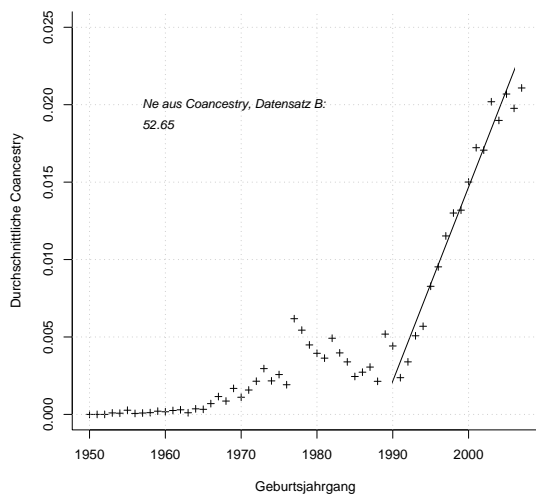
Um sich einen Überblick über eventuelle Flaschenhalsereignisse in der Population zu verschaffen, wurden die marginalisierten Beiträge der Ahnen berechnet. Der Verlauf



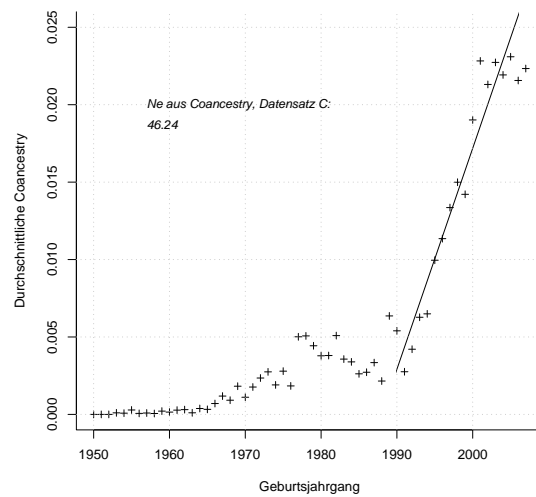
(a) Inzucht (Datensatz B)



(b) Inzucht (Datensatz C)



(c) Coancestry (Datensatz B)



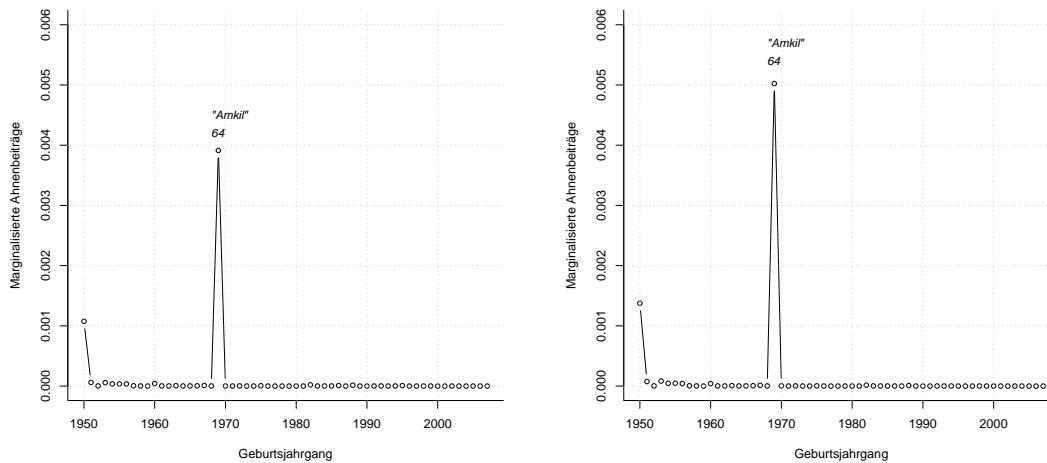
(d) Coancestry (Datensatz C)

Abb. 9.6: Verlauf der Inzucht und Coancestry getrennt nach Datensätzen

Tab. 9.2: Berechnete Populationsparameter

Parameter	Datensatz B	Datensatz C
Ne aus Inzucht / Ne aus Coancestry	71 / 53	64 / 46
$f_e$	167	152
$f_a$	99	88

dieser Beiträge ist für die Bullen in der Abbildung 9.7 zu sehen. Über den ausgeprägtesten Peaks ist der dazugehörige Bulle namentlich erwähnt sowie die Anzahl seiner direkten Nachkommen.



(a) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz B) (b) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz C)

Abb. 9.7: Darstellung der marginalisierten Ahnenbeiträge der Bullen in der Original Braunvieh-Population

Eine Übersicht über die Rassebeiträge an der aktuellen Population für die Datensätze B und C geben die Tabellen 9.3 und 9.4. Um Aussagen über den zeitlichen Verlauf der Rassebeiträge machen zu können, wurden für Datensatz C die Rassebeiträge je Geburtsjahrgang für die Geburtsjahrgänge 1980 bis 2004 berechnet. Die Ergebnisse sind in Abbildung 9.8 dargestellt. Es muss bei der Interpretation beachtet werden, dass innerhalb der Braunvieh-Population Original Braunviehtiere nicht als eigenständige Rasse aufgeführt worden sind. Lediglich Braunviehtiere aus den USA wurden als Brown Swiss markiert.

Tab. 9.3: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz B)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Braunvieh	2.63
Brown Swiss	15.01
Sonstige	82.36

Tab. 9.4: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz C)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Braunvieh	85.59
Brown Swiss	2.65
Sonstige	11.76

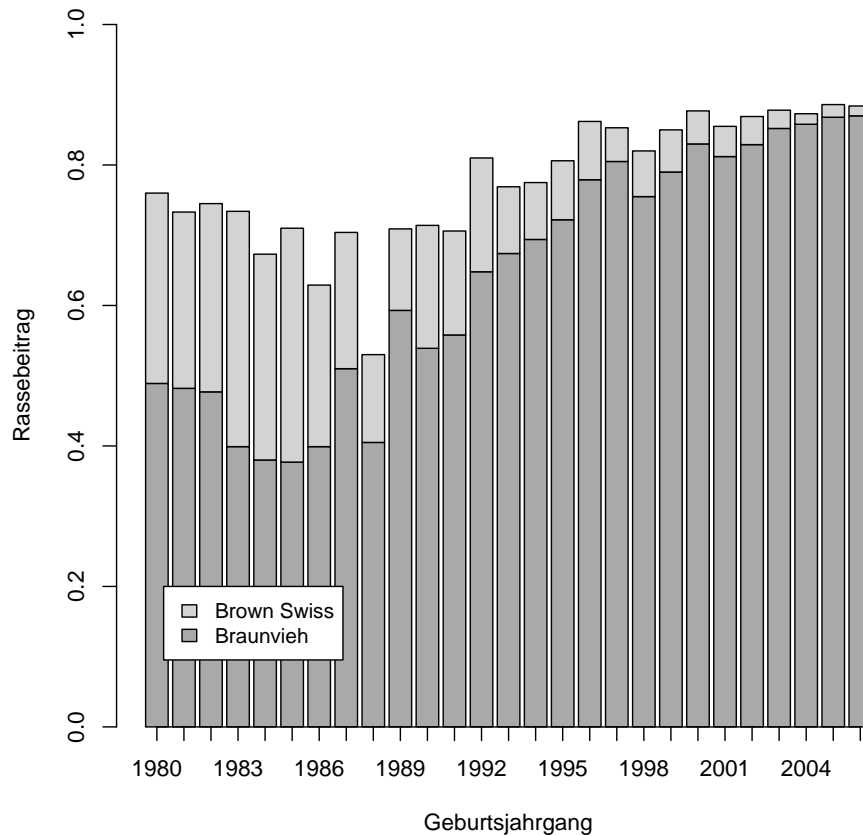


Abb. 9.8: Rassebeiträge im Verlauf über die Geburtsjahrgänge (Datensatz C)

## 10 Interpretation der Ergebnisse

Die Rasse Original Braunvieh ist von einer ganzen Reihe von Einflüssen im Hinblick auf den Inzuchtanstieg und das Wirken genetischer Drift betroffen, die nachfol-



gend näher erläutert werden. Die Population ist bis zur Mitte der 1980er Jahre kontinuierlich geschrumpft. Seit Anfang der 90er Jahre ist allerdings ein Anstieg in der Populationsgröße zu verzeichnen, der wahrscheinlich vorwiegend durch die Kennzeichnung von Braunvieh-Tieren mit einem Fremdgenanteil unter 12,5 % als Original Braunvieh-Tier zustande kommt. Ab diesem Zeitpunkt nimmt auch die Vollständigkeit des Pedigrees wieder zu. Hinzu kommt eine permanente Beeinflussung durch Gene der Brown Swiss-Population, die allerdings in den letzten 20 Jahren stetig abgenommen hat.

In Populationen mit weitgehender Zufallspaarung im Bezug auf das verwandtschaftliche Verhältnis der verpaarten Tiere sollte der Schätzwert für  $N_e$  basierend auf dem Anstieg des durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten in etwa äquivalent zu dem Schätzwert auf der Grundlage des durchschnittlichen Verwandtschaftsverhältnisses (Coancestry) sein. Liegt  $N_e$  aus dem Inzuchtkoeffizienten deutlich über dem aus Coancestry, ist dies ein Beleg für eine intensiv praktizierte Strategie der Vermeidungspaarung (selektiv und sehr konsequent durchgeführte Verpaarung von wenig verwandten Tieren). Dass dies für die Original Braunvieh-Population zutrifft, wurde in einem persönlichen Gespräch mit der Zuchtleitung bestätigt.

Unter der Bedingung, dass diese Strategie auch zukünftig konsequent weiter verfolgt wird, kann für das Original Braunvieh in guter Näherung eine inzuchteffektive Populationsgröße von **60** angenommen werden.

Kenngrößen wie die effektive Anzahl von Basistieren ( $f_e$ ) oder die Anzahl der effektiven Ahnen ( $f_a$ ), sind gut in der Lage, die Effekte von genetischer Drift zu quantifizieren. Im vorliegenden Fall liegen die Schätzwerte dieser beiden Größen mit 70-145 Tieren über der inzuchteffektiven Populationsgröße. Es kann hier davon ausgegangen werden, dass genetische Drift bei alleiniger Betrachtung der Original Braunvieh-Tiere durch einen steten Genzufluss und vor allem dem großen Genreservoir der Braunvieh-Population, aus dem sich theoretisch wieder Original Braunviehtiere rekrutieren lassen, eine untergeordnete Rolle spielt.

Bei der Interpretation der Ergebnisse der Rasse Original Braunvieh sind verschiedene Aspekte zu beachten. Die Rasse lässt sich nur unzureichend von der Rasse Braunvieh abgrenzen, da Tiere mit einem Brown Swiss-Genanteil unter 12,5 % wieder rekrutiert werden können. Umgekehrt werden Braunvieh-Tiere regelmäßig

in die Original Braunvieh Population eingekreuzt, um die Rasse wettbewerbsfähig zu halten. Hierbei werden oft bevorzugt Braunvieh–Tiere mit einem niedrigen Brown Swiss–Anteil herangezogen. Es muss hierbei ebenfalls erwähnt werden, dass Original Braunvieh–Tiere im Braunvieh–Herdbuch geführt werden und lediglich mit einem Zusatz gekennzeichnet werden. Eine wirklich eindeutige Rassetrennung ist demnach nicht möglich. Die berechneten Werte sollten daher grundsätzlich mit Vorsicht interpretiert werden.

## **11 Erbfehler beim Rind**

### **11.1 Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind**

Unter Erbfehlern versteht man „Missbildungen und Störungen normaler Vorgänge, die ererbt worden sind“ [KRÄUSSLICH 1994]. Solche Missbildungen und Störungen treten vorwiegend prä-, peri- und postnatal auf, können sich aber auch erst später zeigen. Viele dieser Erbfehler sind letal und führen somit zu erheblichen wirtschaftlichen Einbußen in der Rinderhaltung.

Die meisten Erbfehler werden monogen homozygot rezessiv vererbt, wodurch die Häufigkeiten von Erbfehlern in Populationen sehr gering sind. Durch bestimmte Faktoren kann diese Häufigkeit allerdings durch Zufall erhöht werden. So kann z.B. ein übermäßiger Einsatz eines für einen Erbfehler heterozygoten aber sonst sehr leistungsstarken Besamungsbullen zu einer massiven Erhöhung des Auftretens dieses Erbfehlers nach einigen Generationen führen. Auch können sich homozygot unerwünschte Gene leichter ausbreiten, wenn sie in heterozygoten Tieren günstige Effekte bewirken. So wirkt sich z.B. das mutierte Gen beim Braunvieh, das homozygot zum Zwergenwuchs führt, bei heterozygoten Tieren in einem kleineren und gedrungenem Körperbau aus, was vor einigen Jahren dem Zuchtziel dieser Rasse entsprach. Ungewollt wurden also heterozygote Trägertiere des unerwünschten Gens selektiert. Ein weiteres Beispiel ist das Weaver-Gen bei Brown Swiss Rindern. Dieses Gen ist eng gekoppelt mit einem Gen, das zu erhöhter Milchleistung führt und wurde daher

indirekt mit selektiert [KRÄUSSLICH 1994].

Aktuelle Informationen über den molekulargenetischen Hintergrund verschiedener genetischer Defekte beim Rind sind in der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) zu finden. Im Moment werden 376 verschiedene Phänotypen beim Rind beschrieben, wobei 75 davon zu den Single-Locus Merkmalen zählen. Für 43 Phänotypen konnte bereits die ursächliche DNA-Mutation ermittelt werden.

Die wirtschaftlich wichtigsten Erbfehler beim Rind sollen im Folgenden kurz beschrieben werden.

### **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Erblich bedingt Immunschwäche. Kälber sterben meist in den ersten Lebenswochen an banalen Infektionen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Missbildungen an der Wirbelsäule mit Auswirkungen auf die Gliedmaßen. Kälber sterben spätestens kurz nach der Geburt.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Es kommt zu einer Unterproduktion von Uridin-Monophosphat, das ein wichtiger Baustein der Pyrimidin-Nukleotide darstellt. Betroffene Tiere sterben schon im embryonalen Stadium ab.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **Citrullinämie**

Harnstoff-Zyklus ist durch einen Enzymdefekt gestört. Die Kälber sterben 3–5 Tage nach der Geburt an einer Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Motorische Neuronen in Rückenmark, Hirnstamm und motorischen Hirnrindengebieten sind stark dezimiert. Die betroffenen Kälber zeigen im Alter von wenigen Wochen Muskelschwäche bzw. Schwund der Skelettmuskulatur mit Festliegen in Brustlage, herabgesetzten spinalen Reflexen und pumpender Atmung. Die Erkrankung verläuft innerhalb weniger Wochen tödlich.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **SDM (Spinale Dysmelisierung)**

Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nervenzellgebieten gekennzeichnet ist. Die erkrankten Kälber liegen zumeist gleich nach der Geburt in Seitenlage mit nach vorne gestreckten Gliedmaßen fest. Der Kopf ist häufig nach oben hinten gerichtet ('Mondguckerhaltung').

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Erste Krankheitszeichen entwickeln sich bei den betroffenen Tieren im Alter von mehreren Monaten. Diese zeigen sich in Form von Nachhandschwäche, Schwierigkeiten beim Aufstehen und unsicherem, schwankendem Gang. Innerhalb von 1-3 Jahren kommt es zum Festliegen des erkrankten Tieres und zum Tod.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Neben übermäßig langen, dünnen Gliedmaßen mit abnorm beweglichen und steifen, verkrümmten Gelenken als offensichtlichste Mißbildung weisen erkrankte Tiere häufig Schädeldeformationen, Wirbelsäulenverkrümmungen sowie Veränderungen an Blutgefäßen und zentralem Nervensystem auf. Kälber werden tot geboren oder verenden kurz nach der Geburt.

Betroffene Rassen: Fleckvieh, Brown Swiss, Deutsche Holsteins, Limousin

## **11.2 Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Original**

### **Braunvieh**

Zum gegebenen Zeitpunkt werden keine Untersuchungen auf Erbfehler beim Original Braunvieh vorgenommen.

# Literaturverzeichnis

[KRÄUSSLICH 1994] KRÄUSSLICH, H. (1994). *Tierzüchtungslehre*. Eugen Ulmer, Stuttgart, 4. Aufl.

# Monitoring tiergenetischer Ressourcen

–PINZGAUER FLEISCH–



herausgegeben von  
Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft  
27. April 2010



**Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

**Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V. (ADR)

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL)

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (VIT)

Quelle Titelbild: LfL



# Inhaltsverzeichnis

1	Anerkannte Zuchtverbände . . . . .	4
2	Rassebeschreibung . . . . .	5
3	Zuchtgeschichte . . . . .	6
4	Zuchtprogramm . . . . .	7
5	Zuchtziel . . . . .	7
6	Heutiger Stand . . . . .	8
7	Verwendete Datensätze . . . . .	8
8	Beschreibende Analyse der aktuellen Population . . . . .	10
9	Berechnung und Analyse der Populationsparameter . . . . .	13
9.1	Generationsintervall . . . . .	14
9.2	Pedigree-Vollständigkeit . . . . .	15
9.3	Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry . . . . .	18
9.4	Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge . . . . .	18
10	Interpretation der Ergebnisse . . . . .	21
11	Erbfehler beim Rind . . . . .	23
11.1	Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind . . . . .	23
11.2	Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Pinzgauer . . . . .	25
	<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>27</b>

# 1 Anerkannte Zuchtverbände

## **Rinderzucht Mecklenburg-Vorpommern GmbH**

Zarchliner Str. 7

19395 Karow

Tel.: 038738/73034

email: [rmv-karow@t-online.de](mailto:rmv-karow@t-online.de)

[www.rinderzucht-mv.de](http://www.rinderzucht-mv.de)



## **Rinderzuchtverband Sachsen-Anhalt eG**

Angerstr. 6

06118 Halle/Saale

Tel.: 0345/5214963

email: [fleischrind@rsaeg.de](mailto:fleischrind@rsaeg.de)

[www.rsaeg.de](http://www.rsaeg.de)



## **Fleischrindherdbuch Bonn e.V.**

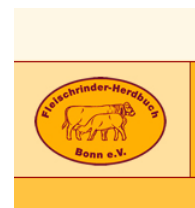
Endenicher Allee 60

53115 Bonn

Tel.: 0228/633029

email: [info@fhb-bonn.de](mailto:info@fhb-bonn.de)

[www.fhb-bonn.de](http://www.fhb-bonn.de)



**Fleischrinderverband Bayern e.V.**

Jüdtstr. 1 91522 Ansbach  
Tel.: 0981/48841-0  
email: fvb-an@t-online.de  
www.frv.bayern.de



**Rinderunion Baden-Württemberg e.V.**

Heinrich-Baumann-Str. 1-3  
70190 Stuttgart  
Tel.: 0711/1665582  
email: fleischrinder@rind-bw.de  
www.rind-bw.de



**Rinderzucht Schleswig-Holstein eG**

Rendsburger Str. 178  
24537 Neumünster  
Tel.: 04321/905-300  
email: rsheG@rsheG.de  
www.rsheg.de



## 2 Rassebeschreibung

Die aus dem Pinzgau in Österreich stammenden Pinzgauer kommen in Deutschland vorwiegend im Südosten Oberbayerns vor. Zur Fleischnutzung gehaltene Tiere der Rasse findet man hauptsächlich in Ostdeutschland.

Die Tiere sind mittel- bis großrahmig mit einer Widerristhöhe von 135–140 cm bei der Kuh und 145–150 cm beim Bullen. Pinzgauer sind kastanienbraun mit einem weißen Streifen vom Widerrist über den Rücken bis zur Hinterseite der Oberschenkel. Der Bauch ist bis zur Brust ebenfalls weiß, an den Beinen befinden sich auf Höhe des



Abb. 2.1: Pinzgauer-Bulle, Quelle: LfL

Unterschenkels bzw. des Oberarms weiße Streifen. Gelegentlich kommen neben der kastanienbraunen Färbung auch schwarze Tiere vor.

Pinzgauer sind sehr anpassungsfähig und können somit in verschiedensten Klimazonen gehalten werden. Dank ihrer guten Fundamente und harten Klauen eignen sie sich auch für hochalpine Lagen. Pinzgauer gelten als friedfertig, gute Futterverwerter und widerstandsfähig.

## 3 Zuchtgeschichte

Das Stammzuchtgebiet des Pinzgauer Rindes ist die Hohe Tauern bei Salzburg. Aus Bajuwaren- und Slawenrind entwickelten sich Landschläge mit unterschiedlicher Scheckung mit schwarzer oder brauner Pigmentierung. Mit der Gründung der ersten Züchtervereinigung Ende des 19. Jahrhunderts wurde die Rasse Pinzgauer definiert. Das Zuchtziel sah strenge Farbvorschriften vor. Die Rinder sollten eine kastanienbraune Färbung aufweisen, nur in Einzelfällen war auch schwarzes Fell erlaubt (sogenannte Glückskühe).

Wichtiges Zuchtziel war neben der Milch- und Fleischleistung auch die Zugkraft der Tiere. Nach der Mechanisierung in der Landwirtschaft fiel dieses Zuchtziel allerdings weg. Um die Milchleistung zu erhöhen und die Rasse marktfähig zu halten, wurde 1969 der Beschluss zur Einkreuzung mit Red Holstein gefasst. Dadurch, dass einige Züchter jedoch in Reinzucht weiterzuchteten, besteht die Pinzgauer Population heute aus einer Reinzucht- und einer Kreuzungszuchtpopulation. In den letzten Jahren tritt die Reinzucht wieder deutlich in den Vordergrund.

Neben behornten Tieren treten auch selten hornlose Tiere auf, die als Jochberger Hummeln bezeichnet werden. Das erste hornlose Kalb wurde 1834 in Tirol geboren. Damals waren hornlose Tiere allerdings unbrauchbar, da die Joche nicht angelegt werden konnten.

Heute ist die Rasse Pinzgauer mit über 1 Mio. Tieren in etwa 25 Ländern weltweit vertreten. Österreich, Bayern und Südtirol bilden nach wie vor das Stammzuchtgebiet, wobei etwa 90 % des Weltbestandes außerhalb Österreichs gehalten werden. Tiere der Fleischnutzung werden in Deutschland vorwiegend im Osten gehalten.

## 4 Zuchtprogramm

## 5 Zuchtziel

Pinzgauer Fleisch-Tiere sollen lang anhaltendes Fleischwachstum ohne nachteilige Verfettung zeigen. Die täglichen Zunahmen sollen bei 1300 g liegen. Die gewünschte Schlachtausbeute liegt bei 58 %.

Bei den funktionalen Merkmalen spielen vor allem Robustheit, lange Nutzungsdauer, leichte Abkalbungen, ein ausgezeichnetes Fundament sowie ein ausgeglichener Charakter eine Rolle.

Die im Zuchtziel festgelegten Körpermaße betragen für die Widerristhöhe 148 - 155 cm bei Bullen und 138 - 142 cm bei Kühen sowie für das Körpergewicht 1000-1200 kg bei Bullen und 650-750 kg bei Kühen.

In Zukunft soll die genetische Hornlosigkeit mehr berücksichtigt werden. Genetisch hornlose Tiere gehen meist auf den Bullen HALLER zurück.

## 6 **Heutiger Stand**

Im Jahr 2008 wurden insgesamt 472 Herdbuch-Kühe der Rasse Pinzgauer Fleisch gehalten. Das Hauptzuchtgebiet in Deutschland liegt in Sachsen-Anhalt und Mecklenburg-Vorpommern.

## 7 **Verwendete Datensätze**

Für die nachfolgenden Analysen wurden 3 verschiedene Datensätze verwendet.

### **Datensatz A**

Für die statistische und deskriptive Analyse der Population (vgl. Kapitel 8) kam der Datensatz A zur Verwendung. Der komplette Datensatz wurde aus zentralen Datenbanken ausgezogen und auf Plausibilität geprüft. Im Datensatz A sind Tiere enthalten, die in den letzten 10 vollständig besetzten Geburtsjahrgängen geboren wurden und unter Milchleistungsprüfung standen. Es konnten somit deskriptive Analysen für diesen Zeitraum gemacht werden. Entwicklungen und Verläufe, die an der untersuchten Population beobachtet werden können, konnten so über einen ausreichend großen Zeitraum dargestellt und analysiert werden. Gleichzeitig ist der Bezug zur lebenden, aktiven Zuchtpopulation gegeben, da viele der Tiere im untersuchten Datensatz noch während der Analyse zur lebenden Zuchtpopulation gehörten. Ein ausschließliches Betrachten der lebenden Zuchttiere ist für die deskriptive Datenanalyse jedoch nicht sinnvoll. Ein zu kurzer Untersuchungszeitraum und eine nicht ausreichende Besetzung der Jahrgänge würde für eine fundierte Analyse nicht ausreichen.

### **Datensatz B**

Die Berechnung der Populationsparameter wie Inzucht und effektive Populationsgröße erfolgte auf der Grundlage eines weiteren Datensatzes B. Dieser Datensatz B umfasst alle Tiere der aktuellen Population samt Abstammungen bis zur definierten Basis (Geburtsjahrgang 1950). Als zur aktuellen Population zugehörig wurden alle Tiere behandelt, die zur letzten Generation aktiver Zuchttiere gehörten. Es wurde dazu wieder vom letzten vollbesetzten Geburtsjahrgang ausgegangen und eine Generation zurückgegangen.

Um eine Vereinheitlichung zwischen den Rassen zu erreichen, wurde die Generationslänge für die Generierung des Datensatzes auf 6 Jahre festgelegt. Die tatsächliche Generationslänge kann natürlich von Rasse zu Rasse abweichen.

Für die Tiere, die in dem festgelegten Zeitraum von 6 Jahren geboren wurden, wurde das Pedigree bis zur definierten Basis aufgebaut.

### **Datensatz C**

Um einen Datensatz verwenden zu können, der nur Tiere berücksichtigt, die ein möglichst vollständiges Pinzgauer–Pedigree aufweisen, wurde ein weiterer Datensatz C erstellt, der ein Sub–Datensatz des Datensatzes B ist. Der Datensatz C wurde ebenfalls zur Berechnung der Populationsparameter verwendet. Somit konnten die Ergebnisse beider Datensätze direkt gegenüber gestellt werden.

Im Datensatz B werden Einkreuzungen fremder Rassen als Genzufluss aus einer unverwandten Basis betrachtet (Immigration). Immigration kann bereits in geringem Umfang den Inzuchtanstieg abbremsen und führt somit zu höheren Schätzwerten für die inzuchteffektive Populationsgröße. Dies kann zu Fehleinschätzungen der Entwicklung der rassespezifischen Diversität führen. Im Datensatz C wurde deshalb unter Verwendung des Kriteriums des ‚pedigree completeness index‘ (PCI) die Gesamtbetrachtung auf die Tiere der aktuellen Population eingeschränkt, die über ein ausreichend tiefes rassespezifisches Pedigree verfügen (PCI von 0.7 auf 3 Generationen). Ein Vergleich der Ergebnisse basierend auf den Datenbeständen B und C erlaubt somit eine ungefähre Abschätzung des Effektes von Immigration auf den Inzuchtanstieg. Ergebnisse basierend auf Datensatz C dürften allerdings mehr Aussagekraft in Bezug auf die

Entwicklungen einer rassespezifischen ‚Kernpopulation‘ haben.

## 8 Beschreibende Analyse der aktuellen Population

Für die nachfolgenden Analysen wurde der Datensatz A als Berechnungsbasis herangezogen (siehe Kapitel 7). Es wurden Daten von Tieren der Geburtsjahrgänge 1999 bis 2008 untersucht. Der Datensatz A bestand aus insgesamt 3073 Tieren (1611 weibliche und 1462 männliche). In der untersuchten 10-Jahresperiode wurden insgesamt 226 Väter und 1068 Mütter eingesetzt.

Um einen vollständigeren Überblick über das verwendete Datenmaterial zu gewinnen, dient die Tabelle 8.1. Für jeden Geburtsjahrgang ist die Anzahl der in diesem Jahr geborenen Tiere abgetragen. Weiterhin sind in den folgenden Spalten die Anzahl der in diesem Geburtsjahrgang eingesetzten Mütter und der eingesetzten Väter abgetragen. Mütter und Väter können demnach mehrfach gezählt werden, wenn sie in mehreren Jahren zum Einsatz kommen. Für die im jeweiligen Geburtsjahrgang der untersuchten Tiere eingesetzten Väter sind weiterhin die minimale, maximale und durchschnittliche Anzahl von Nachkommen aufgelistet. In der zweiten Tabellenhälfte sind dieselben Angaben enthalten, allerdings werden für diese Berechnungen ausschließlich Tiere verwendet, deren Vater und Mutter Pinzgauer Fleisch-Tiere sind.



Tab. 8.1: Anzahl der Tiere mit Eltern für die gesamte Population und für Tiere mit Pinzgauer Fleisch-Eltern (GJ=Geburtsjahr, n Mütter=Anzahl Mütter, Min., Max., Mitt.= minimale, maximale und mittlere Anzahl Nachkommen je Vater im jeweiligen Geburtsjahrgang)

GJ	Alle Tiere						Nur Tiere mit Pinzgauer Fleisch-Eltern					
	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.
1999	399	348	45	1	71	8	214	206	28	1	69	8
2000	379	340	63	1	50	5	191	184	22	1	49	9
2001	338	299	51	1	50	6	191	177	26	1	48	7
2002	326	289	38	1	46	8	168	156	21	1	43	8
2003	306	268	40	1	46	7	178	163	27	1	33	7
2004	277	254	36	1	52	7	161	153	23	1	33	7
2005	264	233	43	1	41	6	175	161	31	1	31	6
2006	253	230	40	1	45	6	178	164	30	1	45	6
2007	253	232	44	1	38	5	163	150	30	1	38	5
2008	278	254	46	1	36	5	192	176	32	1	36	6

Die Anzahl der Jahre, in denen ein Vater– bzw. Muttertier eingesetzt wurde, liegt bei 2.55 Jahren für die Väter und bei 2.56 Jahren für die Mütter.

In der Abbildung 8.1 ist die absolute Anzahl von Tieren im verwendeten Datensatz unterteilt nach Rassezugehörigkeit des Vaters gezeigt.

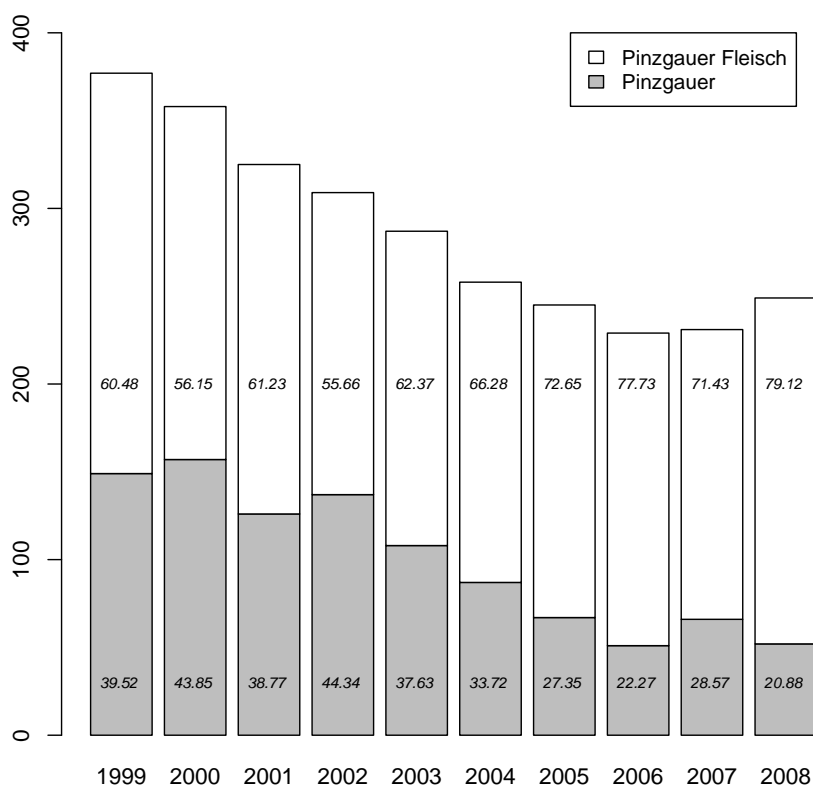


Abb. 8.1: Absolute Anzahl der Tiere im Datensatz und Rassezugehörigkeit (in Prozent) ihrer Väter

Einen Überblick über die Rassezugehörigkeit und die Herkunft der eingesetzten Väter gibt die Tabelle 8.2. In der Tabelle ist sowohl die Anzahl der eingesetzten Väter als auch die Anzahl der Nachkommen dargestellt.

Tab. 8.2: Herkunftsland und -rasse der Väter (AUT = Österreich, DEU = Deutschland, Zahl vor Schrägstrich = Anzahl Väter, Zahl hinter Schrägstrich = Anzahl Nachkommen)

Herkunft	Total	Pinzgauer	Pinzgauer Fleisch	Sonstige
AUT	135/1023	57/480	78/543	0/0
DEU	85/1764	15/447	64/1311	6/6

## 9 Berechnung und Analyse der Populationsparameter

Grundlage für die Berechnungen der Populationsparameter waren der Datensatz B (siehe Kapitel 7), als auch der Datensatz C, bei dem die aktuelle Population auf Basis des PCI eingeschränkt wurde. Es konnten so beide Populationen (Pinzgauer-Population mit Einkreuzung rassefremder Tiere (Datensatz B) und Pinzgauer-Population mit tiefem Pinzgauer-Pedigree (Datensatz C)) direkt miteinander verglichen und die Ergebnisse gegenübergestellt werden.

Die Auswahl der aktuellen Population erfolgte im aktuellen Bericht für den Zeitraum von 2003 bis 2008. In der aktuellen Population von Datensatz B befanden sich 1432 Tiere und von Datensatz C 756 Tiere. Für die gesamte Population betrachtet (aktuelle Population samt Pedigree) ergaben sich Populationsgrößen von 2634 Tieren im Datensatz B und 1664 Tieren im Datensatz C. Das bedeutet, dass 37 % der im ursprünglichen Datensatz B befindlichen Tiere durch die Einschränkung mittels PCI ausgeschlossen wurden.

Die Besetzung der Geburtsjahrgänge für die Datensätze B und C wird in Abbildung 9.1 dargestellt. Der sprunghafte Anstieg der Tierzahlen im Jahr 2003 ist dadurch begründet, dass ab diesem Jahr alle Tiere, die sich in der Zuchtpopulation befanden, berücksichtigt werden. Von 1950 bis 2003 sind lediglich deren Vorfahren vorhanden.

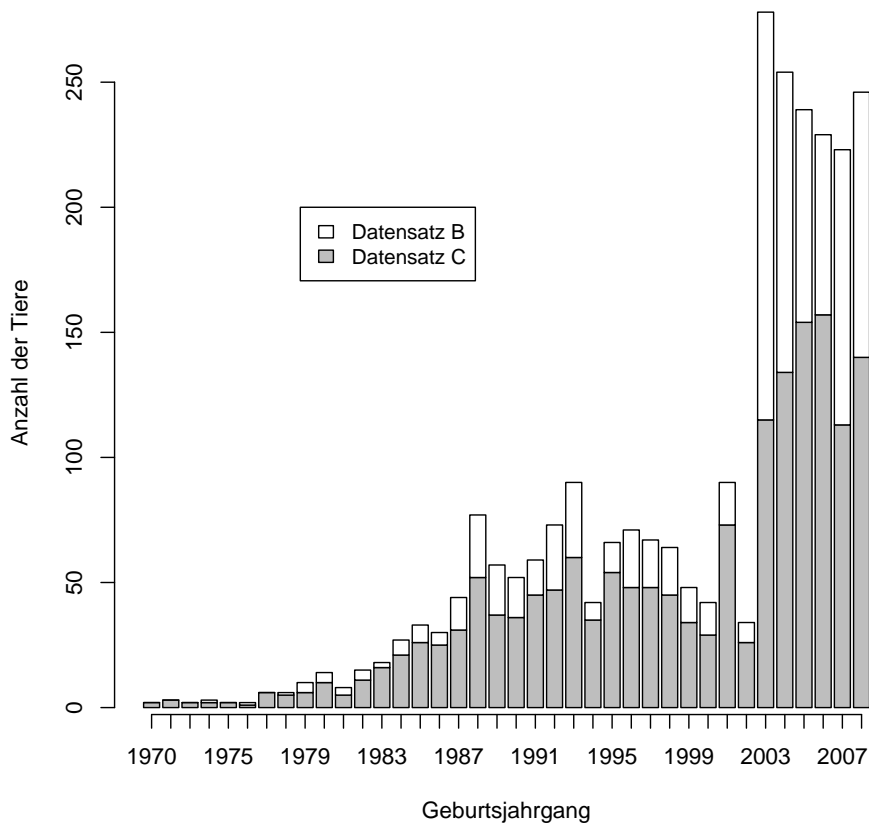


Abb. 9.1: Besetzung der Geburtsjahrgänge für Datensatz B und Datensatz C

## 9.1 Generationsintervall

Das Generationsintervall wurde für den Zeitraum von 1981 bis 2000 berechnet. Dieses Zeitfenster wurde gewählt um sicherzustellen, dass vollständige Generationen berechnet werden können. In der folgenden Abbildung 9.2 ist der Verlauf der Generationsintervalle berechnet für die 4 Vererbungspfade dargestellt. Aus den Einzelwerten für die 4 Vererbungspfade wurde über die Jahre ein arithmetisches Mittel berechnet. Das sich daraus ergebene mittlere Generationsintervall für die untersuchte Population lag bei 5.46 Jahren.

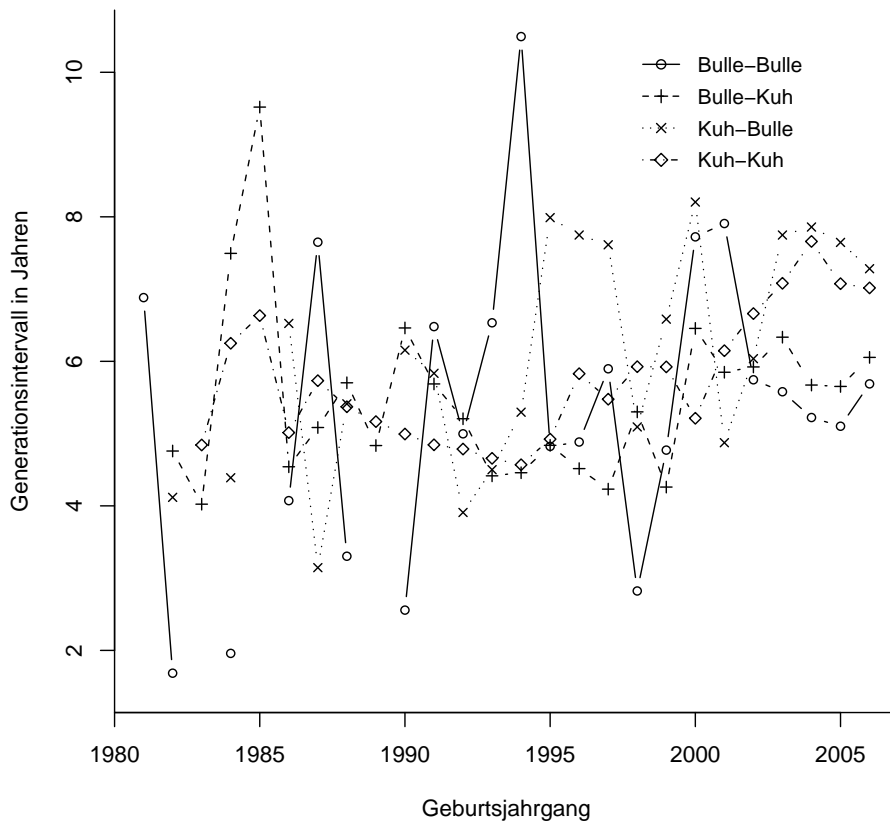


Abb. 9.2: Verlauf des Generationsintervalles für die vier Vererbungspfade für die Geburtsjahrgänge 1981 bis 2000

Tab. 9.1: Mittleres Generationsintervall in Jahren für jeden Vererbungspfad, berechnet für den Zeitraum von 1980 bis 2000

Bulle-Bulle	Bulle-Kuh	Kuh-Bulle	Kuh-Kuh
5.34	5.49	6.09	5.74

## 9.2 Pedigree-Vollständigkeit

Um gezielte Aussagen über die Inzuchtentwicklung und die daraus resultierenden Parameter gewinnen zu können, wurde die vorliegende Population im Datensatz B auf Vollständigkeit des Pedigrees, den Pedigree Completeness Index (PCI), hin untersucht.

Es wurde eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen gefordert, sowie verschiedene

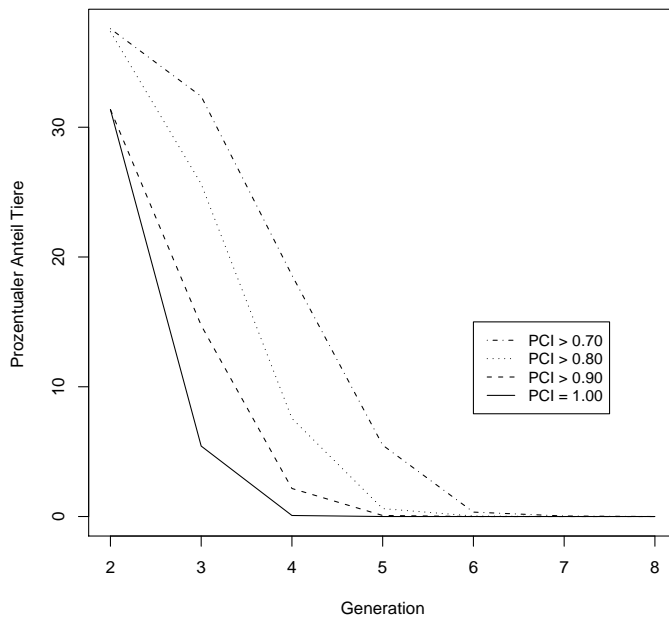


Abb. 9.3: Prozentualer Anteil der Tiere des gesamten Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

Mindestwerte für den PCI. In den Abbildungen 9.3 und 9.4 ist jeweils der prozentuale Anteil der Tiere dargestellt, die für die jeweilige Pedigreetiefe die geforderten Mindestwerte erfüllen. In der Abbildung 9.3 werden alle Tiere im gesamten Pedigree der aktuellen Population berücksichtigt, in Abbildung 9.4 wird die Pedigree Completeness nur für Tiere berechnet, die sich in der aktuellen Population befinden, also zur letzten Generation gehören. Da diese Tiere ein tieferes und vollständigeres Pedigree aufweisen, erhöhen sich die prozentualen Anteile von Tieren, die die geforderten Mindestwerte erreichen.

Der Verlauf der PCI über die Geburtsjahrgänge für eine Pedigreetiefe von 2 Generationen ist für die beiden verwendeten Datensätze gemeinsam in Abbildung 9.5 dargestellt.

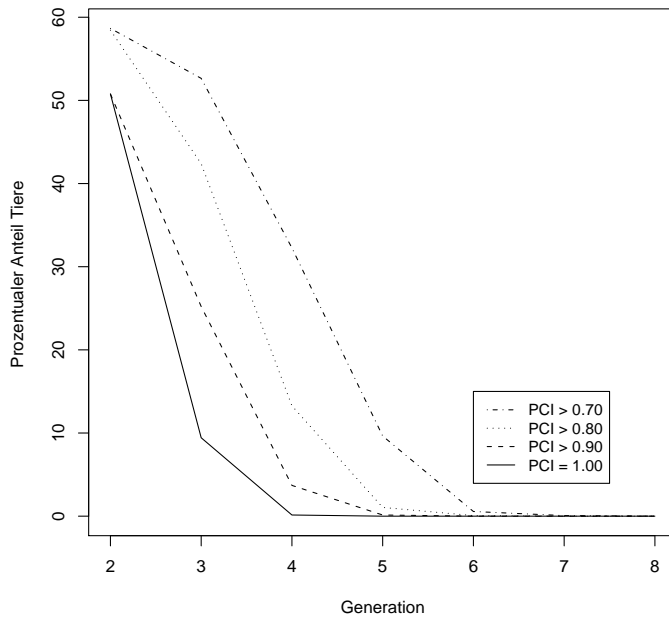


Abb. 9.4: Prozentualer Anteil der Tiere der aktuellen Population des Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

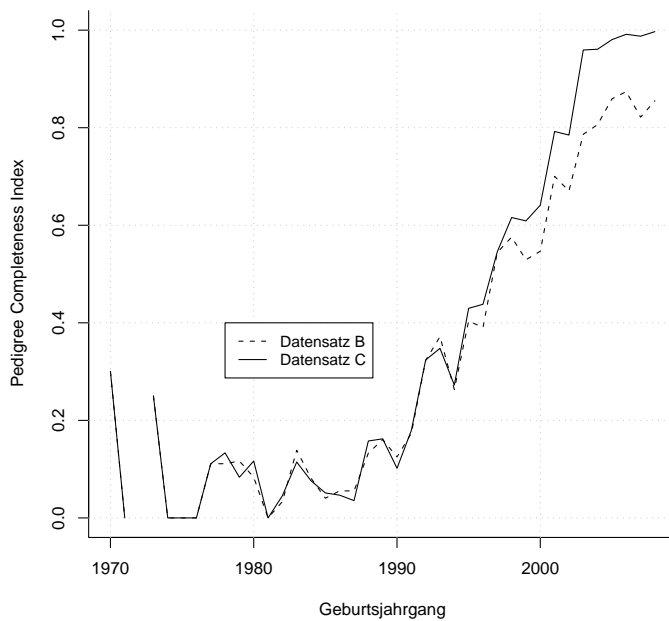


Abb. 9.5: Verlauf des Pedigree Completeness Index berechnet für beide Datensätze mit einer Pedigreetiefe von 2 Generationen

### 9.3 Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry

Die effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) wurde sowohl auf Basis der Inzucht als auch auf Basis der Coancestry berechnet. Es sollte dadurch erreicht werden, eventuelle Differenzen zwischen beiden Methoden sichtbar zu machen und so z.B. gezielt in der Population betriebene Inzuchtvermeidung aufzudecken. In der Abbildung 9.6 sind die Kurvenverläufe der Inzucht und Coancestry dargestellt. Weiterhin ist die effektive Populationsgröße in der jeweiligen Grafik abgetragen. Für die Berechnung der effektiven Populationsgröße wurde das Jahr 1990 als Basisjahr für die Regression festgelegt. Es kann so davon ausgegangen werden, dass die Jahrgänge ausreichend besetzt sind und die Abstammungen weitgehend vollständig sind. Das Generationsintervall, das für die Berechnung ebenfalls benötigt wurde, betrug 5.46 Jahre (vgl. Kapitel 9.1).

Um vergleichende Aussagen zwischen Rassen treffen zu können, wurde das Verhältnis von tatsächlicher Populationsgröße der aktuellen Population und effektiver Populationsgröße aus Inzucht berechnet. Es betrug für den verwendeten Datensatz B 1:12 (effektiv:tatsächlich) und für den Datensatz C 1:11.

### 9.4 Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge

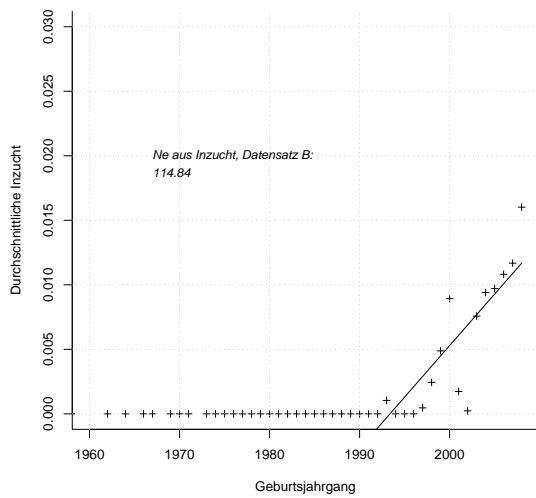
Für die Analyse der effektiven Anzahl der Basistiere (effective founders,  $f_e$ ) und der effektiven Anzahl der Ahnen (effective ancestors,  $f_a$ ) ergaben sich die in Tabelle 9.2 angegebenen Werte. Zusätzlich sind die Schätzwerte für die  $N_e$  angegeben.

Tab. 9.2: Berechnete Populationsparameter

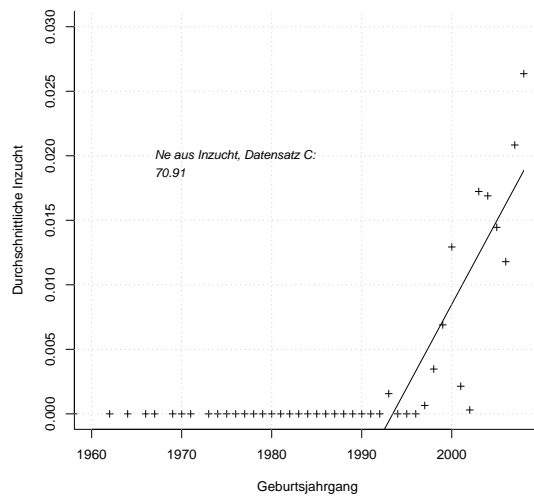
Parameter	Datensatz B	Datensatz C
Ne aus Inzucht / Ne aus Coancestry	115 / 100	71 / 60
$f_e$	64	69
$f_a$	58	54

Um sich einen Überblick über eventuelle Flaschenhalsereignisse in der Population zu

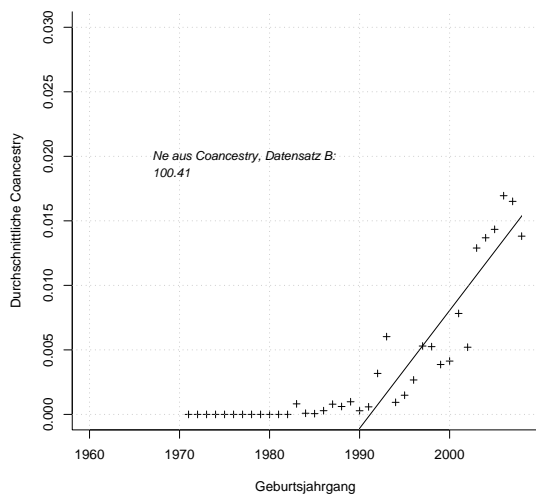




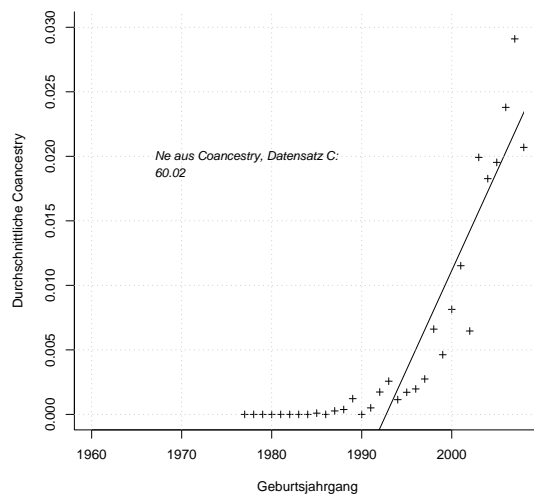
(a) Inzucht (Datensatz B)



(b) Inzucht (Datensatz C)



(c) Coancestry (Datensatz B)

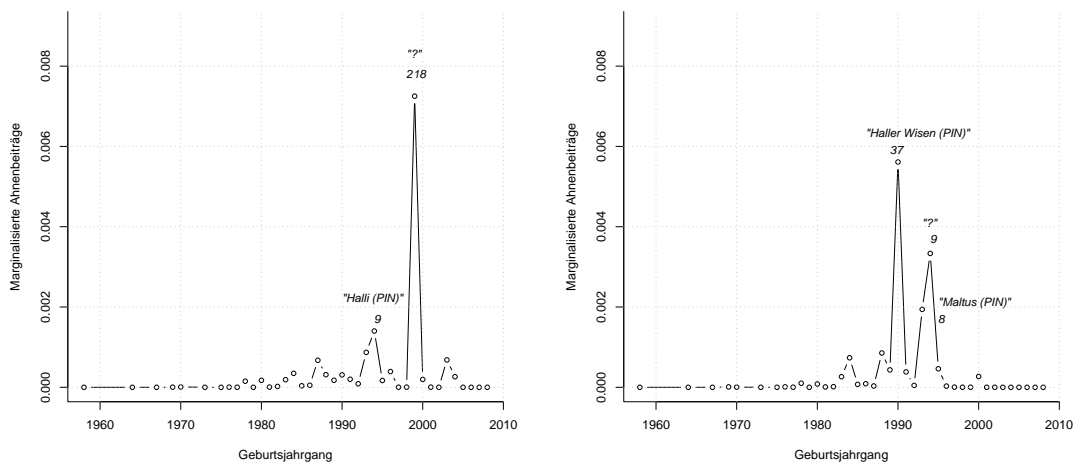


(d) Coancestry (Datensatz C)

Abb. 9.6: Verlauf der Inzucht und Coancestry getrennt nach Datensätzen

verschaffen, wurden die marginalisierten Beiträge der Ahnen berechnet. Der Verlauf dieser Beiträge ist für die Bullen in der Abbildung 9.7 zu sehen. Über den ausgeprägtesten Peaks ist der dazugehörige Bulle namentlich erwähnt sowie die Anzahl seiner direkten Nachkommen. Gehört der Bulle einer Fremdrasse an, so ist dessen Rasse hinter dem Bullennamen eingefügt.

Eine Übersicht über die Rassebeiträge an der aktuellen Population für die Datensätze B und C geben die Tabellen 9.3 und 9.4.



(a) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz B) (b) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz C)

Abb. 9.7: Darstellung der marginalisierten Ahnenbeiträge der Bullen in der Pinzgauer-Population

Um Aussagen über den zeitlichen Verlauf der Rassebeiträge machen zu können, wurden für Datensatz C die Rassebeiträge je Geburtsjahrgang für die Geburtsjahrgänge 1980 bis 2004 berechnet. Die Ergebnisse sind in Abbildung 9.8 dargestellt. Es muss bei der Interpretation beachtet werden, dass im Datensatz lediglich Gelbvieh-Tiere der aktuellen Generation mit ihren Eltern enthalten sind.

Tab. 9.3: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz B)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Sonstige	1.28
Pinzgauer Fleisch	16.67
Pinzgauer	82.05

Tab. 9.4: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz C)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Sonstige	0.53
Pinzgauer Fleisch	15.77
Pinzgauer	83.70

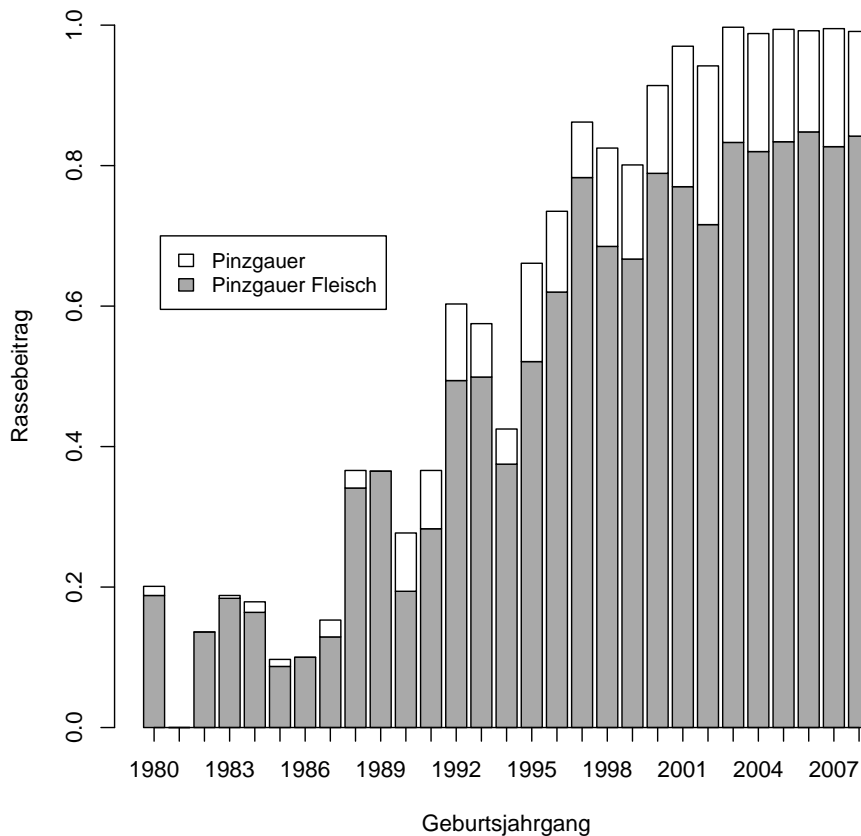


Abb. 9.8: Rassebeiträge im Verlauf über die Geburtsjahrgänge (Datensatz C)

## 10 Interpretation der Ergebnisse

Die Rasse Pinzgauer Fleisch wird in einem vom Pinzgauer Doppelnutzung getrennten Herdbuch geführt. In den letzten Jahren war die Populationsgröße stabil, wenn auch auf recht niedrigem Niveau. Da eine Aufspaltung der Rasse Pinzgauer in die Rassen Pinzgauer Doppelnutzung und Pinzgauer Fleisch noch nicht allzu weit zurückliegt, ist die Datengrundlage für die populationsgenetischen Analysen bei Pinzgauer Fleisch eher schlecht.

Bei einer Analyse der im Datensatz vorkommenden Rassen zeigt sich deutlich, dass die meisten als Pinzgauer Fleisch eingetragenen Tiere, zumeist väterlicherseits vom Pinzgauer Doppelnutzung abstammen, wobei auch in großem Umfang österreichi-

sche Tiere eingesetzt werden. Es ist demnach für die Rasse Pinzgauer Fleisch kaum möglich, eine sinnvolle Interpretation der Ergebnisse durchzuführen. Ähnlich wie bei Fleckvieh Fleisch rekrutiert sich die Rasse ständig aus der großen Pinzgauer Doppelnutzung Population.

Aus diesem Umstand ergeben sich auch moderate effektive Populationsgrößen auf Basis des Anstiegs des Inzucht- bzw. des Coancestrykoeffizienten von etwa 110 für Datensatz B. Bei Betrachtung der Tiere der aktuellen Population, die über 3 Generationen ein relativ vollständiges Pedigree aufweisen (Datensatz C), wird anhand der niedrigeren  $N_e$ -Werte schon deutlich, dass die Deklaration der Pinzgauer Doppelnutzung als Fremdrasse einen Einfluss auf die Pedigreevollständigkeit und den Inzuchtgrad hat. Als richtungsweisende  $N_e$  wird für diese Rasse ein Wert von **65** angenommen. Kenngrößen wie die effektive Anzahl von Basistieren ( $f_e$ ) oder die Anzahl der effektiven Ahnen ( $f_a$ ), sind in der Lage, die Effekte von genetischer Drift zu quantifizieren. Im vorliegenden Fall liegen die Schätzwerte dieser beiden Größen mit 55-65 Tieren im gleichen Bereich wie die inzuchteffektiven Populationsgröße. Bei einer so kleinen Population wie sie bei der Rasse Pinzgauer Fleisch vorliegt, ist dieses Ergebnis nicht zu erwarten gewesen. Die berechneten Werte lassen unter Berücksichtigung einer klaren Rasseabgrenzung darauf schließen, dass der Verlust an rassespezifischen Genen nicht gravierend ist. Bei der untersuchten Rasse Pinzgauer Fleisch hingegen sind die berechneten Werte Ausdruck der Anpaarungspolitik mit einer steten Hereinnahme von Genen aus der Rasse Pinzgauer Doppelnutzung. Der hohe Anteil an Fremdgenen zeigt sich auch bei den Rassebeiträgen der Founder an der aktuellen Population. Hier stellen die Tiere der Rasse Pinzgauer Doppelnutzung mit etwa 83 % mit Abstand den höchsten Anteil.

Bei der Rasse Pinzgauer Fleisch sollten für eine aussagekräftige Interpretation ebenfalls die Ergebnisse der Rasse Pinzgauer Doppelnutzung mit einbezogen werden, da für ein Monitoring der genetischen Ressourcen eine Abgrenzung der Rassen nicht zu empfehlen ist. Da ein Großteil der eingesetzten Bullen österreichische Bullen sind, wäre es ebenfalls sinnvoll, die Gesamtpopulation zukünftig in die Analyse der Ergebnisse zu integrieren.

# 11 Erbfehler beim Rind

## 11.1 Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind

Unter Erbfehlern versteht man „Missbildungen und Störungen normaler Vorgänge, die ererbt worden sind“ [KRÄUSSLICH 1994]. Solche Missbildungen und Störungen treten vorwiegend prä-, peri- und postnatal auf, können sich aber auch erst später zeigen. Viele dieser Erbfehler sind letal und führen somit zu erheblichen wirtschaftlichen Einbußen in der Rinderhaltung.

Die meisten Erbfehler werden monogen homozygot rezessiv vererbt, wodurch die Häufigkeiten von Erbfehlern in Populationen sehr gering sind. Durch bestimmte Faktoren kann diese Häufigkeit allerdings durch Zufall erhöht werden. So kann z.B. ein übermäßiger Einsatz eines für einen Erbfehler heterozygoten aber sonst sehr leistungsstarken Besamungsbullen zu einer massiven Erhöhung des Auftretens dieses Erbfehlers nach einigen Generationen führen. Auch können sich homozygot unerwünschte Gene leichter ausbreiten, wenn sie in heterozygoten Tieren günstige Effekte bewirken. So wirkt sich z.B. das mutierte Gen beim Braunvieh, das homozygot zum Zwergenwuchs führt, bei heterozygoten Tieren in einem kleineren und gedrungenem Körperbau aus, was vor einigen Jahren dem Zuchtziel dieser Rasse entsprach. Ungewollt wurden also heterozygote Trägartiere des unerwünschten Gens selektiert. Ein weiteres Beispiel ist das Weaver-Gen bei Brown Swiss Rindern. Dieses Gen ist eng gekoppelt mit einem Gen, das zu erhöhter Milchleistung führt und wurde daher indirekt mit selektiert [KRÄUSSLICH 1994].

Aktuelle Informationen über den molekulargenetischen Hintergrund verschiedener genetischer Defekte beim Rind sind in der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) zu finden. Im Moment werden 376 verschiedene Phänotypen beim Rind beschrieben, wobei 75 davon zu den Single-Locus Merkmalen zählen. Für 43 Phänotypen konnte bereits die ursächliche DNA-Mutation ermittelt werden.

Die wirtschaftlich wichtigsten Erbfehler beim Rind sollen im Folgenden kurz beschrieben werden.

### **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Erblich bedingt Immunschwäche. Kälber sterben meist in den ersten Lebenswochen an banalen Infektionen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Missbildungen an der Wirbelsäule mit Auswirkungen auf die Gliedmaßen. Kälber sterben spätestens kurz nach der Geburt.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Es kommt zu einer Unterproduktion von Uridin-Monophosphat, das ein wichtiger Baustein der Pyrimidin-Nukleotide darstellt. Betroffene Tiere sterben schon im embryonalen Stadium ab.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **Citrullinämie**

Harnstoff-Zyklus ist durch einen Enzymdefekt gestört. Die Kälber sterben 3–5 Tage nach der Geburt an einer Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Motorische Neuronen in Rückenmark, Hirnstamm und motorischen Hirnrindengebieten sind stark dezimiert. Die betroffenen Kälber zeigen im Alter von wenigen Wochen Muskelschwäche bzw. Schwund der Skelettmuskulatur mit Festliegen in Brustlage, herabgesetzten spinalen Reflexen und pumpender Atmung. Die Erkrankung verläuft innerhalb weniger Wochen tödlich.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **SDM (Spinale Dysmelisierung)**

Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nervenzellgebieten gekennzeichnet ist. Die erkrankten Kälber liegen zumeist gleich nach der Geburt in Seitenlage mit nach vorne gestreckten Gliedmaßen fest. Der Kopf ist häufig nach oben hinten gerichtet ('Mondguckerhaltung').

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Erste Krankheitszeichen entwickeln sich bei den betroffenen Tieren im Alter von mehreren Monaten. Diese zeigen sich in Form von Nachhandschwäche, Schwierigkeiten beim Aufstehen und unsicherem, schwankendem Gang. Innerhalb von 1-3 Jahren kommt es zum Festliegen des erkrankten Tieres und zum Tod.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Neben übermäßig langen, dünnen Gliedmaßen mit abnorm beweglichen und steifen, verkrümmten Gelenken als offensichtlichste Mißbildung weisen erkrankte Tiere häufig Schädeldeformationen, Wirbelsäulenverkrümmungen sowie Veränderungen an Blutgefäßen und zentralem Nervensystem auf. Kälber werden tot geboren oder verenden kurz nach der Geburt.

Betroffene Rassen: Fleckvieh, Brown Swiss, Deutsche Holsteins, Limousin

## **11.2 Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Pinzgauer**

Es liegen z.Zt. keine bekannten Erbfehler beim Pinzgauer vor.





# Literaturverzeichnis

[KRÄUSSLICH 1994] KRÄUSSLICH, H. (1994). *Tierzüchtungslehre*. Eugen Ulmer, Stuttgart, 4. Aufl.

# Monitoring tiergenetischer Ressourcen

–PINZGAUER–



herausgegeben von  
Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft  
27. April 2010



**Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

**Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V. (ADR)

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL)

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (VIT)

Quelle Titelbild: LfL

# Inhaltsverzeichnis

1	Anerkannte Zuchtverbände . . . . .	4
2	Rassebeschreibung . . . . .	5
3	Zuchtgeschichte . . . . .	6
4	Zuchtprogramm . . . . .	7
5	Zuchtziel . . . . .	8
6	Heutiger Stand . . . . .	8
7	Verwendete Datensätze . . . . .	9
8	Beschreibende Analyse der aktuellen Population . . . . .	11
9	Berechnung und Analyse der Populationsparameter . . . . .	14
9.1	Generationsintervall . . . . .	15
9.2	Pedigree-Vollständigkeit . . . . .	16
9.3	Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry . . . . .	18
9.4	Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge . . . . .	19
10	Interpretation der Ergebnisse . . . . .	22
11	Erbfehler beim Rind . . . . .	24
11.1	Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind . . . . .	24
11.2	Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Pinzgauer . . . . .	26
	<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>27</b>

# 1 **Anerkannte Zuchtverbände**

## **Rinderzuchtverband Traunstein**

Kardinal-Faulhaber-Str. 15

83278 Traunstein

Tel.: 0861/7002-0

email: [zuchtverband@rzv-traunstein.bayern.de](mailto:zuchtverband@rzv-traunstein.bayern.de)

[www.lbr.bayern.de/rzv-traunstein](http://www.lbr.bayern.de/rzv-traunstein)

## 2 Rassebeschreibung



Abb. 2.1: Pinzgauer-Bulle, Quelle: LfL

Die aus dem Pinzgau in Österreich stammenden Pinzgauer kommen in Deutschland vorwiegend im Südosten Oberbayerns vor. Zur Fleischnutzung gehaltene Tiere der Rasse findet man hauptsächlich in Ostdeutschland.

Die Tiere sind mittel- bis großrahmig mit einer Widerristhöhe von 135–140 cm bei der Kuh und 145–150 cm beim Bullen. Pinzgauer sind kastanienbraun mit einem weißen Streifen vom Widerrist über den Rücken bis zur Hinterseite der Oberschenkel. Der Bauch ist bis zur Brust ebenfalls weiß, an den Beinen befinden sich auf Höhe des Unterschenkels bzw. des Oberarms weiße Streifen. Gelegentlich kommen neben der kastanienbraunen Färbung auch schwarze Tiere vor.

Pinzgauer sind sehr anpassungsfähig und können somit in verschiedensten Klimazonen gehalten werden. Dank ihrer guten Fundamente und harten Klauen eignen sie sich auch für hochalpine Lagen. Pinzgauer gelten als friedfertig, gute Futterverwerter und widerstandsfähig.

## 3 Zuchtgeschichte

Das Stammzuchtgebiet des Pinzgauer Rindes ist die Hohe Tauern bei Salzburg. Aus Bajuwaren- und Slawenrind entwickelten sich Landschläge mit unterschiedlicher Scheckung mit schwarzer oder brauner Pigmentierung. Mit der Gründung der ersten Züchtervereinigung Ende des 19. Jahrhunderts wurde die Rasse Pinzgauer definiert. Das Zuchtziel sah strenge Farbvorschriften vor. Die Rinder sollten eine kastanienbraune Färbung aufweisen, nur in Einzelfällen war auch schwarzes Fell erlaubt (sogenannte Glückskühe).

Wichtiges Zuchtziel war neben der Milch- und Fleischleistung auch die Zugkraft der Tiere. Nach der Mechanisierung in der Landwirtschaft fiel dieses Zuchtziel allerdings weg. Um die Milchleistung zu erhöhen und die Rasse marktfähig zu halten, wurde 1969 der Beschluss zur Einkreuzung mit Red Holstein gefasst. Dadurch, dass einige Züchter jedoch in Reinzucht weiterzüchteten, besteht die Pinzgauer Population heute aus einer Reinzucht- und einer Kreuzungszuchtpopulation. In den letzten Jahren tritt die Reinzucht wieder deutlich in den Vordergrund.

Neben behornten Tieren treten auch selten hornlose Tiere auf, die als Jochberger Hummeln bezeichnet werden. Das erste hornlose Kalb wurde 1834 in Tirol geboren. Damals waren hornlose Tiere allerdings unbrauchbar, da die Joche nicht angelegt werden konnten.

Heute ist die Rasse Pinzgauer mit über 1 Mio. Tieren in etwa 25 Ländern weltweit vertreten. Österreich, Bayern und Südtirol bilden nach wie vor das Stammzuchtgebiet, wobei etwa 90 % des Weltbestandes außerhalb Österreichs gehalten werden.

Tiere mit einem milchbetonten Zuchtziel sind in Deutschland selten anzutreffen. Lediglich im Chiemgau und Rupertiwinkel werden in etwa 25 Betrieben noch Pinzgauer Rinder für die Milcherzeugung gehalten.

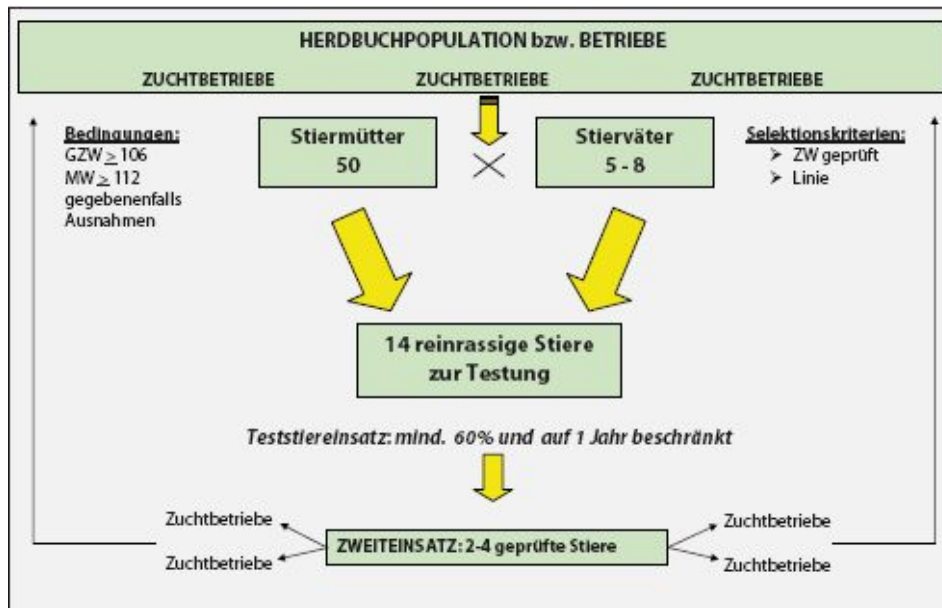


Abb. 4.1: Schematische Darstellung des Zuchtprogramms beim Pinzgauer [ZAR 2009]

## 4 Zuchtprogramm

Für die Arbeitsgemeinschaft Pinzgauer Rinderzuchtverbände besteht das in Abbildung 4.1 abgebildete Zuchtprogramm. Zu der Arbeitsgemeinschaft gehören die Pinzgauer Zuchtverbände aus Österreich, Südtirol und Bayern.

Das Zuchtprogramm ist auf Reinzucht ausgerichtet. Die aktuelle Pinzgauer Population ist gekennzeichnet durch einen Anteil reingezüchteter Tiere und einen Anteil, der mit Red Holstein Bullen gekreuzt wird. Es muss bei solchen Populationen berücksichtigt werden, dass die Testung von Jungbullen nur bedingt aussagekräftige Ergebnisse liefert. In Deutschland, Österreich und Südtirol, dem Stammzuchtgebiet der Pinzgauer, gibt es ca. 16800 MLP-Kühe, von denen etwa 5500 Reinzuchtkühe sind. Bei einem KB-Anteil von 62 % ergeben sich 3500 Tiere, die für ein Besamungszuchtprogramm zur Verfügung stehen.

Auswahlkriterien für Bullenmütter sind ein vollständiges Pedigree der letzten 2 Generationen, ein maximaler Red Holstein-Anteil von 6,25 % und ein Milchwert von mindestens 115. Bullenväter werden anhand ihres Milchwertes und unter Berücksichtigung der Linienvielfalt ausgewählt.



Aus gezielter Anpaarung von 50 Bullenmüttern und 3 Bullenvätern je Jahrgang werden 15 Jungbullen für die Eigenleistungsprüfung ausgewählt. Nach 14-monatiger Prüfung werden 8 Bullen als Testbullen selektiert. Diese Testbullen werden über ein Jahr an die Reinzuchtpopulation angepaart. Vorgeschrieben ist, dass 80 % der Reinzuchtpopulation mit Testbullen belegt werden müssen. Für die Nachkommenprüfung gehen die Milchleistungen von 30 Töchtern aus der Reinzuchtpopulation ein und die Exterieurbewertungen von 20 Töchtern aus der Reinzuchtpopulation.

Von den 8 Testbullen werden die 3 besten für den Wiedereinsatz selektiert. 20 % der Reinzuchtpopulation werden mit diesen geprüften Bullen angepaart.

## 5 Zuchtziel

Das Zuchtziel des Pinzgauer Rindes konzentriert sich auf eine milchbetonte Doppelnutzung. Die mittlere Jahresmilchleistung sollte bei ca. 6000 kg mit 3,5 % Eiweiß und 4,0 % Fett liegen.

Masttiere sollen lang anhaltendes Fleischwachstum ohne nachteilige Verfettung zeigen. Die täglichen Zunahmen sollen bei 1300 g liegen. Die gewünschte Schlachtausbeute liegt bei 58 %.

Bei den funktionalen Merkmalen spielen vor allem Robustheit, lange Nutzungsdauer, leichte Abkalbungen, ein ausgezeichnetes Fundament sowie ein ausgeglichener Charakter eine Rolle.

Die im Zuchtziel festgelegten Körpermaße betragen für die Widerristhöhe 148 - 155 cm bei Bullen und 138 - 142 cm bei Kühen sowie für das Körpergewicht 1200 kg bei Bullen und 750 kg bei Kühen.

## 6 Heutiger Stand

Im Jahr 2007 wurden insgesamt 2600 Tiere der Rasse Pinzgauer gehalten, wovon 1000 Kühe waren.<sup>1</sup>

Es gab 20 Herdbuch–Betriebe in denen 252 Kühe standen. Der Anteil an Kühen, die in der Milchleistungsprüfung erfasst wurden, lag bei 56,6 %. 362 Tiere gehörten zur aktiven Zuchtpopulation. Der Anteil der künstlichen Besamung belief sich auf 64,0 % , der Anteil der Kühe, die unter MLP standen und künstlich besamt wurden machte 36,2 % der Gesamtpopulation aus.

Nachfolgend sind einige Leistungsparameter der MLP-Kühe aufgelistet.

- Durchschnittliche jährliche Milchleistung 5285 kg,
- 3,94 % Fett und 3,42 % Eiweiß,
- Erstkalbealter 32,2 Monate,
- Zwischenkalbezeit 409 Tage,
- Durchschnittsalter 5,2 Jahre,
- Durchschnittliches Abgangsalter 5,4 Jahre.

Die täglichen Zunahmen für Auktionsbullen seit der Geburt beliefen sich im Jahr 2007 auf 1300 g bei der Eigenleistungsprüfung im Feld.

## 7 Verwendete Datensätze

Für die nachfolgenden Analysen wurden 3 verschiedene Datensätze verwendet.

### **Datensatz A**

Für die statistische und deskriptive Analyse der Population (vgl. Kapitel 8) kam der

---

<sup>1</sup>Alle Angaben dieses Kapitels sind dem ASR Jahresbericht 2007 entnommen [ASR 2009].

Datensatz A zur Verwendung. Der komplette Datensatz wurde aus zentralen Datenbanken ausgezogen und auf Plausibilität geprüft. Im Datensatz A sind Tiere enthalten, die in den letzten 10 vollständig besetzten Geburtsjahrgängen geboren wurden und unter Milchleistungsprüfung standen. Es konnten somit deskriptive Analysen für diesen Zeitraum gemacht werden. Entwicklungen und Verläufe, die an der untersuchten Population beobachtet werden können, konnten so über einen ausreichend großen Zeitraum dargestellt und analysiert werden. Gleichzeitig ist der Bezug zur lebenden, aktiven Zuchtpopulation gegeben, da viele der Tiere im untersuchten Datensatz noch während der Analyse zur lebenden Zuchtpopulation gehörten. Ein ausschließliches Betrachten der lebenden Zuchttiere ist für die deskriptive Datenanalyse jedoch nicht sinnvoll. Ein zu kurzer Untersuchungszeitraum und eine nicht ausreichende Besetzung der Jahrgänge würde für eine fundierte Analyse nicht ausreichen.

### **Datensatz B**

Die Berechnung der Populationsparameter wie Inzucht und effektive Populationsgröße erfolgte auf der Grundlage eines weiteren Datensatzes B. Dieser Datensatz B umfasst alle Tiere der aktuellen Population samt Abstammungen bis zur definierten Basis (Geburtsjahrgang 1950). Als zur aktuellen Population zugehörig wurden alle Tiere behandelt, die zur letzten Generation aktiver Zuchttiere gehörten. Es wurde dazu wieder vom letzten vollbesetzten Geburtsjahrgang ausgegangen und eine Generation zurückgegangen.

Um eine Vereinheitlichung zwischen den Rassen zu erreichen, wurde die Generationenlänge für die Generierung des Datensatzes auf 6 Jahre festgelegt. Die tatsächliche Generationenlänge kann natürlich von Rasse zu Rasse abweichen.

Für die Tiere, die in dem festgelegten Zeitraum von 6 Jahren geboren wurden, wurde das Pedigree bis zur definierten Basis aufgebaut.

### **Datensatz C**

Um einen Datensatz verwenden zu können, der nur Tiere berücksichtigt, die ein möglichst vollständiges Pinzgauer–Pedigree aufweisen, wurde ein weiterer Datensatz C erstellt, der ein Sub–Datensatz des Datensatzes B ist. Der Datensatz C wurde eben-

falls zu Berechnung der Populationsparameter verwendet. Somit konnten die Ergebnisse beider Datensätze direkt gegenüber gestellt werden.

Im Datensatz B werden Einkreuzungen fremder Rassen als Genzufluss aus einer unverwandten Basis betrachtet (Immigration). Immigration kann bereits in geringem Umfang den Inzuchtanstieg abbremsen und führt somit zu höheren Schätzwerten für die inzuchteffektive Populationsgröße. Dies kann zu Fehleinschätzungen der Entwicklung der rassespezifischen Diversität führen. Im Datensatz C wurde deshalb unter Verwendung des Kriteriums des ‚pedigree completeness index‘ (PCI) die Gesamtbetrachtung auf die Tiere der aktuellen Population eingeschränkt, die über ein ausreichend tiefes rassespezifisches Pedigree verfügen (PCI von 0.7 auf 4 Generationen). Ein Vergleich der Ergebnisse basierend auf den Datenbeständen B und C erlaubt somit eine ungefähre Abschätzung des Effektes von Immigration auf den Inzuchtanstieg. Ergebnisse basierend auf Datensatz C dürften allerdings mehr Aussagekraft in Bezug auf die Entwicklungen einer rassespezifischen ‚Kernpopulation‘ haben.

## 8 Beschreibende Analyse der aktuellen Population

Für die nachfolgenden Analysen wurde der Datensatz A als Berechnungsbasis herangezogen (siehe Kapitel 7). Es wurden Daten von Tieren der Geburtsjahrgänge 1997 bis 2006 untersucht. Der Datensatz A bestand aus insgesamt 2515 Tieren (2336 weibliche und 179 männliche). In der untersuchten 10-Jahresperiode wurden insgesamt 363 Väter und 1519 Mütter eingesetzt.

Um einen vollständigeren Überblick über das verwendete Datenmaterial zu gewinnen, dient die Tabelle 8.1. Für jeden Geburtsjahrgang ist die Anzahl der in diesem Jahr geborenen Tiere abgetragen. Weiterhin sind in den folgenden Spalten die Anzahl der in diesem Geburtsjahrgang eingesetzten Mütter und der eingesetzten Väter abgetragen. Mütter und Väter können demnach mehrfach gezählt werden, wenn sie in mehreren Jahren zum Einsatz kommen. Für die im jeweiligen Geburtsjahrgang der untersuchten Tiere eingesetzten Väter sind weiterhin die minimale, maximale und

durchschnittliche Anzahl von Nachkommen aufgelistet. In der zweiten Tabellenhälfte sind dieselben Angaben enthalten, allerdings werden für diese Berechnungen ausschließlich Tiere verwendet, deren Vater und Mutter Pinzgauer-Tiere sind.

Tab. 8.1: Anzahl der Tiere mit Eltern für die gesamte Population und für Tiere mit Pinzgauer-Eltern (GJ=Geburtsjahr, n Mütter=Anzahl Mütter, Min., Max., Mitt.= minimale, maximale und mittlere Anzahl Nachkommen je Vater im jeweiligen Geburtsjahrgang)

GJ	Alle Tiere						Nur Tiere mit Pinzgauer-Eltern					
	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.
1997	284	152	49	1	24	3	73	71	26	1	9	3
1998	284	176	51	1	20	3	88	87	27	1	9	3
1999	290	188	59	1	23	3	101	100	32	1	11	3
2000	285	173	53	1	41	3	79	74	24	1	14	3
2001	224	169	59	1	23	3	88	86	31	1	16	3
2002	223	176	66	1	35	2	79	78	26	1	18	3
2003	237	199	63	1	23	3	103	100	30	1	13	3
2004	226	208	65	1	36	3	91	89	28	1	14	3
2005	234	225	65	1	40	3	82	80	27	1	13	3
2006	228	224	71	1	34	3	86	83	30	1	13	3

Die Anzahl der Jahre, in denen ein Vater– bzw. Muttertier eingesetzt wurde, liegt bei 2.45 Jahren für die Väter und bei 2.06 Jahren für die Mütter.

In der Abbildung 8.1 ist die absolute Anzahl von Tieren im verwendeten Datensatz unterteilt nach Rassezugehörigkeit des Vaters gezeigt.

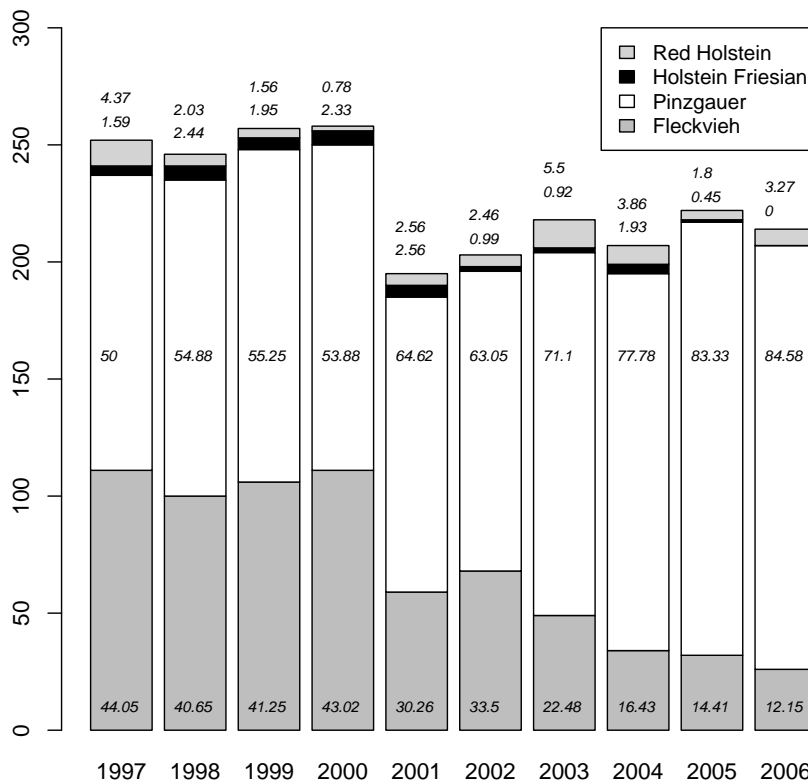


Abb. 8.1: Absolute Anzahl der Tiere im Datensatz und Rassezugehörigkeit (in Prozent) ihrer Väter

Einen Überblick über die Rassezugehörigkeit und die Herkunft der eingesetzten Väter gibt die Tabelle 8.2. In der Tabelle ist sowohl die Anzahl der eingesetzten Väter als auch die Anzahl der Nachkommen dargestellt.

Tab. 8.2: *Herkunftsland und -rasse der Väter (AUT = Österreich, CAN = Kanada, FRA = Frankreich, DEU = Deutschland, ITA = Italien, LUX = Luxemburg, NLD = Niederlande, CHE = Schweiz, Zahl vor Schrägstrich = Anzahl Väter, Zahl hinter Schrägstrich = Anzahl Nachkommen)*

Herkunft	Total	Fleckvieh	Pinzgauer	Holstein	Red Holstein	Sonstige
AUT	94/785	11/12	83/773	0/0	0/0	0/0
CAN	1/1	0/0	0/0	0/0	1/1	0/0
FRA	2/2	0/0	0/0	2/2	0/0	0/0
DEU	249/955	157/225	62/691	8/8	13/19	11/12
ITA	3/4	0/0	1/1	0/0	0/0	2/3
LUX	1/1	0/0	0/0	0/0	1/1	0/0
NLD	6/8	0/0	0/0	0/0	6/8	0/0
CHE	2/3	2/2	0/0	0/0	1/1	0/0
USA	4/10	0/0	0/0	0/0	3/9	1/1

## 9 Berechnung und Analyse der Populationsparameter

Grundlage für die Berechnungen der Populationsparameter waren der Datensatz B (siehe Kapitel 7), als auch der Datensatz C, bei dem die aktuelle Population auf Basis des PCI eingeschränkt wurde. Es konnten so beide Populationen (Pinzgauer–Population mit Einkreuzung rassefremder Tiere (Datensatz B) und Pinzgauer–Population mit tiefem Pinzgauer–Pedigree (Datensatz C)) direkt miteinander verglichen und die Ergebnisse gegenübergestellt werden.

Die Auswahl der aktuellen Population erfolgte im aktuellen Bericht für den Zeitraum von 2000 bis 2005. In der aktuellen Population von Datensatz B befanden sich 1357 Tiere und von Datensatz C 612 Tiere. Für die gesamte Population betrachtet (aktuelle Population samt Pedigree) ergaben sich Populationsgrößen von 6260 Tieren im Datensatz B und 4522 Tieren im Datensatz C. Das bedeutet, dass 28 % der im ursprünglichen Datensatz B befindlichen Tiere durch die Einschränkung mittels PCI ausgeschlossen wurden.

Die Besetzung der Geburtsjahrgänge für die Datensätze B und C wird in Abbildung 9.1 dargestellt. Der sprunghafte Anstieg der Tierzahlen im Jahr 2000 ist dadurch be-



gründet, dass ab diesem Jahr alle Tiere, die sich in der Zuchtpopulation befanden, berücksichtigt werden. Von 1950 bis 2000 sind lediglich deren Vorfahren vorhanden.

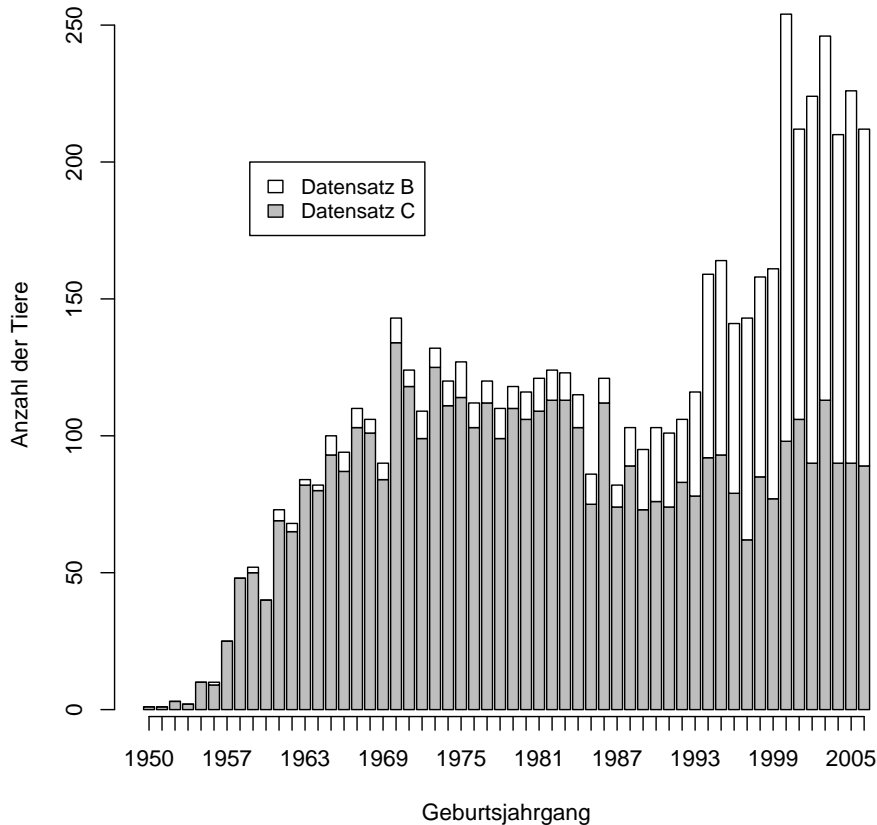


Abb. 9.1: Besetzung der Geburtsjahrgänge für Datensatz B und Datensatz C

### 9.1 Generationsintervall

Das Generationsintervall wurde für den Zeitraum von 1970 bis 2000 berechnet. Dieses Zeitfenster wurde gewählt um sicherzustellen, dass vollständige Generationen berechnet werden können. In der folgenden Abbildung 9.2 ist der Verlauf der Generationsintervalle berechnet für die 4 Vererbungspfade dargestellt. Aus den Einzelwerten für die 4 Vererbungspfade wurde über die Jahre ein arithmetisches Mittel berechnet. Das sich daraus ergebene mittlere Generationsintervall für die untersuchte Population lag bei 5.97 Jahren.

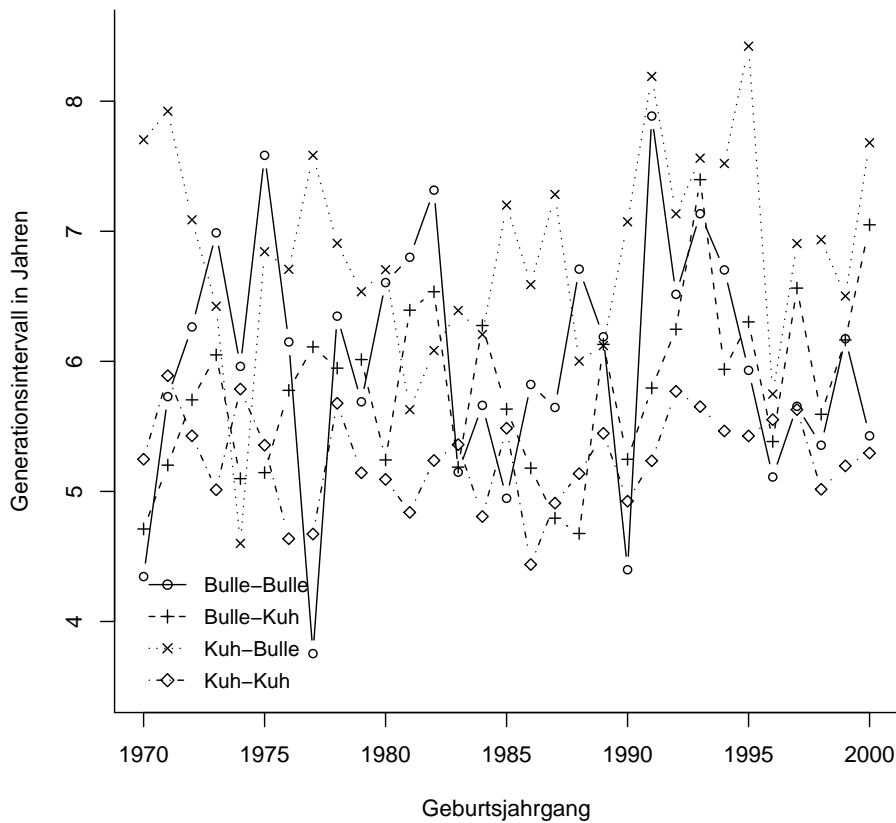


Abb. 9.2: Verlauf des Generationsintervalles für die vier Vererbungspfade für die Geburtsjahrgänge 1970 bis 2000

Tab. 9.1: Mittleres Generationsintervall in Jahren für jeden Vererbungspfad, berechnet für den Zeitraum von 1970 bis 2000

Bulle-Bulle	Bulle-Kuh	Kuh-Bulle	Kuh-Kuh
6.00	5.79	6.85	5.25

## 9.2 Pedigree-Vollständigkeit

Um gezielte Aussagen über die Inzuchtentwicklung und die daraus resultierenden Parameter gewinnen zu können, wurde die vorliegende Population im Datensatz B

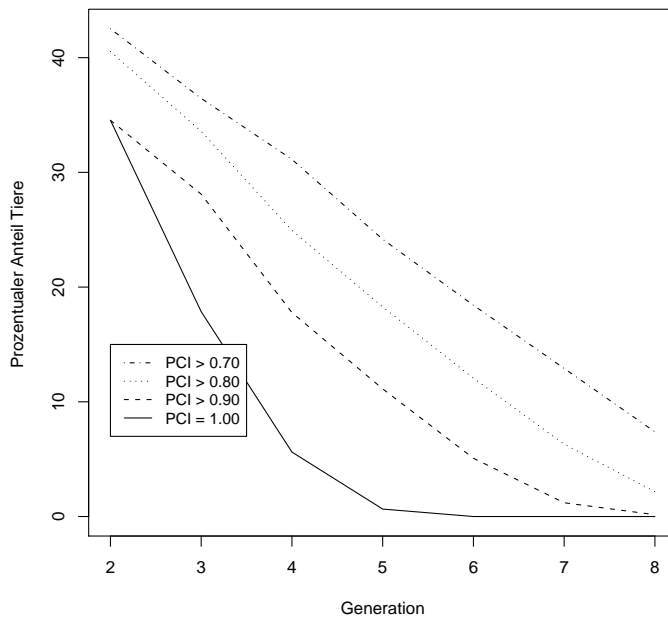


Abb. 9.3: Prozentualer Anteil der Tiere des gesamten Datensatzes B mit einem  $PCI > 0.70$  für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

auf Vollständigkeit des Pedigrees, den Pedigree Completeness Index (PCI), hin untersucht.

Es wurde eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen gefordert, sowie verschiedene Mindestwerte für den PCI. In den Abbildungen 9.3 und 9.4 ist jeweils der prozentuale Anteil der Tiere dargestellt, die für die jeweilige Pedigreetiefe die geforderten Mindestwerte erfüllen. In der Abbildung 9.3 werden alle Tiere im gesamten Pedigree der aktuellen Population berücksichtigt, in Abbildung 9.4 wird die Pedigree Completeness nur für Tiere berechnet, die sich in der aktuellen Population befinden, also zur letzten Generation gehören. Da diese Tiere ein tieferes und vollständigeres Pedigree aufweisen, erhöhen sich die prozentualen Anteile von Tieren, die die geforderten Mindestwerte erreichen.

Der Verlauf der PCI über die Geburtsjahrgänge für eine Pedigreetiefe von 2 Generationen ist für die beiden verwendeten Datensätze gemeinsam in Abbildung 9.5 dar-

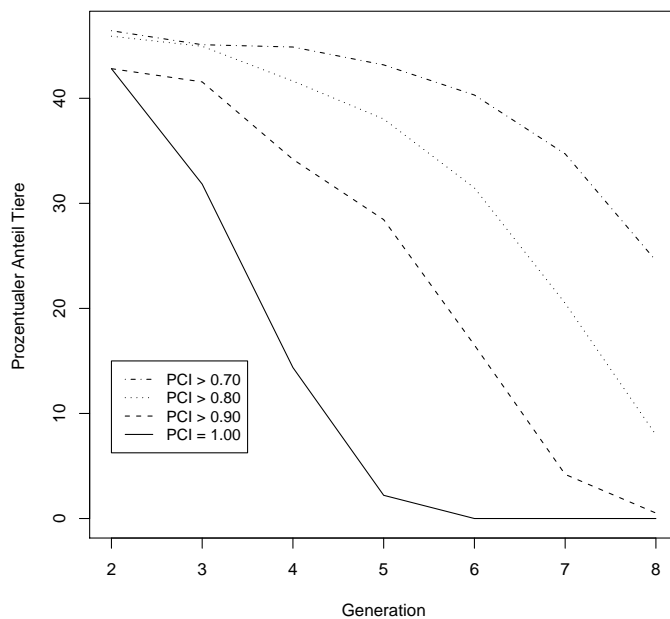


Abb. 9.4: Prozentualer Anteil der Tiere der aktuellen Population des Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

gestellt.

### 9.3 Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry

Die effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) wurde sowohl auf Basis der Inzucht als auch auf Basis der Coancestry berechnet. Es sollte dadurch erreicht werden, eventuelle Differenzen zwischen beiden Methoden sichtbar zu machen und so z.B. gezielt in der Population betriebene Inzuchtvermeidung aufzudecken. In der Abbildung 9.6 sind die Kurvenverläufe der Inzucht und Coancestry dargestellt. Weiterhin ist die effektive Populationsgröße in der jeweiligen Grafik abgetragen. Für die Berechnung der effektiven Populationsgröße wurde das Jahr 1990 als Basisjahr für die Regression festgelegt. Es kann so davon ausgegangen werden, dass die Jahrgänge ausreichend besetzt sind und die Abstammungen weitgehend vollständig sind. Das Generationsintervall, das für die Berechnung ebenfalls benötigt wurde, betrug 5.97 Jahre (vgl. Kapitel 9.1).

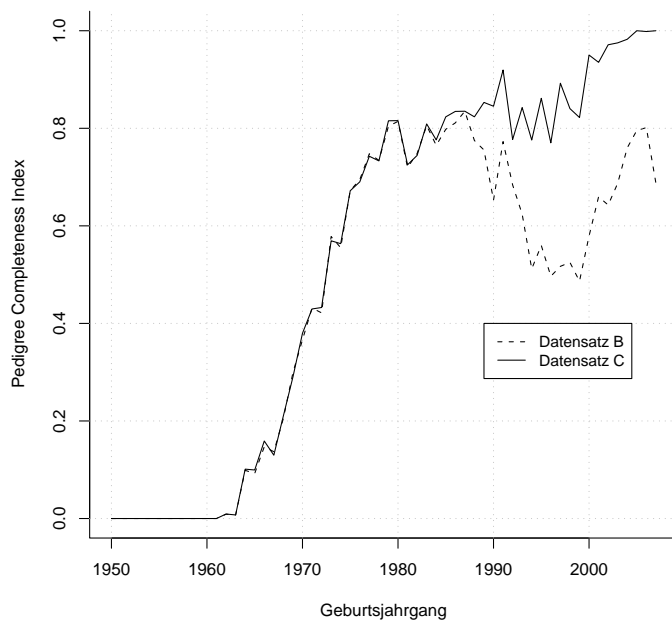


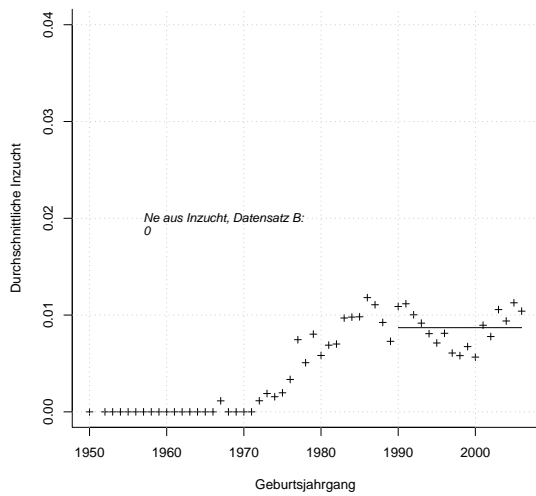
Abb. 9.5: Verlauf des Pedigree Completeness Index berechnet für beide Datensätze mit einer Pedigreetiefe von 2 Generationen

Um vergleichende Aussagen zwischen Rassen treffen zu können, wurde das Verhältnis von tatsächlicher Populationsgröße der aktuellen Population und effektiver Populationsgröße aus Inzucht berechnet. Es betrug für den verwendeten Datensatz B 1:Inf (effektiv:tatsächlich) und für den Datensatz C 1:6.

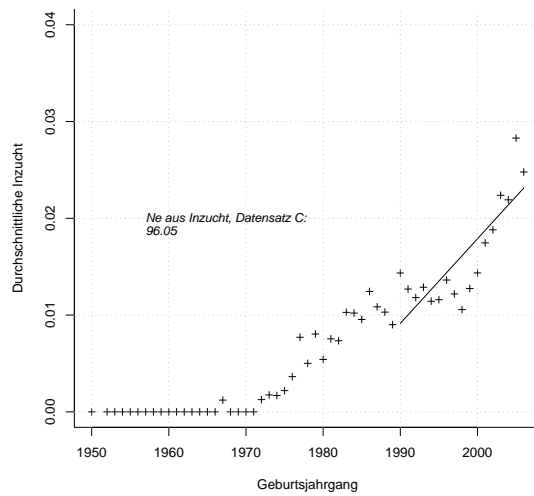
### 9.4 Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge

Für die Analyse der effektiven Anzahl der Basistiere (effective founders,  $f_e$ ) und der effektiven Anzahl der Ahnen (effective ancestors,  $f_a$ ) ergaben sich die in Tabelle 9.2 angegebenen Werte. Zusätzlich sind die Schätzwerte für die  $N_e$  angegeben.

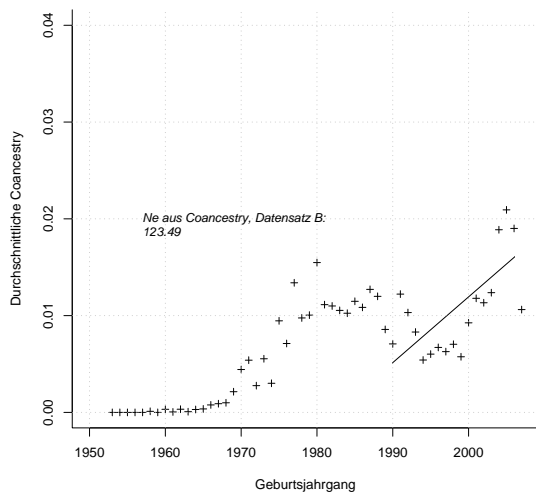
Um sich einen Überblick über eventuelle Flaschenhalsereignisse in der Population zu verschaffen, wurden die marginalisierten Beiträge der Ahnen berechnet. Der Verlauf dieser Beiträge ist für die Bullen in der Abbildung 9.7 zu sehen. Über den ausgeprägtesten Peaks ist der dazugehörige Bulle namentlich erwähnt sowie die Anzahl seiner direkten Nachkommen. Gehört der Bulle einer Fremdrasse an, so ist dessen Rasse



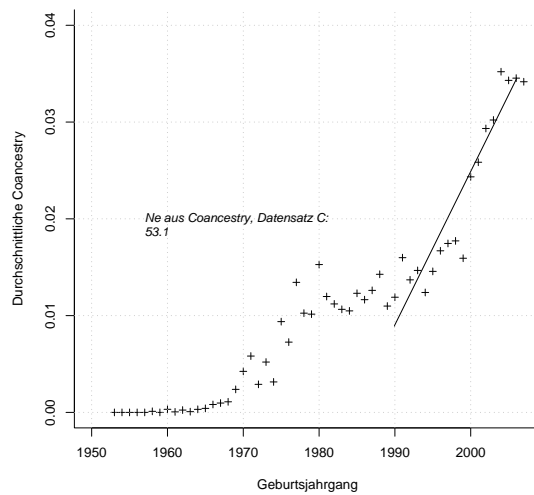
(a) Inzucht (Datensatz B)



(b) Inzucht (Datensatz C)



(c) Coancestry (Datensatz B)



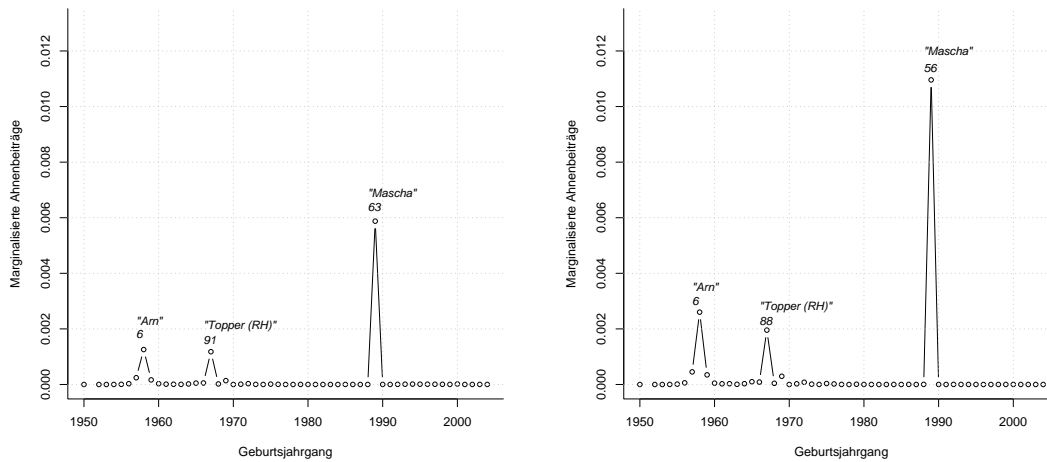
(d) Coancestry (Datensatz C)

Abb. 9.6: Verlauf der Inzucht und Coancestry getrennt nach Datensätzen

Tab. 9.2: Berechnete Populationsparameter

Parameter	Datensatz B	Datensatz C
Ne aus Inzucht / Ne aus Coancestry	0 / 123	96 / 53
$f_e$	145	78
$f_a$	74	41

hinter dem Bullennamen eingefügt.



(a) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz B) (b) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz C)

Abb. 9.7: Darstellung der marginalisierten Ahnenbeiträge der Bullen in der Pinzgauer-Population

Eine Übersicht über die Rassebeiträge an der aktuellen Population für die Datensätze B und C geben die Tabellen 9.3 und 9.4.

Um Aussagen über den zeitlichen Verlauf der Rassebeiträge machen zu können, wurden für Datensatz C die Rassebeiträge je Geburtsjahrgang für die Geburtsjahrgänge 1980 bis 2004 berechnet. Die Ergebnisse sind in Abbildung 9.8 dargestellt. Es muss bei der Interpretation beachtet werden, dass im Datensatz lediglich Gelbvieh-Tiere der aktuellen Generation mit ihren Eltern enthalten sind.

Tab. 9.3: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz B)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Red Holstein	1.74
Holstein	1.91
Sonstige	3.81
Fleckvieh	30.40
Pinzgauer	62.14

Tab. 9.4: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz C)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Sonstige	1.37
Holstein	1.98
Fleckvieh	9.86
Pinzgauer	86.78

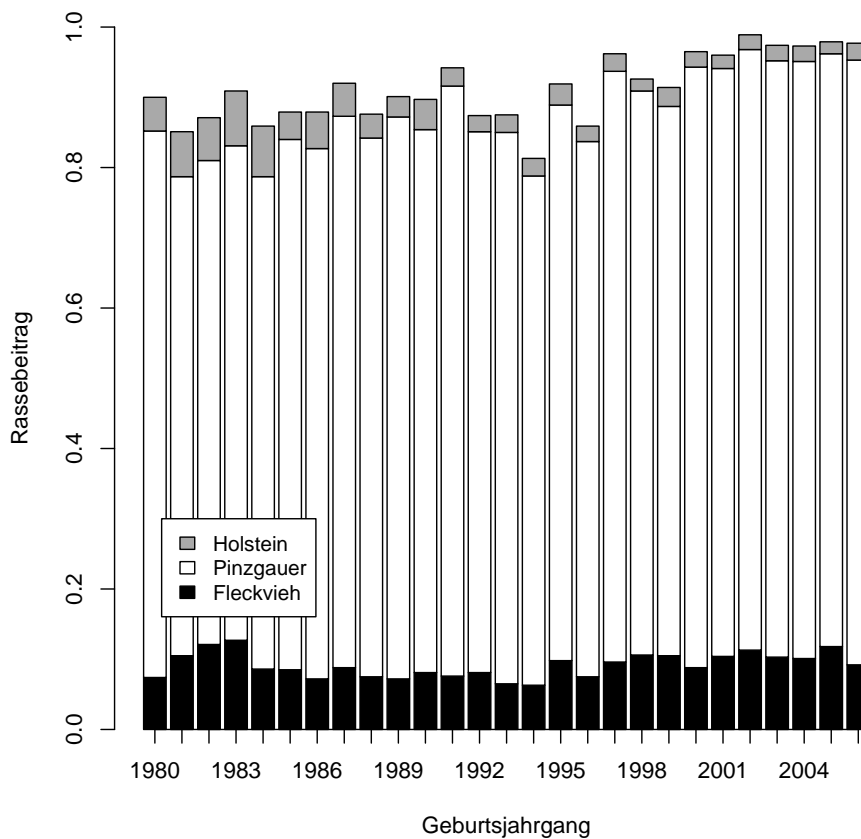


Abb. 9.8: Rassebeiträge im Verlauf über die Geburtsjahrgänge (Datensatz C)

## 10 Interpretation der Ergebnisse

Die deutsche Pinzgauer–Population ist eine relativ kleine Population, die sich aber ständig aus der großen österreichischen Population aus dem Stammzuchtgebiet rekrutiert. Da das Monitoring nur deutsche Tiere in der aktuellen Population berücksichtigt, sind die berechneten effektiven Populationsgrößen auch nur auf die deutsche



Population zu beziehen.

Eine Auffälligkeit bei dieser Rasse war ein erheblicher Einbruch in der Pedigree-Vollständigkeit in den Geburtsjahrgängen 1990 bis 2000. Im Datensatz C befinden sich daher nur vergleichsweise wenig Tiere, obwohl das PCI-Kriterium für die Einschränkung des Datensatzes B gelockert wurde. Nach Rücksprache mit dem Zuchtverband ergeben sich die Lücken in den Abstammungen vor allem dadurch, dass viele Tiere über eine Fleckvieh-Mutter verfügen. Abstammungen aus dem Fleckvieh-Pedigree werden nicht weiter geführt. Somit stellen in dem Fall die Fleckviehtiere nicht ingezüchtete Basistiere dar.

Der hohe Anteil unbekannter Abstammungen in den Geburtsjahrgängen 1990 bis 2000 spiegelt sich deutlich in den absinkenden Inzucht- und Coancestrykoeffizienten in dieser Zeitspanne wieder. Durch den U-förmigen Kurvenverlauf im Bereich dieser Zeitspanne, die für die Ne-Berechnung herangezogen wird (ab 1990 bis zum letzten Geburtsjahrgang) ergaben sich vor allem für den Datensatz B unplausible Ne-Werte, da die Regressionsmethode zur Ne-Berechnung auf einen derartigen Kurvenverlauf nicht anwendbar ist.

Unter der Bedingung, dass eine Inzuchtvermeidungspaarung auch zukünftig konsequent weiter verfolgt wird, kann für die Pinzgauer in guter Näherung eine inzuchteffektive Populationsgröße von **80** angenommen werden.

Eine inzuchtspezifische Betrachtungsweise ist insbesondere bei schrumpfender Populationsgröße nicht ausreichend. Kenngrößen wie die effektive Anzahl von Basistieren ( $f_e$ ) oder die Anzahl der effektiven Ahnen ( $f_a$ ), sind besser in der Lage, die Effekte von genetischer Drift zu quantifizieren. Im vorliegenden Fall liegen die Schätzwerte dieser beiden Größen mit 40-80 Tieren etwa im ähnlichen Bereich wie die inzuchteffektive Populationsgröße. Die geringe Anzahl effektiver Ahnen (40) im Vergleich zu der Anzahl effektiver Founder (80) deutet auf einen Verlust rassespezifischer Gene durch ungleiche Beiträge der Ahnen hin. Dies ist vor allem für Populationen mit einem hohen Besamungsanteil charakteristisch.

Da vor allem die österreichische Population immer wieder stark mit Red Holstein-Genetik gemischt wird, ist es nicht verwunderlich, unter den drei wichtigsten Ahnen den Red Holstein-Bullen Topper zu finden. Bezüglich der Rasseanteile sollte noch erwähnt werden, dass diese stark von den Blutanteilen der eingesetzten österrei-

chischen Bullen abhängen und sich dadurch die Rasseanteile in einer solch kleinen Population wie den deutschen Pinzgauern immer wieder ändern können.

## 11 Erbfehler beim Rind

### 11.1 Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind

Unter Erbfehlern versteht man „Missbildungen und Störungen normaler Vorgänge, die ererbt worden sind“ [KRÄUSSLICH 1994]. Solche Missbildungen und Störungen treten vorwiegend prä-, peri- und postnatal auf, können sich aber auch erst später zeigen. Viele dieser Erbfehler sind letal und führen somit zu erheblichen wirtschaftlichen Einbußen in der Rinderhaltung.

Die meisten Erbfehler werden monogen homozygot rezessiv vererbt, wodurch die Häufigkeiten von Erbfehlern in Populationen sehr gering sind. Durch bestimmte Faktoren kann diese Häufigkeit allerdings durch Zufall erhöht werden. So kann z.B. ein übermäßiger Einsatz eines für einen Erbfehler heterozygoten aber sonst sehr leistungsstarken Besamungsbullen zu einer massiven Erhöhung des Auftretens dieses Erbfehlers nach einigen Generationen führen. Auch können sich homozygot unerwünschte Gene leichter ausbreiten, wenn sie in heterozygoten Tieren günstige Effekte bewirken. So wirkt sich z.B. das mutierte Gen beim Braunvieh, das homozygot zum Zwergenwuchs führt, bei heterozygoten Tieren in einem kleineren und gedrungenem Körperbau aus, was vor einigen Jahren dem Zuchtziel dieser Rasse entsprach. Ungewollt wurden also heterozygote Trägertiere des unerwünschten Gens selektiert. Ein weiteres Beispiel ist das Weaver-Gen bei Brown Swiss Rindern. Dieses Gen ist eng gekoppelt mit einem Gen, das zu erhöhter Milchleistung führt und wurde daher indirekt mit selektiert [KRÄUSSLICH 1994].

Aktuelle Informationen über den molekulargenetischen Hintergrund verschiedener genetischer Defekte beim Rind sind in der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) zu finden. Im Moment werden 376 verschiedene Phänotypen beim Rind beschrieben, wobei 75 davon zu den Single-Locus

Merkmale zählen. Für 43 Phänotypen konnte bereits die ursächliche DNA-Mutation ermittelt werden.

Die wirtschaftlich wichtigsten Erbfehler beim Rind sollen im Folgenden kurz beschrieben werden.

### **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Erblich bedingt Immunschwäche. Kälber sterben meist in den ersten Lebenswochen an banalen Infektionen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Missbildungen an der Wirbelsäule mit Auswirkungen auf die Gliedmaßen. Kälber sterben spätestens kurz nach der Geburt.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Es kommt zu einer Unterproduktion von Uridin-Monophosphat, das ein wichtiger Baustein der Pyrimidin-Nukleotide darstellt. Betroffene Tiere sterben schon im embryonalen Stadium ab.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **Citrullinämie**

Harnstoff-Zyklus ist durch einen Enzymdefekt gestört. Die Kälber sterben 3–5 Tage nach der Geburt an einer Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Motorische Neuronen in Rückenmark, Hirnstamm und motorischen Hirnrindengebieten sind stark dezimiert. Die betroffenen Kälber zeigen im Alter von wenigen Wochen Muskelschwäche bzw. Schwund der Skelettmuskulatur mit Festliegen in Brustla-

ge, herabgesetzten spinalen Reflexen und pumpender Atmung. Die Erkrankung verläuft innerhalb weniger Wochen tödlich.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **SDM (Spinale Dysmelisierung)**

Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nervenzellgebieten gekennzeichnet ist. Die erkrankten Kälber liegen zumeist gleich nach der Geburt in Seitenlage mit nach vorne gestreckten Gliedmaßen fest. Der Kopf ist häufig nach oben hinten gerichtet ('Mondguckerhaltung').

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Erste Krankheitszeichen entwickeln sich bei den betroffenen Tieren im Alter von mehreren Monaten. Diese zeigen sich in Form von Nachhandschwäche, Schwierigkeiten beim Aufstehen und unsicherem, schwankendem Gang. Innerhalb von 1-3 Jahren kommt es zum Festliegen des erkrankten Tieres und zum Tod.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Neben übermäßig langen, dünnen Gliedmaßen mit abnorm beweglichen und steifen, verkrümmten Gelenken als offensichtlichste Mißbildung weisen erkrankte Tiere häufig Schädeldeformationen, Wirbelsäulenverkrümmungen sowie Veränderungen an Blutgefäßen und zentralem Nervensystem auf. Kälber werden tot geboren oder verenden kurz nach der Geburt.

Betroffene Rassen: Fleckvieh, Brown Swiss, Deutsche Holsteins, Limousin

## **11.2 Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Pinzgauer**

Es liegen z.Zt. keine bekannten Erbfehler beim Pinzgauer vor.



# Literaturverzeichnis

[ASR 2009] ASR (2009). *Jahresbericht 2008*. Technischer Bericht, Arbeitsgemeinschaft Süddeutscher Rinderzucht- und Besamungsorganisationen e.V.

[KRÄUSSLICH 1994] KRÄUSSLICH, H. (1994). *Tierzüchtungslehre*. Eugen Ulmer, Stuttgart, 4. Aufl.

[ZAR 2009] ZAR (2009). *Die österreichische Rinderzucht 2008*. Technischer Bericht, Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter.

# MONITORING TIERGENETISCHER RESSOURCEN

## Teil I

-Rotes Höhenvieh (RHV)-



herausgegeben von  
Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung e.V.

## **Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

## **Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V.

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft - Institut für Tierzucht

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

## **Berichtsautor**

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

Adresse: Heideweg 1  
27281 Verden

Internet: [www.vit.de](http://www.vit.de)

e-mail: [info@vit.de](mailto:info@vit.de)

Telefon: 04231-955-10

Fax: 04231-955-166

Ansprechpartner: Friedrich Reinhardt  
Doris Vogel





# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Allgemeine Informationen</b>	<b>4</b>
1.1	Rasseschlüssel . . . . .	4
1.2	Anerkannte Züchtervereinigungen . . . . .	4
1.3	Sonstige Verbände . . . . .	6
1.4	Hauptzuchtgebiet . . . . .	7
<b>2</b>	<b>Rassebeschreibung</b>	<b>8</b>
2.1	Zuchtziel . . . . .	8
2.2	Herkunft und Zuchtgeschichte . . . . .	10
2.2.1	Entstehung . . . . .	10
2.2.2	Entwicklung . . . . .	10
2.3	Zuchtprogramm . . . . .	11
2.4	Heutiger Stand . . . . .	12
2.5	Leistungen . . . . .	13
<b>3</b>	<b>Erbfehler</b>	<b>14</b>
3.1	Erbfehlerproblematik . . . . .	14
3.2	Bekannte Erbfehler beim Rind . . . . .	15

# Tabellenverzeichnis

1	Verteilung der HB-Tiere in in den Mitgliedsbetrieben . . . . .	8
2	Maße und Gewichte . . . . .	9
3	Fleischleistungsprüfung in Mutterkuhherden 2004 bis 2008 - männliche Tiere . .	13
4	Fleischleistungsprüfung in Mutterkuhherden 2004 bis 2008 - weibliche Tiere . .	13

# 1 Allgemeine Informationen

## 1.1 Rasseschlüssel

TGRDEU - 186

ADR - 71

## 1.2 Anerkannte Züchtervereinigungen

### Rinderzuchtverband Berlin-Brandenburg e.G. (RBB)



Adresse: Lehniner Strasse 9  
14550 Groß Kreutz  
Internet: [www.rinderzucht-bb.de](http://www.rinderzucht-bb.de)  
e-mail: [info@rinderzucht-bb.de](mailto:info@rinderzucht-bb.de)  
Telefon: 033207-533-0  
Fax: 033207-533-199

### Rinderzuchtverband Sachsen-Anhalt e.G. (RSA)



Adresse: Bahnhofstrasse 32  
39576 Stendal  
Internet: [www.rsaeg.de](http://www.rsaeg.de)  
e-mail: [info@rsaeg.de](mailto:info@rsaeg.de)  
Telefon: 03931-6964-0  
Fax: 03931-212932

### Rinder-Union-West e.G. (RUW)



Adresse: Postfach 6680  
48035 Münster  
Internet: [www.ruweg.de](http://www.ruweg.de)  
e-mail: [info@ruweg.de](mailto:info@ruweg.de)  
Telefon: 0251-9288-0  
Fax: 0251-9288-236

### Masterrind GmbH



Adresse: Schlettaer Strasse 8  
01662 Meißen  
Internet: [www.masterrind.com](http://www.masterrind.com)  
e-mail: [info@masterrind.com](mailto:info@masterrind.com)  
Telefon: 03521-4704-10  
Fax: 03521-4704-18

**Landesverband Thüringer Rinderzüchter (LTR)  
Zucht- und Absatzgenossenschaft e.G.**



Adresse: Stotternheimer Strasse 19  
99087 Erfurt  
Internet: [www.ltr.de](http://www.ltr.de)  
e-mail: [info@ltr.de](mailto:info@ltr.de)  
Telefon: 0361-77974-0  
Fax: 0361-77974-44

**Fleischrinder-Herdbuch Bonn e.V.**



Adresse: Magdalenenstraße 25  
53121 Bonn  
Internet: [www.fhb-bonn.de](http://www.fhb-bonn.de)  
e-mail: [info@fhb-bonn.de](mailto:info@fhb-bonn.de)  
Telefon: 022862-94799-0  
Fax: 022862-94799-9

**Fleischrinderverband Bayern e.V.**



Adresse: Kaltenkreuther Straße 1  
91552 Ansbach  
Internet: [www.frv.bayern.de](http://www.frv.bayern.de)  
e-mail: [fvb-an@t-online.de](mailto:fvb-an@t-online.de)  
Telefon: 0981-48841-0  
Fax: 0981-48841-311

## 1.3 Sonstige Verbände

### Bundesarbeitsgemeinschaft Rotes Höhenvieh



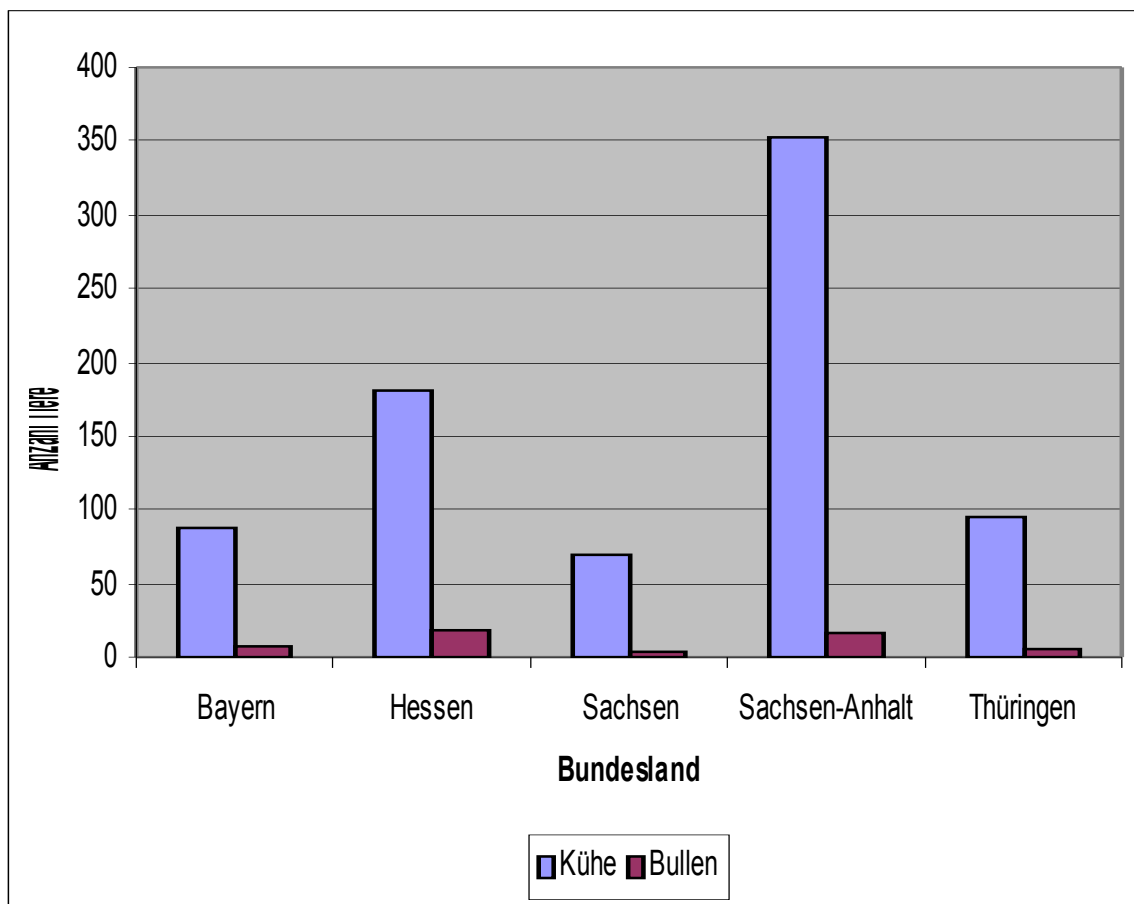
Adresse: Ostlandstraße 12  
35638 Leun  
Internet: [www.ropes-hoehenvieh.de](http://www.ropes-hoehenvieh.de)  
e-mail:  
Telefon: 06473-167-0  
Fax: 06473-410986

## 1.4 Hauptzuchtgebiet

Das Hauptzuchtgebiet des Roten Höhenviehs liegt in den Bundesländern:

- Bayern
- Hessen
- Sachsen
- Sachsen-Anhalt
- Thüringen.

**Abb. 1: Verbreitung der Herdbuchtiere in den einzelnen Bundesländern**  
(Quelle: vit - Jahresbericht 2008 Herdbuchführung Fleischrinder)



**Tabelle 1:** Verteilung der HB-Tiere in in den Mitgliedsbetrieben  
(Statistischer Jahresbericht 2009 des BDF)

Verband	Anzahl Betriebe			Anzahl Tiere		
	Herdbuch	Haltung	Gesamt	HB-Bullen	HB-Kühe	Gesamt
<b>RBB</b>	1	0	1	0	1	1
<b>RSA</b>	36	0	36	25	381	406
<b>FHB</b>	43	0	43	25	135	160
<b>ZBH</b>	34	26	60	20	178	198
<b>LTR</b>	25	0	25	11	160	171
<b>MAR Meißen</b>	16	0	16	3	58	61
<b>FVB</b>	14	0	14	15	94	109
<b>Gesamt</b>	169	26	195	99	1.007	1.106

## 2 Rassebeschreibung

### 2.1 Zuchtziel

Angestrebt wird ein mittelrahmiges Zweinutzungsrind mit gut ausgeprägter Bemuskelung bei hoher Fleischqualität und einer feinen Fleischfaserung.

Darüber hinaus bietet die Rasse aber auch eine Alternative zur Produktion von Käseemilch. Bei der Nutzung der Tiere zur Milcherzeugung muß man berücksichtigen, dass der betriebswirtschaftliche Erfolg nicht durch sehr hohe Einzelleistungen der Kühe erzielt wird und auch gar nicht werden kann. Vielmehr sind es besondere Bedingungen, die hier dazu führen auch mit Rotem Höhenvieh ökonomisch Milch zu erzeugen. Angestrebt wird eine Milchleistung von 4000 kg bei 4,5 % Fett und 3,5 % Eiweiß aus dem Grundfutter. Der bewusste Verzicht auf hohe Kraftfuttergaben, aber auch besondere betriebliche extensive Fütterungs- und Haltungsbedingungen, die einen hohen Kraftfuttereinsatz ausschließen, lassen dem Roten Höhenvieh Einsatz- und Nutzungsmöglichkeiten. Hier ist es der Standort mit seiner betrieblichen Umwelt, die einen Leistungsrahmen setzt, der mit dem genetischen Leistungsprofil des Roten Höhenviehs genau ausgefüllt werden kann. Das Rote Höhenvieh zeichnet sich durch eine Kombination von Leistungsmerkmalen aus, die es vor allem für den Einsatz in nachhaltigen Wirtschafts-, Produktions- und Haltungssystemen prädestiniert. Dies sind vor allem Genügsamkeit, Widerstandsfähigkeit, Leichtkalbigkeit, eine gute Milchleistung, bei bester Marschfähigkeit und eine sehr gute Grundfuttermittelverwertung auf der einen Seite, sowie vitale Kälber mit guter Bemuskelung und hoher Fleischqualität auf der anderen Seite, ideale Voraussetzungen für die Mutter- und Ammenkuhhaltung.

Die heutige Hauptnutzung liegt in der Mutterkuhhaltung.

Tabelle 2: Maße und Gewichte

Maße und Gewichte	Bullen	Kühe
Kreuzbeinhöhe, cm	um 140	um 135
Gewicht, kg	750 - 950	500 - 700
Geburtsgewicht, kg	38	36

Körperbau: mittelrahmige Tiere  
nicht zu tief sitzendes Euter mit nach Möglichkeit gleichmäßiger Verteilung  
korrekte, trockene Gliedmaßen; klare Sprunggelenke  
dunkle, harte Klauen  
gut entwickelte Vorhand, gute Rippenwölbung bei tiefer Brust und Flanke  
langer, gerader Rücken; breite Lende  
langes und breites Becken, ausreichend bemuskelte Hinterhand  
Hals kurz mit ausgeprägter Wamme  
Kopf mittellang mit breiter Stirn  
behornt

Farbe: einfarbig rot  
rotbraun bis dunkelbraun  
Flotzmaul hell (leichte Pigmentflecken werden toleriert)  
Hörner hell mit dunklen Spitzen  
Schwanzquaste hell (bräunliche Färbung wird toleriert, schwarze nicht)

Eigenschaften: sehr fruchtbar und vital  
ausgesprochen langlebig  
gute Weideeignung, Landschaftspflege  
gute Marschfähigkeit  
beste Futtermittelverwertung  
sehr gute Fleischqualität  
gute Milchleistung  
gute Mütterlichkeit  
hervorragendes Jugendwachstum

## 2.2 Herkunft und Zuchtgeschichte

### 2.2.1 Entstehung

Seit ältester Zeit muß man den mitteldeutschen Raum als Verbreitungsgebiet eines einfarbig roten Rindes ansehen. Der Volksstamm der Kelten brachte dieses Rind bei seinem Eindringen in Europa mit sich. Häufig findet man es in älterer Literatur folglich unter der Bezeichnung "Keltenvieh". Die Art und Weise der Landwirtschaft und der Tierhaltung ließ hier ein kleines, widerstandsfähiges, robustes und dennoch leistungsfähiges Rind entstehen.

Erst Mitte des 19. Jahrhunderts setzte eine züchterische Bearbeitung ein. Dies führte zur Gründung von Herdbuchgesellschaften in fast allen Zuchtgebieten dieser roten Rinder, also den deutschen Mittelgebirgen, so auch im Jahr 1885 zur Gründung der "Oberhessischen Herdbuchgesellschaft für Vogelsberger Rotvieh". Die verschiedenen Rassen und Schläge ähnelten einander in der Nutzung und damit auch im Typ sehr. Da ohnehin ein Austausch von Zuchttieren zwischen den einzelnen Zuchtgebieten üblich war, fasste man 1911 mehrere Schläge zum "Mitteldeutschen Rotvieh" zusammen. Zu ihnen gehörten Vogelsberger, Waldecker, Sieger- und Sauerländer, Harzer, Odenwälder sowie Bayerisches, Sächsisches, Schlesisches und Westfälisches Rotvieh.

### 2.2.2 Entwicklung

Man züchtete ein Rind, das trotz der kärglichen Bedingungen der Landwirtschaft in den Mittelgebirgen eine respektable Milchleistung erbrachte. Fast ebenso wichtig war die Zugleistung der Tiere, die ebenfalls beachtet wurde. Daneben sollten die Tiere auch noch eine ansprechende Fleischleistung erbringen.

Im Laufe der Jahre kam es jedoch immer wieder zu Einfuhren und Einkreuzungen anderer Rasse (z.B. Fleckvieh, Frankenvieh) in alle Rotviehzuchten. Auch innerhalb der Züchterorganisationen kam es regelmäßig zu einem Zuchttieraustausch.

Seit den 50er Jahren des 20. Jahrhunderts zeichnete sich jedoch eine sehr starke Umstrukturierung der Landwirtschaft und damit auch der Tierzucht ab, die auch an den Rotviehzuchten nicht spurlos vorbeiging. Die zunehmende Technisierung und Motorisierung der Landwirtschaft, mit dem Traktor als äußerem und markantestem Ausdruck, sorgte dafür, dass Landwirtschaft wesentlich intensiver betrieben werden konnte und musste als bisher. Dieser Schub an Leistungsfähigkeit, der nun auch in der Tierzucht und damit auch vom Rotvieh gefordert wurde, war in kurzer Zeit nicht durch züchterische Anstrengungen zu realisieren. Man begann eine Verdrängungskreuzung mit Rindern der Rassen, die optisch dem Bild des Rotviehs am ehesten entsprachen und in ihren Leistungen das brachten, was der expandierende Markt für die tierischen Produkte Milch und Fleisch forderte. Zu diesen Rassen zählten vor allem das Angler Rind, aber auch das Dänische (Milch-) Rind. Die Zugleistung der mitteldeutschen Rotviehschläge, seit jeher eine der wichtigsten Leistungen dieser Tiere, war nun nicht mehr gefragt und damit wertlos.

Diese Entwicklungen führten dazu, dass die mitteldeutschen Höhenrotviehschläge aller Zuchtgebiete nach und nach verschwanden.



## 2.3 Zuchtprogramm

Das Zuchtziel wird durch Reinzucht mit offenem Herdbuch und für eine Übergangszeit durch gezielte Hereinnahme auf der Vaterseite mit genetisch nahestehenden Rassen angestrebt. Diese väterliche Blutzuführung durch andere Rassen ist erlaubt, wenn dazu ein bundesweit gültiger Beschluss der Bundesarbeitsgemeinschaft Rotes Höhenvieh vorliegt.

Zweck des Zuchtprogramms ist die Erhaltung der Rasse und eine Anpassung an die wirtschaftlichen Erfordernisse der Rinderhaltung, ohne die vorhandenen typischen Rassemkmale zu verändern.

Für Betriebe, die sich am Zuchtprogramm beteiligen, gelten folgende Regeln:

- Feldprüfung (mind. 365 Tage) für möglichst alle männlichen und weiblichen Nachkommen
- Exzellenzbewertung für alle in den Merkmalen Typ, Bemuskelung und Skelett > Note 6 bewerteten Kühe der Herdbuchklasse HHA-Elite
- Einhaltung der Anpaarungsempfehlungen für die gesamte Herde
- Ausschließliche Verwendung von Vatertieren mit einem auf die Herde bezogenen Inzuchtzuwachs  $\leq 1$  & pro Generation
- Die Geburt eines aus der gezielten Anpaarung resultierenden Kalbes ist der Abteilung Fleischrinder gesondert zu melden
- Die Entscheidung über den weiteren Verbleib der aus gezielter Paarung stammenden männlichen Kälber wird in Abstimmung mit RSA, Abt. Fleischrinder getroffen.

Die Zuchtauswahl steht vor dem Problem, dass die typvollsten Tiere sehr oft aus Inzuchtfamilien stammen. Andererseits darf die Größenordnung des Inzuktoeffizienten nicht das alleinige Selektionskriterium sein, da sonst die Gefahr besteht, dass rassefremde Genetik, die typverändernd wirkt, bevorzugt wird.

An ausgewählte Besamungsbullen werden folgende Anforderungen gestellt:

- In den Merkmalen Typ und Skelett mindestens jeweils die Note 7, in der Summe 15
- Eigenleistung tägliche Zunahme mit 365 Tagen nicht unter 1050 g
- Grenzwert für den Inzuchtzuwachs  $\leq 3$  % pro Generation
- Zuchtbuch Hauptabteilung A

An ausgewählte Muttertiere werden folgende Anforderungen gestellt:

- In den Merkmalen Typ und Skelett mindestens jeweils die Note 7, in der Summe 15
- Bevorzugt werden Kühe, die durch ihre bisherige Eigenleistung Fruchtbarkeit, Gesundheit und Langlebigkeit nachgewiesen haben
- Ausnahmen sind möglich, wenn überragende Einzelmerkmale dies rechtfertigen.

(Quelle: Zuchtbuchordnung und Zuchtprogramm Fleischrinder des Rinderzuchtverbandes Sachsen-Anhalt eG)

Ein Kryokonservierungsprogramm beinhaltet das Anlegen von Spermareserven a' 100 Portionen von 25 nicht miteinander verwandten Bullen. Der FAO Fachbeirat empfiehlt dieses Programm für Populationen  $200 < Ne > 1000$ . Die effektive Population ( $Ne$ ) der Rasse liegt in dieser Größenordnung, aber es gibt zur Zeit in der gesamten Population keine 25 nicht miteinander verwandten Bullen.

## 2.4 Heutiger Stand

Zu Beginn der 80er Jahre machten sich einige Tierzüchter und Landwirte Gedanken um den Erhalt der Rotviehschläge. In Gießen gründete sich ein Arbeitskreis zur Erhaltung und Förderung des Vogelsberger Rindes, aus dem 1985 der "Verein zur Erhaltung und Förderung des Roten Höhenviehs e.V." entstand. Es begann die Suche nach Tieren mit Höhenblut. Ca. 20 weibliche Tiere konnten gefunden werden. Ihr Genanteil belief sich auf maximal 50 %, meistens jedoch nur auf 25 % und weniger.

Den entscheidenden Anstoß für den Beginn einer tierzüchterisch sinnvollen Arbeit gab der "Fund" von Restspermaportionen des reinrassigen Rotviehbullen "Uwe R12". Die Zentralbesamungsstation in Gießen verfügte noch über ca. 60 Portionen dieses Spermias und unterstützte fortan die Bemühungen des Arbeitskreises. Durch Anpaarung an die interessantesten noch verbliebenen Kühe konnten Tiere nachgezogen werden, deren rechnerischer Genanteil immerhin so hoch lag, dass sich mit diesen Tieren erfolversprechend weiterzuchten ließ. Weiterhin konnten durch intensive Nachforschungen auch in den anderen früheren Zuchtgebieten des alten Rotviehs, insbesondere im Harz und in Westfalen, noch weitere weibliche Tiere gefunden werden, die dem alten Rotvieh entstammten. Auch hier waren es keine reinrassigen Tiere mehr, aber immerhin Tiere mit nennenswerten und nachweisbaren Genanteilen alten Rotviehs. Die Zuchtbasis vergrößerte sich. Trotzdem besteht das Problem des starken Inzuchtzuwachs. Dieser Tatsache begegnet man bisher durch den geringen aber gezielten Einsatz genealogisch nahe verwandter Rassen in der Population des Roten Höhenviehs. Dazu zählen vor allem die Gelbviehschläge, wie das Frankenvieh, das noch in großer Zahl gezüchtet wird, aber auch das Lahnvieh, einer bereits seit längerem ausgestorbenen Rinderrasse, von der noch ein geringer Spermavorrat eines Bullen in der Zentralbesamungsstation Gießen verfügbar ist.

Nachdem sich die Population bis heute auf dieser Basis entwickeln und konsolidieren konnte, steht die Frage der Nutzung der Tiere heute im Mittelpunkt des Interesses. Der Ausblick in die Zukunft orientiert sich sehr stark an den Einsatzmöglichkeiten des Roten Höhenviehs. Die Tiere nicht zu Höchstleistungen umzuformen und sie aus den "Anforderungen der Leistungsgesellschaft" herauszunehmen, ist nur im Bereich der Mutterkuhhaltung auf lange Sicht gegeben. Die Ausnahmen liegen in der Selbstvermarktung von Frischmilch, Käse etc. bei definitiv höheren Marktpreisen.

Laut statistischem Jahresbericht 2008 des Bundesverbandes Deutscher Fleischrindzüchter und -halter e.V. (BDF) gab es 987 Herdbuchtiere (dav. 69 Bullen), das entspricht 1,5 % aller Fleischrinder-Herdbuchtiere in Deutschland. Gegenüber 2007 wurde der Bestand der Rasse Rotes Höhenvieh um 101 Herdbuchtiere (+ 11,4 %) erhöht.

## 2.5 Leistungen

**Tabelle 3:** Fleischleistungsprüfung in Mutterkuhherden 2004 bis 2008 - männliche Tiere

(Quelle: Jahresstatistik des Sächsischen Landesamtes für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie)

Jahr	200 - Tage				365 - Tage			
	n Tiere	Gewicht, kg	LTZ, g	B-Note	n Tiere	Gewicht, kg	LTZ, g	B-Note
2004	15	258	1.097	4,93	17	383	942	5,53
2005	20	367	1.002	4,95	14	421	975	5,86
2006	1	246	1.038	5,33	7	381	841	5,00
2007	11	293	1.002	5,00	12	443	975	5,42
2008	20	226	946	4,83	6	314	759	4,83

**Tabelle 4:** Fleischleistungsprüfung in Mutterkuhherden 2004 bis 2008 - weibliche Tiere

(Quelle: Jahresstatistik des Sächsischen Landesamtes für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie)

Jahr	200 - Tage				365 - Tage			
	n Tiere	Gewicht, kg	LTZ, g	B-Note	n Tiere	Gewicht, kg	LTZ, g	B-Note
2004	43	241	1.023	5,00	28	361	889	4,89
2005	43	205	981	5,09	38	324	884	5,03
2006	3	219	891	4,47	12	321	872	4,17
2007	15	215	981	5,00	17	317	884	4,75
2008	10	199	823	4,00	10	199	605	4,40

## 3 Erbfehler

### 3.1 Erbfehlerproblematik

Erbfehler und Mißbildungen sind Abweichungen von der Norm in Körperbau, Körperfunktion und Verhalten mit nachteiliger Wirkung für das betroffene Tier oder die Population (Rasse).

Sie führen nicht nur zu wirtschaftlichen Schäden, sondern verursachen auch oft Leiden und Schmerzen bei den betroffenen Tieren. Es liegt deshalb schon in der ethischen Verantwortung, Anomalien zu erfassen und wenn möglich durch züchterische Maßnahmen zu vermeiden.

Wirtschaftlich gesehen entstehen direkte Kosten durch die Schädigungen am Tier selbst, aber auch durch Beschränkungen in den züchterischen Maßnahmen und vermindertem Zuchtfortschritt. Nicht zu unterschätzen sind auch eventuelle Imageschäden für die Rasse.

Erbfehler sind vor allem solche Defekte, denen ein monogener oder digener Erbgang oder eine Chromosomenanomalie zugrunde liegen. Soweit Erbfehler durch ein dominantes Gen verursacht werden, sind Anlageträger zugleich Merkmalsträger. Dies vereinfacht die Selektion gegen solche Merkmale, so dass im Allgemeinen keine besonderen diagnostischen, jedoch züchterische Maßnahmen erforderlich sind. Rezessive Schadgene dagegen führen nur in homozygotem Zustand, bei zwei beteiligten Genorten erst bei deren Kombination zur Manifestation des Erbfehlers und damit zum Auftreten erkennbarer Merkmalsträger.

Erbkrankheiten gewinnen besonders seit dem vermehrten Einsatz der künstlichen Besamung immer mehr an Bedeutung. So kann ein KB-Bulle mit hervorragenden Leistungsallelen, der aber ein Erbfehlerträger ist, seinen Erbfehler in einen großen Teil der Population verbreiten. Er kann erst als Erbfehlerträger erkannt werden, wenn er an einen weiteren Anlagenträger angepaart wird und aus dieser Paarung ein krankes Kalb entsteht.

Der Nachweis einer genetischen Abhängigkeit wird oft erschwert durch die relative Seltenheit der Defekte, unvollständige Penetranz, Umweltfaktoren mit ähnlicher Wirkung sowie durch Befürchtungen der Züchter vor Diskriminierung ihrer Zucht.

In Abhängigkeit von der Frequenz des Schadgens ist die Häufigkeit der phänotypisch gesunden Anlageträger in der Population um ein Vielfaches größer als die erkennbaren Merkmalsträger. Die heutige Molekulargenetik erlaubt die Entwicklung von Markertests für die frühzeitige Erkennung von Erbfehlern. Diese Tests ermöglichen eine effiziente Reduktion der Letalgene in den Populationen bei gleichzeitiger züchterischer Nutzung von Anlageträgern.

In der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) ist der aktuelle genomanalytische Wissensstand über genetische Defekte ersichtlich. Für das Rind sind z.Zt. (Stand: 01.09.2009) insgesamt 379 Merkmale aufgeführt, 80 davon als "Single-Locus-traits", von 47 Merkmalen wurde die kausale Mutation bereits auf DNA-Ebene identifiziert.

Die zuständigen Rassdachverbände in der ADR legen eine verbindliche Liste der genetischen Besonderheiten und Erbfehler fest. Das Verfahren der Festlegung von Erbfehlern erfolgt nach wissenschaftlich anerkannten Grundsätzen und wird auf bestimmte Gruppen (wie z.B. Besamungsbullen, deren Bullenmütter, ET-Spendertiere) beschränkt. Die Ergebnisse durchgeführter Untersuchungen auf genetische Besonderheiten und Erbfehler sind nach Vorliegen im Zuchtbuch zu führen und auf der Zuchtbescheinigung anzugeben. Die Entwicklung weiterer Erbfehler wird hinsichtlich ihrer Tierschutzrelevanz und/oder ökonomischen Bedeutung ständig geprüft und entsprechend behandelt.

## 3.2 Bekannte Erbfehler beim Rind

Nachfolgend werden die z.Zt. wirtschaftlich und erbhgienisch wichtigsten Defekte beim Rind beschrieben:

- **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Hierbei handelt es sich um eine Immunschwäche, die durch eine Punktmutation verursacht wird und zum Fehlen bestimmter Glukoproteine auf der Oberfläche von Leukozyten führt, wodurch sie nicht mehr aus dem Blut in Richtung eines Infektionsherdes auswandern können. Die Krankheit äußert sich in auffallender Neigung zu wiederkehrenden bakteriellen Infektionen. Die Kälber sterben oft in den ersten Lebenswochen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Es handelt sich um eine schwere Entwicklungsstörung der Wirbelsäule. Die Kälber werden abortiert, zu früh oder tot geboren. Typische Kennzeichen sind Mißbildungen an den Wirbelkörpern, verkürzte Wirbelsäule, versteifte, nach innen verdrehte Gelenke an allen vier Gliedmaßen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Uridin-Monophosphat, das eine essentielle Komponente der Pyrimidin-Nukleotide darstellt, kann nicht ausreichend synthetisiert werden. Die schwerwiegende Konsequenz ist embryonaler Fröhrtod.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Citrullinämie**

Aufgrund eines Enzymdefektes ist der Harnstoffzyklus gestört. Die Kälber sterben innerhalb von 3-5 Tagen nach der Geburt an Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Die Entwicklung der Knorpel- und Knochenbildung ist gestört. Die in der Regel toten Neugeborenen haben überlange, sehr dünne, leichtbrüchige Röhrenknochen. Die Sehnen der Gliedmaßen sind verkürzt, die Gelenke verkrümmt oder versteift. Außerdem sind häufig Verformungen des Schädels und Verkürzungen des Unterkiefers zu beobachten. Da der Defekt sich schon beim Fötus entwickelt, sind bereits bei der Geburt des Kalbes Knochenbrüche zu erwarten und dadurch Verletzungen der Geburtswege beim Muttertier möglich.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh

- **Syndactylie (Mulefoot)**

Die beiden Hauptzehen der betroffenen (eine oder mehrere) Gliedmaßen sind teilweise bis komplett verschmolzen, wobei meistens nur ein Hornschuh ausgebildet ist. Diese kegelförmig zugespitzten Hufe zwingen die Tiere zum Auftreten auf kleinsten Flächen, zu schwankender Haltung und bevorzugtem Liegen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh, Braunvieh

- **Chondrodysplasie (Bulldog)**

Hierbei handelt es sich um eine Punktmutation, die zu einer Störung der Knorpelbildung führt. Die Knochenwachstumszone wird verfröhrt verknöchert, was zur Einschränkung des Längenwachstums vor

allem der Extremitäten führt. Die Tiere fallen durch ihren unförmigen Körperbau mit kurzem Kopf und stummelartigen Gliedmaßen auf und zählen zu dem Komplex disproportionierten Zwergenwuchses.

Betroffene Rasse: Dexter

- **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Es handelt sich um eine neurogene Atrophie und Schwäche der Skelettmuskulatur, besonders der Extremitäten, hervorgerufen durch Degeneration und Schwund der Motoneuronen im Rückenmark. In der Regel zeigen sich erst im Alter von 3 bis 5 Wochen Lähmungserscheinungen. Als häufigste Komplikation tritt eine sekundäre meist therapieresistente Pneumonie auf, so dass die Kälber selten älter als zwei Monate werden.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **SDM (Spinale Dysmyelinisierung)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nerverzellgebieten gekennzeichnet ist. Die davon betroffenen Kälber liegen ab Geburt häufig in Seitenlage mit gestreckten Beinen fest. Den Kopf halten sie meist nach oben hinten ("Mondguckerhaltung"). Da die betroffenen Kälber auf keine Behandlung ansprechen, gehen sie in der Regel in den ersten Lebenswochen ein oder werden eingeschläfert.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems. Erste Krankheitszeichen treten im Alter von 5 bis 8 Monaten auf. Die betroffenen Kälber zeigen Schwächen in den Hinterbeinen und einen schwankenden, ungleichmäßigen Gang. Stärker werdende Koordinationsstörungen führen zum Festliegen und Tod durch Pansenlähmung mit 1 bis 3 Jahren.

Betroffene Rasse: Braunvieh

Genetisches Monitoring der Rasse  
'Rotes Hoehenvieh'  
Teil II  
(statistische Auswertungen)

vit Verden

05.07.2010

**Inhaltsverzeichnis**

<b>1</b>	<b>Übersicht Datengrundlage</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Pedigreevollständigkeit</b>	<b>6</b>
<b>3</b>	<b>Genanteile</b>	<b>10</b>
<b>4</b>	<b>Generationsintervall</b>	<b>13</b>
<b>5</b>	<b>Inzucht und effektive Populationsgröße</b>	<b>13</b>
<b>6</b>	<b>Bewertung der Ergebnisse</b>	<b>17</b>

**Abbildungsverzeichnis**

1	Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index . . . . .	9
2	Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI > 0.70 auf Geburtsjahrgang . . . . .	15
3	Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen . . . . .	16

---

---

## Tabellenverzeichnis

1	Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht . . . . .	4
2	Verteilung der Tiere auf Regionen . . . . .	5
3	Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge . . . . .	5
4	Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population . . . . .	7
5	Mittlere Genanteile der Bullen in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	11
6	Mittlere Genanteile der Kühe in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	12
7	Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden . . . . .	13



## 1 Übersicht Datengrundlage

Für das Monitoring der genetischen Variabilität des Roten Höhenviehs (RHV, Rassecode=71) wurden zunächst alle seit 1990 registrierten Geburten bzw. Tiere seit Geburtsjahr 1990 bereitgestellt. In Tabelle 1 sind alle geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. Aus den vollständigen Jahrgängen 2000 bis 2007 ist ersichtlich, dass pro Jahr ca. 700 bis 800 Kälber geboren werden.

In Tabelle 2 ist eine regionale Verteilung der Geburten über die Bundesländer gegeben. Die Rasse ist hauptsächlich in den an den Harz angrenzenden Regionen noch zu finden und im Bereich Vogelsberg in Hessen.

In Tabelle 3 ist aufgelistet, welche Tiere davon Eltern geworden sind und welche Eltern wiederum heute noch leben. Die letzten 2 Spalten sind unter dem Vorbehalt zu betrachten, dass in den Ursprungsdateien alle Abgangsdaten vollständig verzeichnet sind.

Die Ausgangsbasis für das Genetische Monitoring bilden alle lebenden Eltern seit 2001 (aktuelles Jahr - 9). Diese Tiere sind als jüngste Elterngeneration (1) bzw. aktuelle Zuchtpopulation zu sehen und sollten selbst noch nicht als Großeltern im Datenmaterial erscheinen.

Jahrgang	männlich	weiblich
1990	6	43
1991	6	41
1992	10	77
1993	14	77
1994	10	113
1995	12	104
1996	47	176
1997	82	173
1998	156	206
1999	211	249
2000	264	302
2001	236	318
2002	280	321
2003	273	332
2004	324	380
2005	349	351
2006	367	391
2007	400	395
2008	384	410
2009	284	262
2010	0	0

Tabelle 1: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

Region	Anz. Tiere
Schleswig-Holstein	3
Niedersachsen	1.231
Nordrhein-Westfalen	458
Hessen	2.628
Rheinland-Pfalz	209
Bayern	537
Saarland	8
Berlin	9
Brandenburg	10
Sachsen	921
Sachsen-Anhalt	1.301
Thüringen	998
NBL, <sup>1</sup> nicht zuzuordnen	123

<sup>1</sup> Neue Bundesländer

Tabelle 2: Verteilung der Tiere auf Regionen

Jahrgang	Alle		Eltern		noch lebende Eltern	
	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe
2001	236	318	28	159	15	89
2002	280	321	28	188	13	123
2003	273	332	25	174	6	123
2004	324	380	27	190	14	148
2005	349	351	28	153	11	127
2006	367	391	23	149	16	134
gesamt	1.829	2.093	159	1.013	75	744

Tabelle 3: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge

## 2 Pedigreevollständigkeit

Für die in Tabelle 3/Spalten 6 und 7 (noch lebende Eltern) genannte Ausgangseltern-generation wurden alle Ahnen bis 1950 zurück, sofern bekannt und plausibel, aus den Abstammungsdateien des **vit** herausgesucht. Die Pedigrees enden, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt.

Für eine korrekte Berechnung und Darstellung des Inzuchtzuwachses und der daraus abgeleiteten effektiven Populationsgröße sind Mindestanforderungen bezüglich Vollständigkeit und Tiefe der Pedigreeinformationen zu setzen. Um diesen Informationsgehalt zu quantifizieren, wird für jedes Tier der sogenannte Pedigree Completeness Index (PCI) berechnet (MacCluer 1983). Der PCI ist eine Relativzahl, die in Abhängigkeit zur geforderten Pedigreetiefe (Anzahl Ahnengenerationen) zu sehen ist. D.h., bei 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier den  $PCI=1$ , wenn alle 32 Ahnen bekannt sind.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1960 in Tabelle 4 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf eine Pedigreetiefe von 4 Ahnengenerationen. Für die Monitoringausgangspopulation (C) erreichen 46 männliche und 432 weibliche Tiere den geforderten  $PCI > 0,70$ . Diese Stichprobengröße ist als noch ausreichend für ein genetisches Monitoring zu bezeichnen.

In Abbildung 1 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 4 nochmal graphisch dargestellt. Je aktueller die Geburtsjahrgänge desto höher sind die mittleren PCI der Tiere. Dieses Ergebnis ergibt sich automatisch aus den verfügbaren Pedigreeinformationen.

Tabelle 4: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1960	1	0.00	0	0.00
1961	1	0.00	0	0.00
1962	1	0.00	0	0.00
1963	1	0.00	0	0.00
1964	1	0.00	0	0.00
1967	0	0.00	1	0.00
1968	0	0.00	2	0.00
1969	3	0.10	2	0.00
1970	4	0.00	0	0.00
1971	2	0.00	3	0.00
1972	2	0.00	5	0.00
1973	2	0.00	4	0.00
1974	2	0.00	1	0.00
1975	2	0.00	5	0.00
1976	6	0.04	5	0.00
1977	1	0.00	4	0.06
1978	3	0.00	5	0.05
1979	7	0.05	8	0.09
1980	7	0.07	14	0.00
1981	4	0.06	5	0.06
1982	4	0.06	11	0.05
1983	5	0.18	12	0.05
1984	11	0.09	17	0.02
1985	7	0.14	12	0.08
1986	4	0.21	15	0.00
1987	9	0.29	16	0.10
1988	6	0.18	26	0.18
1989	8	0.25	23	0.18
1990	6	0.34	32	0.15
1991	7	0.19	27	0.24
1992	8	0.21	42	0.29
1993	12	0.27	33	0.31
1994	10	0.13	34	0.33
1995	9	0.31	45	0.42
1996	14	0.39	54	0.45
1997	19	0.49	55	0.52
1998	19	0.49	43	0.45
1999	17	0.55	38	0.53

Weiter auf nächster Seite

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2000	24	0.56	59	0.61
2001	16	0.77	60	0.76
2002	15	0.80	62	0.77
2003	15	0.77	79	0.81
2004	15	0.83	97	0.86
2005	10	0.85	85	0.86
2006	12	0.88	91	0.87

Anzahl Tiere in Monitoring-Ausgangspopulation : 478

Grenzwert für PC-Index : 0.70

Bei Pedigreetiefe von : 4 Gen.

Erfüllt bei männl. Tieren : 46

Erfüllt bei weibl. Tieren : 432

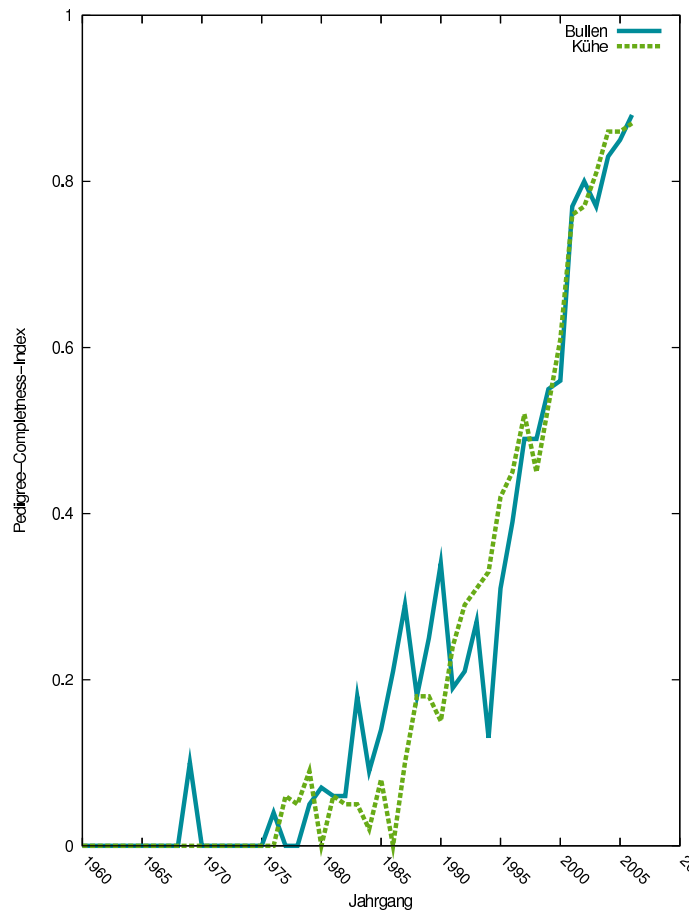


Abbildung 1: Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index

### 3 Genanteile

Für die Berechnung der Herkunftsgenanteile in den Tabellen 5 (Väter) und 6 (Mütter) wurden für alle Milchrinderrassen einheitlich die in den Spaltenköpfen genannten Rassen/Herkünfte definiert. Die Angaben beziehen sich auf die definierten Geburtsjahre der Ausgangsmonitoringpopulation (C). In Spalte 3 ist der mittlere Inzuchtgrad in den Jahrgängen ausgewiesen. In den folgenden Spalten die Herkunftsgenanteile in Prozent, die sich innerhalb Zeile zu 100 aufaddieren.

Mit fast 50 % Blutanteil der Rasse Rotvieh/Angler ist das Rote Höhenvieh nicht mehr als reine Rasse zu bezeichnen. Sie verschmilzt praktisch mit den anderen noch in Deutschland gehaltenen roten Rassen. Diese Aussage trifft allerdings nur zu, sofern die Rasseangaben bei allen Tieren, insbesondere bei den ältesten Ahnen korrekt angegeben sind. Da diese Rassen nicht mehr genau gegeneinander abzugrenzen sind, werden sie in der Zuchtwertschätzung auch als eine Rasse behandelt und züchterisch miteinander verglichen.







## 4 Generationsintervall

In einer weiteren Analyse werden die Generationsintervalle in den vier Selektionspfaden Bullenväter, Bullenmütter, Kuhväter und Kuhmütter ermittelt. Das Generationsintervall ergibt sich aus dem mittleren Alter der Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die in Tabelle 7 angegebenen Werte beziehen sich wiederum auf das mittlere Alter (in Jahren) der Eltern der Ausgangsgeneration der Monitoringpopulation (C). Das mittlere Generationsintervall ist als ungewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße benötigt, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich direkt mit der effektiven Populationsgröße zusammenhängt.

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Bullenväter	46	4.36
Bullenmütter	46	5.50
Kuhväter	432	3.88
Kuhmütter	432	5.20

Tabelle 7: Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade 4.74

## 5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres drückt die mittlere Wahrscheinlichkeit herkunftsgleicher Allele an einem Genort aus. Er ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene und damit leider auch von Erbfehlern.

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere einbezogen, die einen PCI > 0,70 bezogen auf 4 Ahnengenerationen aufweisen. Damit ist gewährleistet, dass bei allen Tieren aufgrund der verfügbaren Pedigreeinformation auf Vater- und Mutterseite eine vergleichbare Chance besteht Inzucht überhaupt zu berechnen - sofern tatsächlich vorhanden.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 2 ist die Verteilung aller Tiere und Ahnen in der Monitoringpopulation (helle Balken) sowie der Tiere mit PCI > 0,70 (dunkle Balken) ersichtlich. Wie nicht anders zu erwarten, nimmt der Anteil Tiere, die bezüglich PCI die Anforderungen erfüllen, ab, je weiter wir in den Geburtsjahrgängen zurückgehen.

Beim Roten Höhenvieh verbleiben aufgrund dieser PCI-Anforderung nur noch knapp die Hälfte der Tiere für die Berechnung der effektiven Populationsgröße (Abbildung 2).

Die effektive Populationsgröße ist nach der von Wooliams beschriebenen Methode als Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet.

Aus dem in Abbildung 3 dargestellten Inzuchtanstieg kann eine effektive Populationsgröße von 68 Tieren abgeleitet werden.

Die berechnete Anzahl effektiver Foundertiere mit  $f_e = 45$  fällt deutlich geringer aus. Die Anzahl effektiver Ahnen mit  $f_a = 29$  geschätzt, ist nochmal geringer, und deutet auf einige sehr einflußreiche Ahnen hin.

Ahnen mit den höchsten marginalen Genbeiträgen in der Ausgangsgeneration der Monitoringpopulation (C) sind:

UMBERTO (276002240025244), geb. 1987, Genbeitrag: 12,2 %

URAL (276002245014570), geb. 1989, Genbeitrag: 7,7 %

UWE-R12 (276002240024134), geb. 1963, Genbeitrag: 6,6 %

UWE-R12 ist Vater von URAL, und dieser wiederum von UMBERTO. Der Grossvater UWE-R12 ist zugleich auch das bedeutendste Foundertier der Population. Die aktiv lebende Zuchtpopulation wird also sehr stark von dieser Bullenlinie geprägt und ist entsprechend auch genetisch verengt.

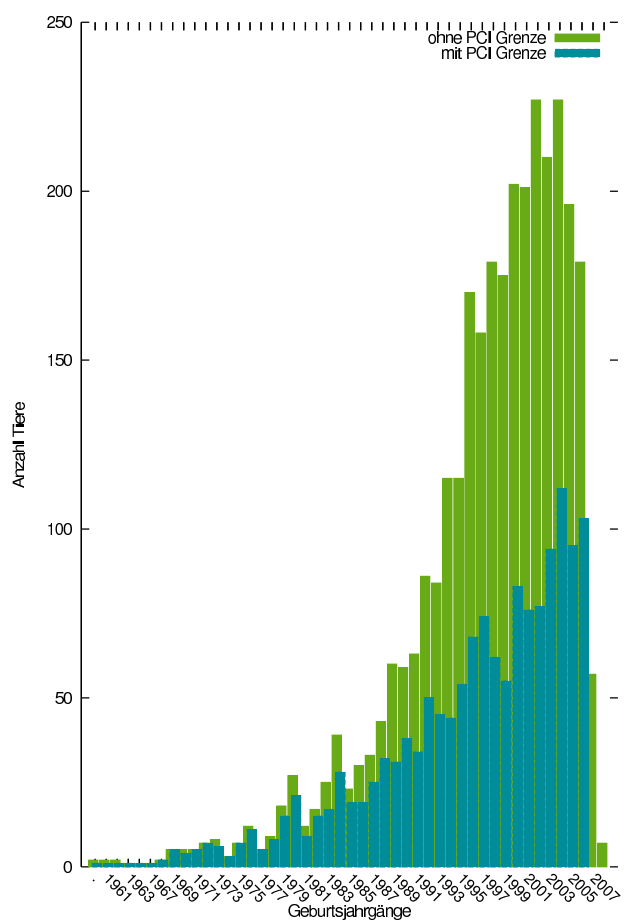


Abbildung 2: Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI > 0.70 auf Geburtsjahrgang

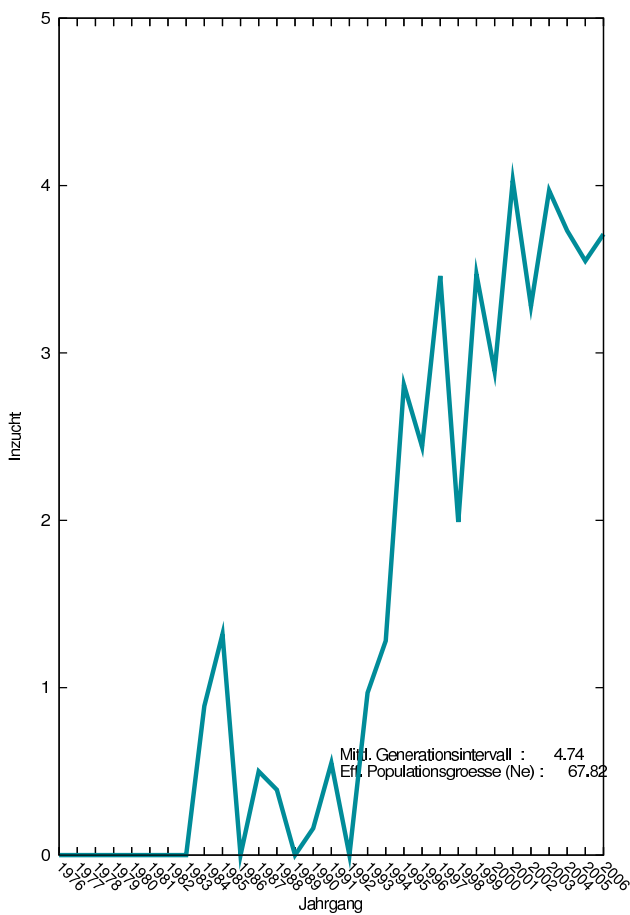


Abbildung 3: Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen

## 6 Bewertung der Ergebnisse

Für die noch knapp 500 Tiere in der aktiven lebenden Zuchtpopulation wird eine effektive Populationsgrösse  $N_e I$  von 68 geschätzt. Um genügend Tiere für die Auswertung verwenden zu können, konnten bezüglich Pedigreevollständigkeit keine hohen Anforderungen gestellt werden. Auffällig ist, dass sich die Genanteile der Rasse über viele Geburtsjahre ziemlich genau jeweils zur Hälfte auf Rotvieh/Angler und Rotes Höhenvieh zurückführen lassen. Erst in den letzten Jahren nimmt der Anteil Rotvieh/Angler zu Lasten der Originalrasse zu.

# MONITORING TIERGENETISCHER RESSOURCEN

## Teil I

-Rotvieh alter Angler Zuchtrichtung (RV)-



herausgegeben von  
Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung e.V.



## **Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

## **Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V.

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft - Institut für Tierzucht

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

## **Berichtsautor**

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

Adresse: Heideweg 1  
27281 Verden

Internet: [www.vit.de](http://www.vit.de)

e-mail: [info@vit.de](mailto:info@vit.de)

Telefon: 04231-955-10

Fax: 04231-955-166

Ansprechpartner: Friedrich Reinhardt  
Doris Vogel



# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Allgemeine Informationen</b>	<b>4</b>
1.1	Rasseschlüssel . . . . .	4
1.2	Anerkannte Züchtervereinigungen . . . . .	4
1.3	Sonstige Verbände . . . . .	5
1.4	Hauptzuchtgebiet . . . . .	6
<b>2</b>	<b>Rassebeschreibung</b>	<b>7</b>
2.1	Zuchtziel . . . . .	7
2.2	Herkunft und Zuchtgeschichte . . . . .	9
2.2.1	Entstehung . . . . .	9
2.2.2	Entwicklung . . . . .	9
2.3	Zuchtprogramm . . . . .	10
2.4	Heutiger Stand . . . . .	11
2.5	Leistungen . . . . .	12
<b>3</b>	<b>Erbfehler</b>	<b>13</b>
3.1	Erbfehlerproblematik . . . . .	13
3.2	Bekannte Erbfehler beim Rind . . . . .	14

# Tabellenverzeichnis

1	Verteilung der Tiere in MLP-Betrieben . . . . .	6
2	Maße und Gewichte . . . . .	7
3	Entwicklung des Zuchtziels . . . . .	9
4	Leistungsentwicklung der Kühe (A+B) . . . . .	12

# 1 Allgemeine Informationen

## 1.1 Rasseschlüssel

TGRDEU - 185

ADR - 06

## 1.2 Anerkannte Züchtervereinigungen

Rinderzucht Schleswig-Holstein e.G. (RSH)



Adresse: Rendsburger Strasse 178  
24537 Neumünster

Internet: [www.rsheg.de](http://www.rsheg.de)  
e-mail: [rsheg@rsheg.de](mailto:rsheg@rsheg.de)

Telefon: 04321-905300

Fax: 04321-905395

## 1.3 Sonstige Verbände

### Verband Deutscher Rotviehzüchter



Adresse: Angelnhalle  
24392 Süderbarup  
Internet: [www.angler-rind.de](http://www.angler-rind.de)  
e-mail: [info@angler-rind.de](mailto:info@angler-rind.de)  
Telefon: 04641-9332-21  
Fax: 04641-9332-15

### Förderverein des Angler Rindes alter Zuchtrichtung

Adresse: Angelnstrasse 9  
24392 Süderbarup  
Telefon: 04641-2528  
Fax: 04641-2528

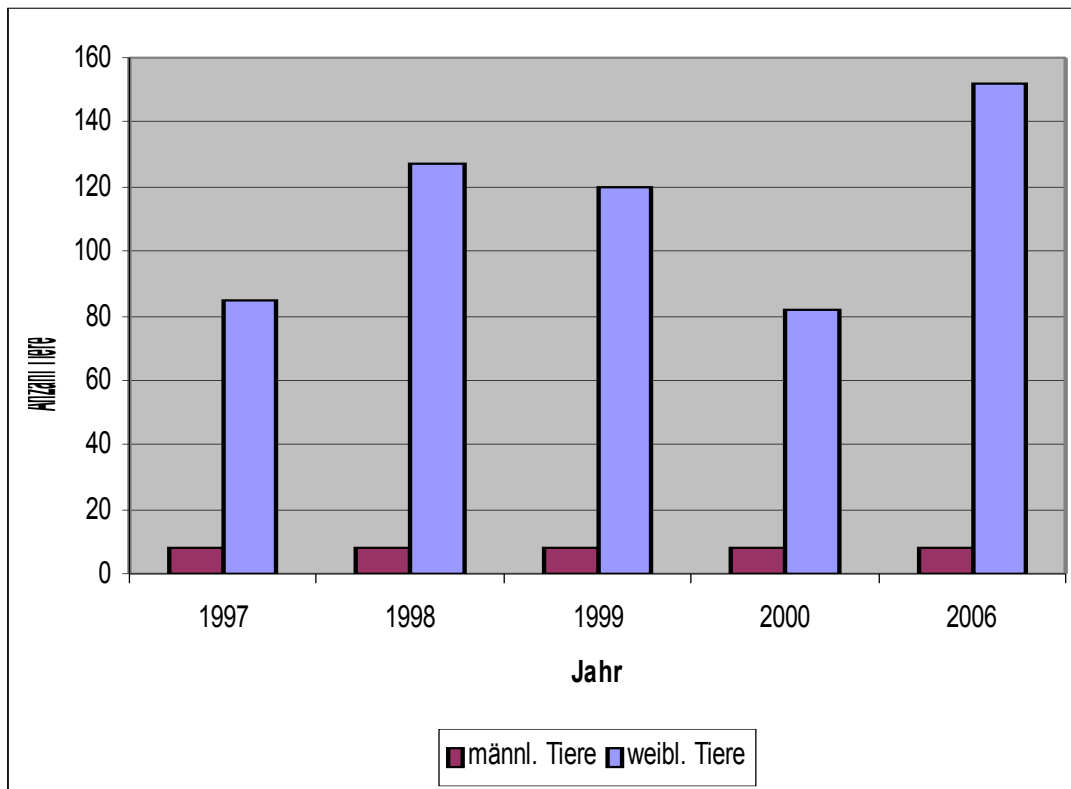
## 1.4 Hauptzuchtgebiet

Das Hauptzuchtgebiet der Rasse Rotvieh alter Angler Zuchtrichtung liegt im Bundesland:

- Schleswig-Holstein.

**Abb. 1: Bestandsentwicklung im Zeitraum 1997 bis 2006**

(Quelle: www.genres.de)



**Tabelle 1: Verteilung der Tiere in MLP-Betrieben**  
(MLP-Ergebnisse aus dem vit-Jahresbericht 2009)

Anzahl	1	2	> 30	Summe
Betriebe	10	3	1	14
Tiere	10	6	32	48

## 2 Rassebeschreibung

### 2.1 Zuchtziel

Als Angler Rind alter Zuchtrichtung werden die Tiere der Rotviehrasse Angler Rind bezeichnet, die nicht mit anderen Rinderrassen zur Leistungsverbesserung gekreuzt wurden.

Angestrebt wird ein milchbetontes Zweinutzungs- und Fleischrind. Das Angler Rind ist für sein gutes, feinfaseriges Fleisch und seine hervorragende Milchleistung - höchste Milchleistung je 100 kg Körpergewicht - bekannt. Angestrebt wird eine mittlere Jahresmilchmenge von

*6.000 kg Milch mit einem Fettgehalt von 5,0 % und einem Proteingehalt von 4,0 %.*

Da der Eiweißgehalt sehr hoch ist und die meisten Väter Träger des Kappa-Casein-B-Gens sind, besitzt die Milch günstige Eigenschaften für eine gute Käsequalität.

Besonderer Wert wird beim Angler Rind alter Zuchtrichtung auf folgende Eigenschaften gelegt:

- Leistungssicherheit und Anpassungsfähigkeit in allen Klimazonen
- ökonomisches Verhältnis von Gesamtfuttermittelverbrauch zum Milchertrag
- leichte Kalbungen und geringe Kälberverluste
- niedriges Erstkalbealter und kurze Zwischenkalbezeit
- gute Marschfähigkeit, gesundes Beinwerk und gute Klauen.

**Tabelle 2:** Maße und Gewichte

Maße und Gewichte	Bullen	Kühe
Widerristhöhe, cm	-	136 - 139
Gewicht, kg	-	600

Körperbau: mittelgroß  
lang und schmal  
geringe Bemuskulung  
behornt

Farbe: dunkelrot bis sattbraun  
dunkles Flotzmaul

Eigenschaften:

- langlebig
- frühe Zuchttauglichkeit
- leichte Geburten
- vitale Kälber
- genügsam
- gute Grünfutterverwerter
- robust
- gute Anpassungsfähigkeit an extreme Klimabereiche
- hevorragende Marschfähigkeit
- gesundes Fundament
- gute Klauen
- gutes, feinfaseriges Fleisch
- gute Eutergesundheit

## 2.2 Herkunft und Zuchtgeschichte

### 2.2.1 Entstehung

Seinen Ursprung hat das Angler Rind in der Landschaft Angeln in Schleswig-Holstein. Es ist eng mit der Kulturlandschaft zwischen Schlei und Flensburger Förde verbunden. Der erste schriftliche Hinweis auf das Angler Rind stammt aus dem 16. Jahrhundert. 1837 wurde der "Landwirtschaftliche Verein an der Schlei" gegründet, innerhalb dessen zum ersten Mal eine gezielte züchterische Arbeit mit den Angler Kühen stattfand. Größe, Milch- und Fettmenge wurden ständig durch straffe Zuchtauslese verbessert, so dass sie schnell die deutsche Hochleistungsrasse war. Dies führte dazu, dass die Tiere weit über ihr Ursprungsgebiet hinaus exportiert und gezüchtet wurden. Als "deutsche Butterkuh" wurde sie auch in alle Rotviehschläge eingekreuzt. Ab 1879 gab es eine zentrale Herdbuchführung in Süderbarup - der "Allgemeine Angler Viehzuchtverein" entstand. 1885 waren bereits 100 Bullen und 3.000 weibliche Tiere im Herdbuch eingetragen. Schon damals gab es eine zentrale Kommission, die alle Bullen der Rasse körte. Seit 1906 sind alle Herdbuchkühe der Milchleistungsprüfung angeschlossen.

### 2.2.2 Entwicklung

Neben Milchleistung und guter Kondition war die Vermeidung jeglicher Einkreuzung mit fremden Rassen oberstes Zuchtziel. 1928 wurde erstmals ein Zuchtziel in Zahlen formuliert.

**Tabelle 3:** Entwicklung des Zuchtziels

(Quelle: [www.genres.de](http://www.genres.de) "Angler - die Araber unter den Kuhrassen")

Jahr	Zuchtziel
1928	4.000 kg Milch mit 4 % Fett, Gewicht 500 kg
1949	4.000 kg Milch mit 5 % Fett, 6 Kälber
1962	5.000 kg Milch mit 5 % Fett, Gewicht 550 kg, in 8 Lebensjahren mind. 5 Kälber
1975	6.000 kg Milch mit 4,8 % Fett und 3,8 % Eiweiß, Gewicht 600 kg

In den fünfziger Jahren des 20. Jahrhunderts gab es für die Bauern neue wirtschaftliche Rahmenbedingungen. Es wurde den Rindern mehr Leistungsfähigkeit abverlangt. Trotz guter Milchleistung und hoher Fleischqualität war das Angler Rind nicht mehr rentabel. Durch gezielte Einkreuzungen mit Roten Rindern aus Dänemark und Schweden stieg die Milch- und Fleischleistung, so dass auch die Angler Rinderzüchter konkurrenzfähig blieben. Dadurch wandelte sich das Angler Rind jedoch erheblich. Die alte Zuchtrichtung wurde im Laufe der Jahre fast völlig verdrängt.



## 2.3 Zuchtprogramm

Die Zucht des Rotviehs alter Angler Zuchtrichtung wurde in ein Erhaltungszuchtprogramm gekleidet. Durch gezielte Anpaarungen soll der Gen-Anteil alter Zuchtrichtung kontinuierlich erhöht werden. Der im Jahr 2000 gegründete "Förderverein des Angler Rindes alter Zuchtrichtung e.V." hat sich dieser Aufgabe angenommen. Die Züchtung der Rinder auf die alte Zuchtrichtung ist sehr aufwendig. Die Züchter müssen sich sehr intensiv mit der Abstammung befassen, damit nur Tiere mit einer reinrassigen Abstammung angepaart werden. Ziel ist es die Existenz des alten Angler Rindes in der Landwirtschaft zu sichern.

## 2.4 Heutiger Stand

Die Gene des Angler Rindes finden sich heute in zahlreichen Rotviehbeständen Europas. Das Angler Rind alter Rasse ist jedoch vom Aussterben bedroht.

Im Jahr 2000 stellte man bei einer Auswertung des “Fördervereins des Angler Rindes alter Zuchtrichtung e.V.” fest, dass der Bestand des reinrassigen Angler Rindes nur noch aus 8 Bullen und 82 weiblichen Tieren bestand, die zwischen 10 und 16 Jahre alt waren.

Heute sieht die Lage etwas besser aus. So konnte der Bestand durch Verwendung von Spermaportionen, die seit fast 40 Jahren in Besamungsstationen lagern, erhöht werden.

Die Haltung erfolgt meist auf Bio- und Archehöfen sowie in konventionell wirtschaftenden Betrieben. Das Angler Rind alter Zuchtrichtung wird zum größten Teil als Mitglied einer Herde gehalten. Einige Züchter besitzen aber auch reine “Angler-Herden”.

Seit der Präsentation des Angler Rindes alter Zuchtrichtung im Jahr 2002 als gefährdete Nutztier rasse des Jahres ist die Bekanntheit der Rasse bundesweit deutlich gestiegen.

Die “Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Nutztier rassen e.V.” und der “Förderverein des Angler Rindes alter Zuchtrichtung e.V.” bemühen sich verstärkt um ein Zuchtprogramm. Durch gezielte Anpaarungen soll der Gen-Anteil alter Zuchtrichtung kontinuierlich erhöht werden.

Ziel der Zuchtarbeit ist der Erhalt eines lebenden Kulturgutes. Die regional begrenzte, beliebte, alte, rote Rasse kann zum Aushängeschild für Tourismus und Regionalvermarktung werden, weil sie auf den Weiden und in den Ställen zu sehen ist.

## 2.5 Leistungen

**Tabelle 4:** Leistungsentwicklung der Kühe (A+B)  
(MLP-Ergebnisse aus den vit-Jahresberichten 2003 bis 2008)

Jahr	Anzahl Kühe	Milch kg	Fett		Eiweiß		Alter Jahre	ZKZ Tage
			%	kg	%	kg		
2003	119	5.579	4,45	248	3,50	195	6,7	390
2004	77	5.378	4,26	229	3,66	197	6,0	383
2005	104	5.296	4,74	251	3,53	187	5,9	393
2006	61	5.759	4,74	273	3,47	200	6,1	385
2007	54	5.463	4,78	261	3,44	188	5,9	377
2008	52	5.082	4,84	246	3,44	175	6,0	378

## 3 Erbfehler

### 3.1 Erbfehlerproblematik

Erbfehler und Mißbildungen sind Abweichungen von der Norm in Körperbau, Körperfunktion und Verhalten mit nachteiliger Wirkung für das betroffene Tier oder die Population (Rasse).

Sie führen nicht nur zu wirtschaftlichen Schäden, sondern verursachen auch oft Leiden und Schmerzen bei den betroffenen Tieren. Es liegt deshalb schon in der ethischen Verantwortung, Anomalien zu erfassen und wenn möglich durch züchterische Maßnahmen zu vermeiden.

Wirtschaftlich gesehen entstehen direkte Kosten durch die Schädigungen am Tier selbst, aber auch durch Beschränkungen in den züchterischen Maßnahmen und vermindertem Zuchtfortschritt. Nicht zu unterschätzen sind auch eventuelle Imageschäden für die Rasse.

Erbfehler sind vor allem solche Defekte, denen ein monogener oder digener Erbgang oder eine Chromosomenanomalie zugrunde liegen. Soweit Erbfehler durch ein dominantes Gen verursacht werden, sind Anlageträger zugleich Merkmalsträger. Dies vereinfacht die Selektion gegen solche Merkmale, so dass im Allgemeinen keine besonderen diagnostischen, jedoch züchterische Maßnahmen erforderlich sind. Rezessive Schadgene dagegen führen nur in homozygotem Zustand, bei zwei beteiligten Genorten erst bei deren Kombination zur Manifestation des Erbfehlers und damit zum Auftreten erkennbarer Merkmalsträger.

Erbkrankheiten gewinnen besonders seit dem vermehrten Einsatz der künstlichen Besamung immer mehr an Bedeutung. So kann ein KB-Bulle mit hervorragenden Leistungsallelen, der aber ein Erbfehlerträger ist, seinen Erbfehler in einen großen Teil der Population verbreiten. Er kann erst als Erbfehlerträger erkannt werden, wenn er an einen weiteren Anlagenträger angepaart wird und aus dieser Paarung ein krankes Kalb entsteht.

Der Nachweis einer genetischen Abhängigkeit wird oft erschwert durch die relative Seltenheit der Defekte, unvollständige Penetranz, Umweltfaktoren mit ähnlicher Wirkung sowie durch Befürchtungen der Züchter vor Diskriminierung ihrer Zucht.

In Abhängigkeit von der Frequenz des Schadgens ist die Häufigkeit der phänotypisch gesunden Anlageträger in der Population um ein Vielfaches größer als die erkennbaren Merkmalsträger. Die heutige Molekulargenetik erlaubt die Entwicklung von Markertests für die frühzeitige Erkennung von Erbfehlern. Diese Tests ermöglichen eine effiziente Reduktion der Letalgene in den Populationen bei gleichzeitiger züchterischer Nutzung von Anlageträgern.

In der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) ist der aktuelle genomanalytische Wissensstand über genetische Defekte ersichtlich. Für das Rind sind z.Zt. (Stand: 01.09.2009) insgesamt 379 Merkmale aufgeführt, 80 davon als "Single-Locus-traits", von 47 Merkmalen wurde die kausale Mutation bereits auf DNA-Ebene identifiziert.

Die zuständigen Rassedachverbände in der ADR legen eine verbindliche Liste der genetischen Besonderheiten und Erbfehler fest. Das Verfahren der Festlegung von Erbfehlern erfolgt nach wissenschaftlich anerkannten Grundsätzen und wird auf bestimmte Gruppen (wie z.B. Besamungsbullen, deren Bullenmütter, ET-Spendertiere) beschränkt. Die Ergebnisse durchgeführter Untersuchungen auf genetische Besonderheiten und Erbfehler sind nach Vorliegen im Zuchtbuch zu führen und auf der Zuchtbescheinigung anzugeben. Die Entwicklung weiterer Erbfehler wird hinsichtlich ihrer Tierschutzrelevanz und/oder ökonomischen Bedeutung ständig geprüft und entsprechend behandelt.

## 3.2 Bekannte Erbfehler beim Rind

Nachfolgend werden die z.Zt. wirtschaftlich und erbhgienisch wichtigsten Defekte beim Rind beschrieben:

- **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Hierbei handelt es sich um eine Immunschwäche, die durch eine Punktmutation verursacht wird und zum Fehlen bestimmter Glukoproteine auf der Oberfläche von Leukozyten führt, wodurch sie nicht mehr aus dem Blut in Richtung eines Infektionsherdes auswandern können. Die Krankheit äußert sich in auffallender Neigung zu wiederkehrenden bakteriellen Infektionen. Die Kälber sterben oft in den ersten Lebenswochen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Es handelt sich um eine schwere Entwicklungsstörung der Wirbelsäule. Die Kälber werden abortiert, zu früh oder tot geboren. Typische Kennzeichen sind Mißbildungen an den Wirbelkörpern, verkürzte Wirbelsäule, versteifte, nach innen verdrehte Gelenke an allen vier Gliedmaßen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Uridin-Monophosphat, das eine essentielle Komponente der Pyrimidin-Nukleotide darstellt, kann nicht ausreichend synthetisiert werden. Die schwerwiegende Konsequenz ist embryonaler Fröhrtod.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Citrullinämie**

Aufgrund eines Enzymdefektes ist der Harnstoffzyklus gestört. Die Kälber sterben innerhalb von 3-5 Tagen nach der Geburt an Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Die Entwicklung der Knorpel- und Knochenbildung ist gestört. Die in der Regel toten Neugeborenen haben überlange, sehr dünne, leichtbrüchige Röhrenknochen. Die Sehnen der Gliedmaßen sind verkürzt, die Gelenke verkrümmt oder versteift. Außerdem sind häufig Verformungen des Schädels und Verkürzungen des Unterkiefers zu beobachten. Da der Defekt sich schon beim Fötus entwickelt, sind bereits bei der Geburt des Kalbes Knochenbrüche zu erwarten und dadurch Verletzungen der Geburtswege beim Muttertier möglich.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh

- **Syndactylie (Mulefoot)**

Die beiden Hauptzehen der betroffenen (eine oder mehrere) Gliedmaßen sind teilweise bis komplett verschmolzen, wobei meistens nur ein Hornschuh ausgebildet ist. Diese kegelförmig zugespitzten Hufe zwingen die Tiere zum Auftreten auf kleinsten Flächen, zu schwankender Haltung und bevorzugtem Liegen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh, Braunvieh

- **Chondrodysplasie (Bulldog)**

Hierbei handelt es sich um eine Punktmutation, die zu einer Störung der Knorpelbildung führt. Die Knochenwachstumszone wird verfröhrt verknöchert, was zur Einschränkung des Längenwachstums vor

allem der Extremitäten führt. Die Tiere fallen durch ihren unförmigen Körperbau mit kurzem Kopf und stummelartigen Gliedmaßen auf und zählen zu dem Komplex disproportionierten Zwergenwuchses.

Betroffene Rasse: Dexter

- **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Es handelt sich um eine neurogene Atrophie und Schwäche der Skelettmuskulatur, besonders der Extremitäten, hervorgerufen durch Degeneration und Schwund der Motoneuronen im Rückenmark. In der Regel zeigen sich erst im Alter von 3 bis 5 Wochen Lähmungserscheinungen. Als häufigste Komplikation tritt eine sekundäre meist therapieresistente Pneumonie auf, so dass die Kälber selten älter als zwei Monate werden.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **SDM (Spinale Dysmyelinisierung)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nerverzellgebieten gekennzeichnet ist. Die davon betroffenen Kälber liegen ab Geburt häufig in Seitenlage mit gestreckten Beinen fest. Den Kopf halten sie meist nach oben hinten ("Mondguckerhaltung"). Da die betroffenen Kälber auf keine Behandlung ansprechen, gehen sie in der Regel in den ersten Lebenswochen ein oder werden eingeschläfert.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems. Erste Krankheitszeichen treten im Alter von 5 bis 8 Monaten auf. Die betroffenen Kälber zeigen Schwächen in den Hinterbeinen und einen schwankenden, ungleichmäßigen Gang. Stärker werdende Koordinationsstörungen führen zum Festliegen und Tod durch Pansenlähmung mit 1 bis 3 Jahren.

Betroffene Rasse: Braunvieh

**Genetisches Monitoring der Rasse  
'Rotvieh alter Angler Zuchtrichtung'  
Teil II  
(statistische Auswertungen)**

vit Verden

05.07.2010

**Inhaltsverzeichnis**

<b>1</b>	<b>Übersicht Datengrundlage</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Pedigreevollständigkeit</b>	<b>6</b>
<b>3</b>	<b>Genanteile</b>	<b>9</b>
<b>4</b>	<b>Generationsintervall</b>	<b>12</b>
<b>5</b>	<b>Inzucht und effektive Populationsgröße</b>	<b>12</b>
<b>6</b>	<b>Bewertung der Ergebnisse</b>	<b>16</b>

**Abbildungsverzeichnis**

<b>1</b>	<b>Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index . . . . .</b>	<b>8</b>
<b>2</b>	<b>Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI &gt; 0.70 auf Geburtsjahrgang . . . . .</b>	<b>14</b>
<b>3</b>	<b>Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen . . . . .</b>	<b>15</b>

---

---

## Tabellenverzeichnis

1	Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht . . . . .	4
2	Verteilung der Tiere auf Regionen . . . . .	5
3	Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge . . . . .	5
4	Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population . . . . .	7
5	Mittlere Genanteile der Bullen in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	10
6	Mittlere Genanteile der Kühe in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	11
7	Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden . . . . .	12



## 1 Übersicht Datengrundlage

Für das Monitoring der genetischen Variabilität des Rotviehs alter Angler Zuchtrichtung (ANG, Rassecode=06) wurden zunächst alle seit 1990 registrierten Geburten bzw. Tiere seit Geburtsjahr 1990 bereitgestellt. In Tabelle 1 sind alle geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. Aus den vollständigen Jahrgängen 2000 bis 2007 ist ersichtlich, dass pro Jahr ca. 200 bis 300 Kälber geboren werden.

In Tabelle 2 ist eine regionale Verteilung der Geburten über die Bundesländer gegeben. Auffallend ist der hohe Anteil Tiere dieser Rasse in Baden-Württemberg, obwohl das Ursprungsgebiet eindeutig Schleswig-Holstein ist. Hier ist zu hinterfragen, ob generell über alle Bundesländer jeweils der Rassecode eindeutig angewendet wird. Eventuell werden Angler (Rassecode = 06) auch unter Rassecode = 05 geführt.

In Tabelle 3 ist aufgelistet, welche Tiere davon Eltern geworden sind und welche Eltern wiederum heute noch leben. Die letzten 2 Spalten sind unter dem Vorbehalt zu betrachten, dass in den Ursprungsdateien alle Abgangsdaten vollständig verzeichnet sind.

Die Ausgangsbasis für das Genetische Monitoring bilden alle lebenden Eltern seit 2001 (aktuelles Jahr - 9). Diese Tiere sind als jüngste Elterngeneration (1) bzw. aktuelle Zuchtpopulation zu sehen und sollten selbst noch nicht als Großeltern im Datenmaterial erscheinen.

Jahrgang	männlich	weiblich
1990	7	465
1991	120	1.540
1992	104	2.869
1993	123	3.770
1994	41	652
1995	41	469
1996	105	152
1997	105	159
1998	64	141
1999	90	195
2000	146	212
2001	85	149
2002	76	109
2003	116	151
2004	123	159
2005	157	159
2006	178	181
2007	156	163
2008	105	122
2009	76	104
2010	0	0

Tabelle 1: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

Region	Anz.Tiere
Schleswig-Holstein	1.112
Niedersachsen	665
Nordrhein-Westfalen	367
Hessen	157
Rheinland-Pfalz	151
Baden Württemberg	2.685
Bayern	6
Saarland	89
Brandenburg	218
Mecklenburg-Vorpommern	12
Sachsen	80
Sachsen-Anhalt	2
Thüringen	30
NBL <sup>1</sup> , nicht zuzuordnen	8.365

<sup>1</sup> Neue Bundesländer

Tabelle 2: Verteilung der Tiere auf Regionen

Jahrgang	Alle		Eltern		noch lebende Eltern	
	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe
2001	85	149	5	66	2	19
2002	76	109	2	43	0	14
2003	116	151	3	63	1	25
2004	123	159	2	76	1	43
2005	157	159	1	56	0	39
2006	178	181	1	41	0	16
gesamt	735	908	14	345	4	156

Tabelle 3: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge

## 2 Pedigreevollständigkeit

Für die in Tabelle 3/Spalten 6 und 7 (noch lebende Eltern) genannte Ausgangselterngeneration wurden alle Ahnen bis 1950 zurück, sofern bekannt und plausibel, aus den Abstammungsdateien des **vit** herausgesucht. Die Pedigrees enden, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt. Für die Angler alter Zuchtrichtung wurde hier eine Ausnahme zugelassen. Bei Ahnen der Rasse Angler (Rassecode = 05)) laufen die Pedigrees weiter. Diese Maßnahme ist durch die vermutete nicht eindeutige Rassezuordnung begründet.

Für eine korrekte Berechnung und Darstellung des Inzuchtzuwachses und der daraus abgeleiteten effektiven Populationsgröße sind Mindestanforderungen bezüglich Vollständigkeit und Tiefe der Pedigreeinformationen zu setzen. Um diesen Informationsgehalt zu quantifizieren, wird für jedes Tier der sogenannte Pedigree Completeness Index (PCI) berechnet (MacCluer 1983). Der PCI ist eine Relativzahl, die in Abhängigkeit zur geforderten Pedigreetiefe (Anzahl Ahnengenerationen) zu sehen ist. D.h., bei 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier den  $PCI=1$ , wenn alle 32 Ahnen bekannt sind.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1960 in Tabelle 4 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf eine Pedigreetiefe von 4 Ahnengenerationen. Für die Monitoringausgangspopulation (C) erreichen 1 männliches und 30 weibliche Tiere den geforderten  $PCI > 0,70$ . Damit ist eine ausreichende Datengrundlage für ein genetisches Monitoring nicht mehr gegeben.

In Abbildung 1 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 4 nochmal graphisch dargestellt. Je aktueller die Geburtsjahrgänge desto höher sind die mittleren PCI der Tiere. Dieses Ergebnis ergibt sich automatisch aus den verfügbaren Pedigreeinformationen.

Tabelle 4: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1962	1	0.00	0	0.00
1971	1	0.00	0	0.00
1978	0	0.00	1	0.00
1980	1	0.00	0	0.00
1981	1	0.00	1	0.00
1982	0	0.00	1	0.00
1983	1	0.00	0	0.00
1984	2	0.00	3	0.00
1985	1	0.00	5	0.07
1986	2	0.17	2	0.00
1987	1	0.00	2	0.00
1988	1	0.00	1	0.00
1990	3	0.11	4	0.00
1991	0	0.00	2	0.33
1992	1	0.00	8	0.25
1993	2	0.33	1	0.00
1994	1	0.00	5	0.20
1995	1	0.00	4	0.19
1996	2	0.22	3	0.22
1997	3	0.22	3	0.44
1998	2	0.33	2	0.33
1999	3	0.11	4	0.40
2000	2	0.62	9	0.52
2001	3	0.70	5	0.75
2002	1	0.44	6	0.67
2003	0	0.00	6	0.93
2004	0	0.00	8	0.85
2005	0	0.00	8	0.81
2006	0	0.00	1	0.91

Anzahl Tiere in Monitoring-Ausgangspopulation : 31

Grenzwert für PC-Index : 0.70

Bei Pedigreetiefe von : 3 Gen.

Erfüllt bei männl. Tieren : 1

Erfüllt bei weibl. Tieren : 30

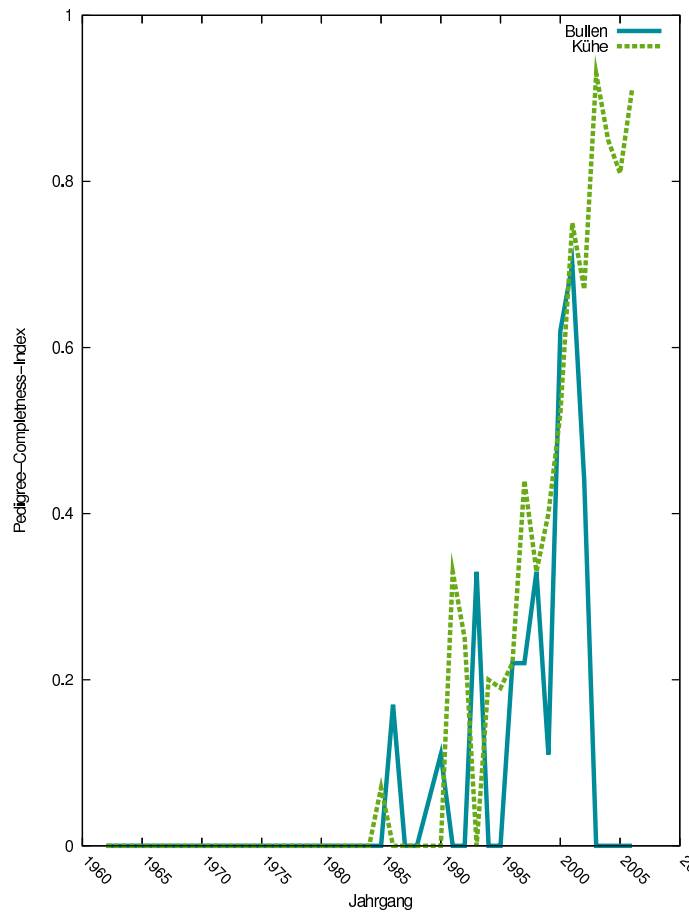


Abbildung 1: Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index

### 3 Genanteile

Für die Berechnung der Herkunftsgenanteile in den Tabellen 5 (Väter) und 6 (Mütter) wurden für alle Milchrinderrassen einheitlich die in den Spaltenköpfen genannten Rassen/Herkünfte definiert. Die Angaben beziehen sich auf die definierten Geburtsjahre der Ausgangsmonitoringpopulation (C). In Spalte 3 ist der mittlere Inzuchtgrad in den Jahrgängen ausgewiesen. In den folgenden Spalten die Herkunftsgenanteile in Prozent, die sich innerhalb Zeile zu 100 aufaddieren.

Durch die geringe Anzahl an verbleibenden Tieren in der Monitoringpopulation (C) sind die Tabellen 5 und 6 nicht aussagekräftig.

Jahrgang	Anzahl Tiere	Inzuchtgrad	Genanteile der Rassen in Prozent																																
			2001	1			Holstein/Schwarzbunt, Europa		Holstein/Rotbunt, Europa		Jersey		Braunvieh/Brown Swiss		Rotvieh/Angler (5/6)	100.00		Rotes Hoehenvieh (71)		Limpurger		Glanrind		Doppelnutzung Rotbunt (DN)		Dt. Schwarzb. Niederungsr.		Fleckvieh		Holstein, Nordamerika		Skandinavisches Rotvieh		Andere Milchrasen	

Tabelle 5: Mittlere Genanteile der Bullen in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr &gt; 1999)





## 4 Generationsintervall

In einer weiteren Analyse werden die Generationsintervalle in den vier Selektionspfaden Bullenväter, Bullenmütter, Kuhväter und Kuhmütter ermittelt. Das Generationsintervall ergibt sich aus dem mittleren Alter der Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die in Tabelle 7 angegebenen Werte beziehen sich wiederum auf das mittlere Alter (in Jahren) der Eltern der Ausgangsgeneration der Monitoringpopulation (C). Das mittlere Generationsintervall ist als ungewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße benötigt, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich direkt mit der effektiven Populationsgröße zusammenhängt.

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Bullenväter	1	3.34
Bullenmütter	1	3.89
Kuhväter	30	3.91
Kuhmütter	30	5.11

Tabelle 7: Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade 4.06

## 5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres drückt die mittlere Wahrscheinlichkeit herkunftsgleicher Allele an einem Genort aus. Er ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene und damit leider auch von Erbfehlern.

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere einbezogen, die einen PCI > 0,70 bezogen auf 4 Ahnengenerationen aufweisen. Damit ist gewährleistet, dass bei allen Tieren aufgrund der verfügbaren Pedigreeinformation auf Vater- und Mutterseite eine vergleichbare Chance besteht Inzucht überhaupt zu berechnen - sofern tatsächlich vorhanden.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 2 ist die Verteilung aller Tiere und Ahnen in der Monitoringpopulation (helle Balken) sowie der Tiere mit PCI > 0,70 (dunkle Balken) ersichtlich.

Beim Rotvieh alter Angler Zuchttrichtung verbleiben aufgrund der gegebenen PCI-Anforderung nicht mehr ausreichend Tiere für eine aussagefähige Berechnung der effektiven Populationsgröße (Abbildung 2).

Die effektive Populationsgröße ist nach der von Wooliams beschriebenen Methode als Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet.

Aus dem in Abbildung 3 dargestellten Inzuchtanstieg kann zwar eine effektive Populationsgröße von 77 Tieren abgeleitet werden. Dieser Wert ist aber nicht plausibel, da er höher ist als die Anzahl verbleibender Tiere (PCI > 0,70) in der aktiven Zuchtpopulation.

Die berechnete Anzahl effektiver Foundertiere mit  $f_e = 36$  kommt der Realität näher. Die Anzahl effektiver Ahnen mit  $f_a = 18$  geschätzt, zeigt den massiven Gefährdungsgrad der Rasse.

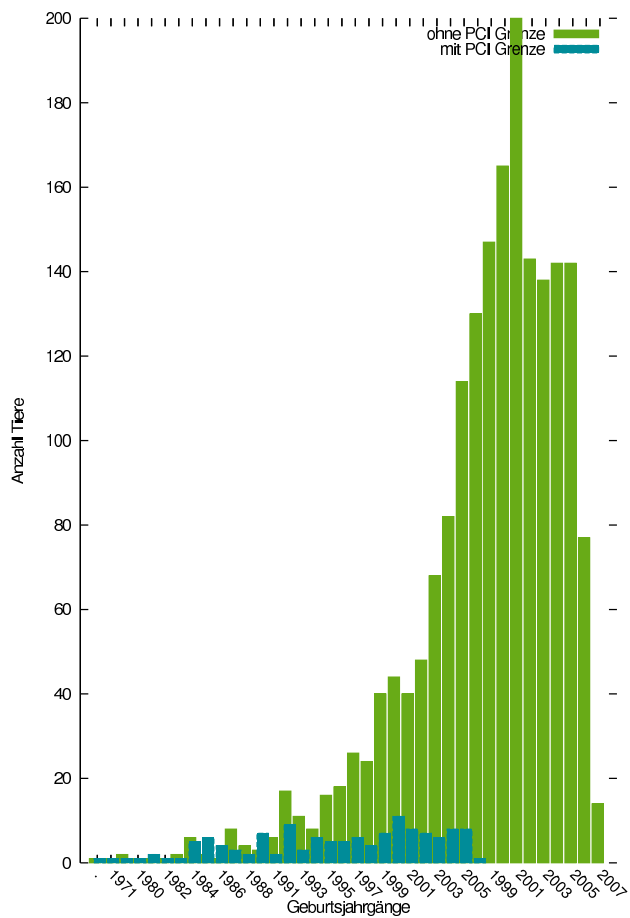


Abbildung 2: Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI > 0.70 auf Geburtsjahrgang

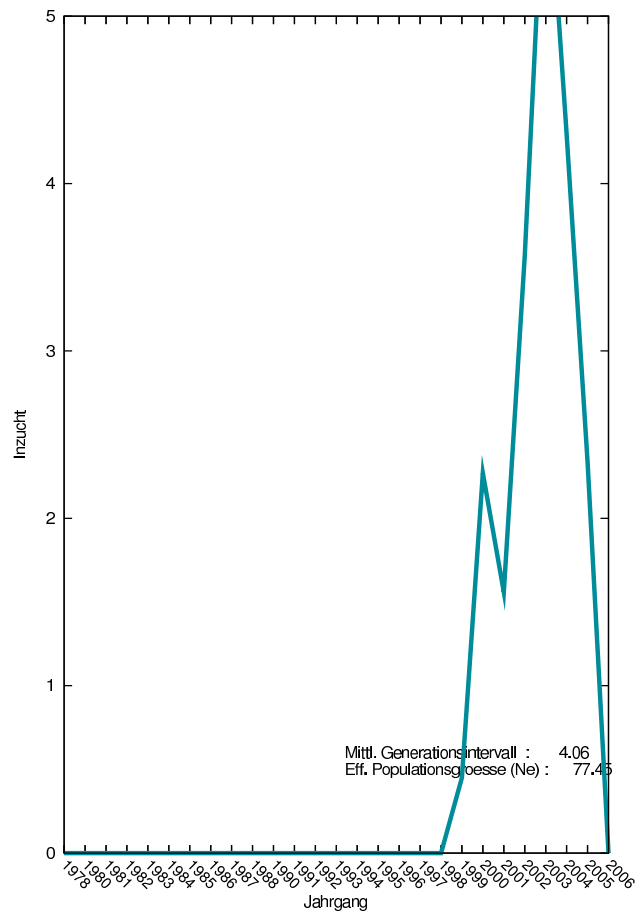


Abbildung 3: Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen

## 6 Bewertung der Ergebnisse

Die kritische Anzahl an Tieren in der aktiven Zuchtpopulation mit der nötigen Pedigreevollständigkeit ist unterschritten. Der berechnete Wert von  $N_e I = 77$  ist sicher überschätzt und nicht plausibel. Der entsprechende Wert über die effektiven Ahnenbeiträge berechnet, liegt bei  $N_e I = 18$  und zeigt den massiven Gefährdungsgrad der Rasse. Als zusätzliche Unsicherheit bei den Auswertungen zur genetischen Variabilität ist hier die nicht eindeutige Rassenangabe bei Anglern (Rassecode = 05) und Rotvieh alter Angler Zuchtrichtung (Rassecode = 06) zu nennen.

# MONITORING TIERGENETISCHER RESSOURCEN

## Teil I

-Uckermärker (UCK)-



herausgegeben von  
Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung e.V.

## **Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

## **Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V.

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft - Institut für Tierzucht

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

## **Berichtsautor**

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.

Adresse: Heideweg 1  
27281 Verden

Internet: [www.vit.de](http://www.vit.de)

e-mail: [info@vit.de](mailto:info@vit.de)

Telefon: 04231-955-10

Fax: 04231-955-166

Ansprechpartner: Friedrich Reinhardt  
Doris Vogel





# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Allgemeine Informationen</b>	<b>4</b>
1.1	Rasseschlüssel . . . . .	4
1.2	Anerkannte Züchtervereinigungen . . . . .	4
1.3	Sonstige Verbände . . . . .	5
1.4	Hauptzuchtgebiet . . . . .	6
<b>2</b>	<b>Rassebeschreibung</b>	<b>7</b>
2.1	Zuchtziel . . . . .	7
2.2	Herkunft und Zuchtgeschichte . . . . .	9
2.2.1	Entstehung . . . . .	9
2.2.2	Entwicklung . . . . .	9
2.3	Zuchtprogramm . . . . .	10
2.4	Heutiger Stand . . . . .	12
2.5	Leistungen . . . . .	13
<b>3</b>	<b>Erbfehler</b>	<b>14</b>
3.1	Erbfehlerproblematik . . . . .	14
3.2	Bekannte Erbfehler beim Rind . . . . .	15

# Tabellenverzeichnis

1	Verteilung der HB-Tiere in in den Mitgliedsbetrieben . . . . .	6
2	Maße und Gewichte . . . . .	7
3	Bestandsentwicklung der Herdbuchtiere in den Jahren 2003 bis 2008 . . . . .	12
4	Ergebnisse der Eigenleistungsprüfung im Feld bei Jungbullen 2008 . . . . .	13
5	Ergebnisse der Eigenleistungsprüfung auf Station bei Jungbullen 2008 . . . . .	13
6	Ergebnisse der Fleischleistungsprüfung in Mutterkuhherden 2008 . . . . .	13

# 1 Allgemeine Informationen

## 1.1 Rasseschlüssel

TGRDEU - 222

ADR - 67

## 1.2 Anerkannte Züchtervereinigungen

### Rinderzuchtverband Berlin-Brandenburg e.G. (RBB)



Adresse: Lehniner Strasse 9  
14550 Groß Kreutz  
Internet: [www.rinderzucht-bb.de](http://www.rinderzucht-bb.de)  
e-mail: [info@rinderzucht-bb.de](mailto:info@rinderzucht-bb.de)  
Telefon: 033207-533-0  
Fax: 033207-533-199

### Rinderzucht Mecklenburg-Vorpommern GmbH (RMV)



Adresse: Zarchliner Strasse 7  
19395 Karow  
Internet: [www.rinderzucht-mv.de](http://www.rinderzucht-mv.de)  
e-mail: [mv-karow@rinderzucht-mv.de](mailto:mv-karow@rinderzucht-mv.de)  
Telefon: 038738-730-0  
Fax: 038738-730-50

## 1.3 Sonstige Verbände

### Bundesverband Deutscher Fleischrindzüchter und -halter e.V. (BDF)



Adresse: Adenauerallee 174  
53113 Bonn  
Internet: [www.bdf-web.de](http://www.bdf-web.de)  
e-mail: [info@bdf-web.de](mailto:info@bdf-web.de)  
Telefon: 0228-91447-24  
Fax: 0228-91447-11

### Interessengemeinschaft Uckermärker

Adresse: Mielestrasse 2  
14542 Werder  
e-mail: [info@rbb-online.de](mailto:info@rbb-online.de)  
Telefon: 03327-7330-0  
Fax: 03327-7330-99

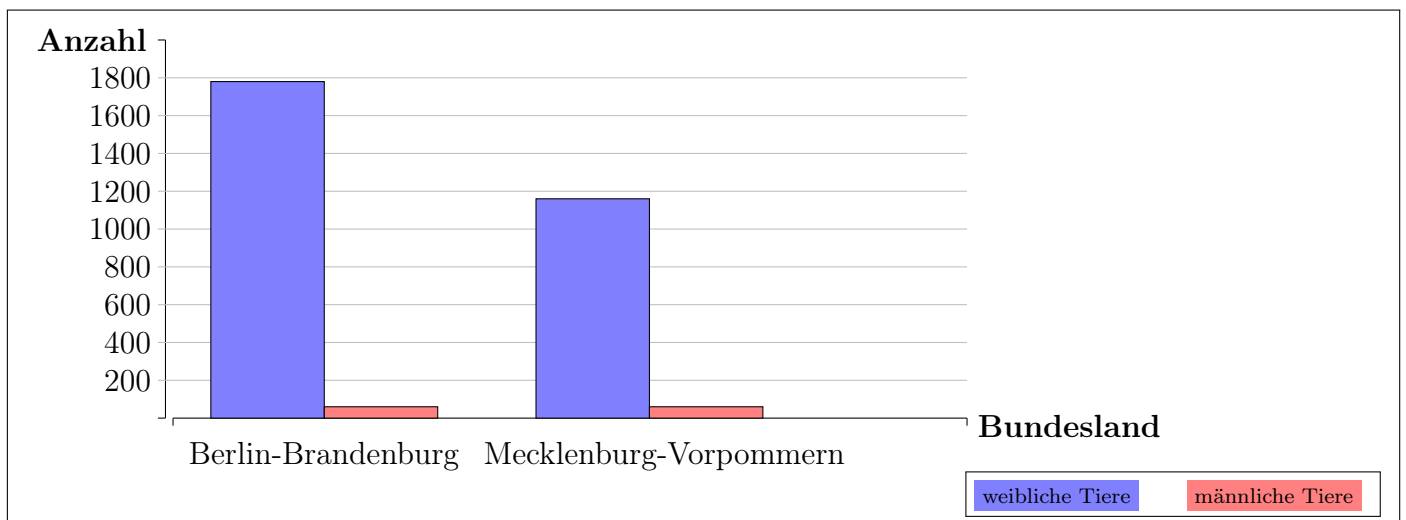
## 1.4 Hauptzuchtgebiet

Das Hauptzuchtgebiet der Rasse Uckermärker liegt in den Bundesländern:

- Berlin-Brandenburg
- Mecklenburg-Vorpommern.

**Abbildung 1:** Verbreitung der Herdbuchtiere in den einzelnen Bundesländern

(Quelle: Jahresbericht 2008 des Bundesverbandes Deutscher Fleischrindzüchter und -halter e.V.)



**Tabelle 1:** Verteilung der HB-Tiere in in den Mitgliedsbetrieben  
(Statistischer Jahresbericht 2009 des BDF)

Verband	Anzahl Betriebe			Anzahl Tiere		
	Herdbuch	Haltung	Gesamt	HB-Bullen	HB-Kühe	Gesamt
RBB	33	0	33	48	1.951	1.999
RMV	23	7	30	36	1.274	1.310
RSA	2	0	2	1	0	1
<b>Gesamt</b>	58	7	65	85	3.225	3.310

## 2 Rassebeschreibung

### 2.1 Zuchtziel

Angestrebt wird ein großrahmiges, gut bemuskelttes Fleischrind mit hohem Schlachtkörperwert (Schlachtausbeute > 60%, Knochenanteil < 16%) und vorzüglicher Fleischqualität.

Die Rasse Uckermärker stellt nicht nur unter vielfältigen Produktionsbedingungen (sowohl konventionell als auch ökologisch), sondern auch unter verschiedensten Standortbedingungen (vom Sandstandort bis hin zum Niedermoor) ihr Leistungsvermögen unter Beweis.

Uckermärker zeichnen sich durch Frohwüchsigkeit sowie langanhaltendes Fleischansatzvermögen ohne wertmindernde Verfettung der Schlachtkörper aus.

Durch seine Gutartigkeit und Leichtkalbigkeit verbunden mit einer ausgeprägten Mütterlichkeit und guten Milchleistung, die wichtig für das Erzielen hoher Absetzgewichte sind, ist es hervorragend für die Mutterkuhhaltung geeignet.

Bei der Gebrauchskreuzung mit Milchrindern bestehen in der Nachkommenprüfung folgende Anforderungen:

- mindestens 15% höhere Nettotageszunahmen gegenüber Mastbullen der Milchpopulation bei gleichzeitiger Senkung des Futteraufwandes
- maximal 5% Schweregeburtenrate bei Anpaarung an Milchkühe

**Tabelle 2:** Maße und Gewichte

Maße und Gewichte	Bullen	Kühe
Widerristhöhe, cm	150	140
Gewicht, kg	1150 - 1300	750 - 850
Geburtsgewicht, kg	45	40
210-Tage-Gewicht, kg	308	248
365-Tage-Gewicht, kg	511	402
tägl. Zunahme Jungbullen, g	1400	-

Körperbau: rahmige Tiere mit viel Länge, Breite und Tiefe  
gut ausgebildete Bemuskelung an Schulter, Rücken, Lende und Keule

korrekte Gliedmaßen und Klauen  
behornt (genetische Hornlosigkeit möglich)

Farbe: an die Haarfarbe wird kein Anspruch gestellt  
Varianten: weiß bis cremefarben,  
mitunter braun  
gescheckt in den Farbabstufungen vom hellen Gelb bis  
Rotbraun auf weißem Grund

Eigenschaften: hohe tägliche Zunahmen  
Frohwüchsigkeit, Vitalität der Kälber  
langanhaltendes Fleischwachstum ohne wertmindernde Verfettung in  
der Ausmast  
sehr gute Schlachtkörper bei hoher Ausschachtung, hoher Fleischanteil,  
vorzügliche Fleischqualität  
problemlose Kalbung  
ausgeprägte Mütterlichkeit und gutes Aufzuchtverhalten  
Gutartigkeit  
hohe Milchleistung für die Aufzucht der Kälber

## 2.2 Herkunft und Zuchtgeschichte

### 2.2.1 Entstehung

Um zu Beginn der 1970er Jahre dem gestiegenen Bedarf nach Rindfleisch in der DDR Rechnung zu tragen, wollte man eine leichtfärsige Rinderrasse entwickeln, die eine gute Aufzuchtleistung sowie einen guten Mast- und Zuchtwert aufweist. So begann die Universität Rostock aus den Genreservebeständen auf dem Ferdinandshof in Mecklenburg-Vorpommern mit einer Vorlaufzucht aus Charolais und Fleckvieh. Das Ziel war dabei, durch die Kombination des hohen reproduktiven Leistungsvermögens des Fleckviehs (Genotyp 06) mit der sehr guten Mastleistung und Schlachtkörperqualität der Charolais (Genotyp 07) leistungsstarke Fleischrindbullen (Genotyp 67) für die Gebrauchskreuzung mit der Milchrindpopulation zu selektieren. Noch vor Ablauf der 70er Jahre ging man zur "In-Sich-Verpaarung" über, um die positiven Eigenschaften des Genotyps zu festigen und züchterisch weiter zu entwickeln.

An zwei Standorten wurde der "Genotyp 67" kultiviert: Auf Gut Criewen bei Schwedt und im Gut Westenbrügge bei Bad Doberan. Von 1970 bis 1989 war ein Herdbuchbestand von 600 für die Zucht zugelassenen Herdbuchkühen aufgebaut.

### 2.2.2 Entwicklung

Mit der "Wende" wickelte die Treuhandanstalt auch die staatlichen Zuchtbetriebe ab, in denen die Fleischrind-Zuchtherden der DDR standen. Diese Entwicklung war für den "Genotyp 67" mit der realen Gefahr des Untergangs verbunden, da er als Gebrauchskreuzung und damit als nicht herdbuchfähig abgestempelt wurde. In der Folgezeit kam es zu einem drastischen Absinken des Herdbuchbestandes auf nur noch 329 Kühe im Jahr 1991. Dem Engagement und der Beharrlichkeit der Züchter und ihrer Zuchtorganisationen sowie der Unterstützung durch die Landesregierungen und die zuständigen Behörden ist es zu verdanken, dass der "Genotyp 67" unter diesen Bedingungen nicht nur erhalten, sondern unter dem Namen "Uckermärker" als jüngste Fleischrindrasse Deutschlands 1993 anerkannt und züchterisch weiterbearbeitet werden konnte. Der Rassenname "Uckermärker" ist dabei als Anerkennung für das Engagement im damaligen Hauptzuchtgebiet entstanden.

## 2.3 Zuchtprogramm

Das Zuchtziel wird mit den Mitteln der Reinzucht angestrebt.

Eine Zufuhr von Genen anderer Populationen ist zur schnelleren Leistungssteigerung möglich. Hierüber entscheidet der Zuchtbeirat der Abteilung Fleischrinder in Abstimmung mit der Geschäftsführung der RBB. Kreuzungszuchtprogramme sind durch die zuständige Landesbehörde zu bestätigen.

Grundlagen der Selektion sind die Abstammung sowie die Ergebnisse der Leistungsprüfung (Station oder Feld) und Zuchtwertschätzung sowie die subjektive Bewertung der Merkmale Typ, Bemuskelung und Skelett. Die ökonomisch bedeutsamsten Eigenschaften und Zuchtwerteile können ihrem wirtschaftlichen Gewicht entsprechend zu einem Zuchtwert zusammengefasst werden.

Es werden Rinder gezüchtet, die den wirtschaftlichen Erfordernissen der mutterkuhhaltenden Betriebe und der Gebrauchskreuzung mit Fleischrindbullen in Milchviehherden möglichst optimal entsprechen. Dabei ist durch umfassende Leistungsprüfung und zielgerichtete Selektion ein hoher Zuchtfortschritt anzustreben.

Auf der Mutterseite wird die Aufzucht eines gut entwickelten Kalbes pro Jahr verlangt. Auf der Vaterseite sind leistungsstarke Bullen mit korrekten Gliedmaßen und einer hohen Normalgeburtenrate Ziel. Ein gutartiger Charakter der männlichen und weiblichen Tiere wird angestrebt.

(Quelle: Zuchtbuchordnung des Rinderzuchtverbandes Berlin Brandenburg e.G.)

### Abb.2: Zuchtbuch Bullen

(Quelle: Zuchtbuchordnung des Rinderzuchtverbandes Berlin Brandenburg e.G.)

Herdbuch A	Herdbuch B
*Vater Herdbuch A	*Vater mind. Herdbuch B
*Mutter Herdbuch A	*Mutter mind. Vorbuch C
*RZF $\geq 95$ (für AA RZF $\geq 88$ )	*erfüllt bei der Verbandskörnung nicht die
*Bei der Körnung in den Merkmalen Typ und Skelett mind. Note 6 und in der	Bedingung für Herdbuch A
Summe $\geq 13$	bzw. nicht zur Verbandskörnung
*365-Tage-Gewicht muß vorliegen	vorge stellt
*DNA-Karte oder anderes anerkanntes	
Verfahren der Abstammungssicherung	



**Abb.3: Zuchtbuch Kühe**

(Quelle: Zuchtbuchordnung des Rinderzuchtverbandes Berlin Brandenburg e.G.)

<b>Herdbuch A</b>	<b>Herdbuch B</b>
*Vater Herdbuch A *Mutter mind. Vorbuch C *in den Merkmalen Typ und Skelett mind. jeweils Note 6 *eine Eigenleistung aus der Feldprüfung liegt vor *RZF liegt vor	*Vater mind. Herdbuch B *Mutter mind. Vorbuch C
<b>Vorbuch C</b>	<b>Vorbuch D</b>
*Vater mind. Herdbuch B *Mutter mind. Vorbuch D *Bewertung in Typ, Bemuskelung und Skelett jeweils mind. Note 5	*Identifikation *Bewertung in Typ, Bemuskelung und Skelett jeweils mind. Note 5

## 2.4 Heutiger Stand

In der Bundesrepublik Deutschland werden gegenwärtig etwa dreißig Fleischrinderrassen herdbuchmäßig geführt, wobei die Rasse "Uckermärker" mit etwa 3.000 Herdbuchkühen vom Umfang an siebenter Stelle steht (4,2 % der Fleischrindzuchtkühe in Deutschland sind "Uckermärker"). In Mecklenburg-Vorpommern belegen die "Uckermärker" mit gut 1.000 Zuchtkühen sogar den 2. Platz im Herdbuch.

Zudem übertrifft die Herdengröße in den Uckermärker-Zuchtbetrieben die aller anderen Rassen bei weitem. Sie liegt im Durchschnitt bei über 55 HB-Kühen je Zuchtbetrieb gegenüber 14 bei Charolais, 15 bei Limousin oder 22 bei Angus. Das ist zweifellos ein bedeutender Vorteil für die Sicherung des notwendigen Zuchtfortschrittes und der genetischen Struktur der Zuchtbestände in den Betrieben.

Problematisch bei dieser Rasse ist allerdings, dass sie erst relativ kurze Zeit gezüchtet wird, ihre Konsolidierung damit noch nicht abgeschlossen ist, und sie bisher nur eine Verbreitung in drei Bundesländern (Berlin-Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern und Sachsen) aufweist. Daher bestehen auch in der Zukunft keine Möglichkeiten, Zuchtfortschritt aus anderen Zuchtgebieten, wie bei anderen Rassen üblich, zu nutzen. Demzufolge sind, noch stärker als bei anderen Rassen, engagierte Züchter, ein klares ökonomisch und biologisch begründetes Zuchtziel sowie ein effizientes Zuchtprogramm notwendig.

**Tabelle 3:** Bestandsentwicklung der Herdbuchtiere in den Jahren 2003 bis 2008

(Quelle: Jahresberichte der ADR)

Anzahl	2003	2004	2005	2006	2007	2008
<b>Bullen</b>	130	60	65	65	69	89
<b>Kühe</b>	2.169	2.201	2.299	2.329	2.608	2.924
<b>Gesamt</b>	2.299	2.261	2.364	2.394	2.677	3.013
<b>zum Vorjahr (%)</b>		-4,3	4,6	1,3	11,8	12,6

## 2.5 Leistungen

**Tabelle 4:** Ergebnisse der Eigenleistungsprüfung im Feld bei Jungbullen 2008

(Quelle: Jahresbericht 2008 des Bundesverbandes Deutscher Fleischrindzüchter und -halter e.V.)

Rinderzuchtverband	Anzahl Bullen	Durchschnittsalter, Tage	Anzahl der zur Körung gew. Bullen	LTZ, g
Berlin-Brandenburg	103	413	70	1.467
Mecklenburg-Vorpommern	78	419	27	1.442

**Tabelle 5:** Ergebnisse der Eigenleistungsprüfung auf Station bei Jungbullen 2008

(Quelle: Jahresbericht 2008 des Bundesverbandes Deutscher Fleischrindzüchter und -halter e.V.)

Rinderzuchtverband	Anzahl Bullen	Durchschnittsalter, Tage	LTZ, g	PTZ, g
Berlin-Brandenburg	39	373	1.571	1.869

**Tabelle 6:** Ergebnisse der Fleischleistungsprüfung in Mutterkuhherden 2008

(Quelle: Jahresbericht 2008 des Bundesverbandes Deutscher Fleischrindzüchter und -halter e.V.)

Geschlecht	Geburts-gewicht		200-Tage Gewicht		200-Tage Bemuskellung		365-Tage Gewicht		365-Tage Bemuskellung	
	Tiere	kg	Tiere	kg	Tiere	Pkt	Tiere	kg	Tiere	Pkt
männliche Tiere	996	41,1	973	274	732	6,4	346	519	278	7,2
weibliche Tiere	1.132	39,2	1.065	259	867	6,2	677	377	659	6,3

## 3 Erbfehler

### 3.1 Erbfehlerproblematik

Erbfehler und Mißbildungen sind Abweichungen von der Norm in Körperbau, Körperfunktion und Verhalten mit nachteiliger Wirkung für das betroffene Tier oder die Population (Rasse).

Sie führen nicht nur zu wirtschaftlichen Schäden, sondern verursachen auch oft Leiden und Schmerzen bei den betroffenen Tieren. Es liegt deshalb schon in der ethischen Verantwortung, Anomalien zu erfassen und wenn möglich durch züchterische Maßnahmen zu vermeiden.

Wirtschaftlich gesehen entstehen direkte Kosten durch die Schädigungen am Tier selbst, aber auch durch Beschränkungen in den züchterischen Maßnahmen und vermindertem Zuchtfortschritt. Nicht zu unterschätzen sind auch eventuelle Imageschäden für die Rasse.

Erbfehler sind vor allem solche Defekte, denen ein monogener oder digener Erbgang oder eine Chromosomenanomalie zugrunde liegen. Soweit Erbfehler durch ein dominantes Gen verursacht werden, sind Anlagetträger zugleich Merkmalsträger. Dies vereinfacht die Selektion gegen solche Merkmale, so dass im Allgemeinen keine besonderen diagnostischen, jedoch züchterische Maßnahmen erforderlich sind. Rezessive Schadgene dagegen führen nur in homozygotem Zustand, bei zwei beteiligten Genorten erst bei deren Kombination zur Manifestation des Erbfehlers und damit zum Auftreten erkennbarer Merkmalsträger.

Erbkrankheiten gewinnen besonders seit dem vermehrten Einsatz der künstlichen Besamung immer mehr an Bedeutung. So kann ein KB-Bulle mit hervorragenden Leistungsallelen, der aber ein Erbfehlerträger ist, seinen Erbfehler in einen großen Teil der Population verbreiten. Er kann erst als Erbfehlerträger erkannt werden, wenn er an einen weiteren Anlagetträger angepaart wird und aus dieser Paarung ein krankes Kalb entsteht.

Der Nachweis einer genetischen Abhängigkeit wird oft erschwert durch die relative Seltenheit der Defekte, unvollständige Penetranz, Umweltfaktoren mit ähnlicher Wirkung sowie durch Befürchtungen der Züchter vor Diskriminierung ihrer Zucht.

In Abhängigkeit von der Frequenz des Schadgens ist die Häufigkeit der phänotypisch gesunden Anlagetträger in der Population um ein Vielfaches größer als die erkennbaren Merkmalsträger. Die heutige Molekulargenetik erlaubt die Entwicklung von Markertests für die frühzeitige Erkennung von Erbfehlern. Diese Tests ermöglichen eine effiziente Reduktion der Letalgene in den Populationen bei gleichzeitiger züchterischer Nutzung von Anlagetägern.

In der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) ist der aktuelle genomanalytische Wissensstand über genetische Defekte ersichtlich. Für das Rind sind z.Zt. (Stand: 01.09.2009) insgesamt 379 Merkmale aufgeführt, 80 davon als "Single-Locus-traits", von 47 Merkmalen wurde die kausale Mutation bereits auf DNA-Ebene identifiziert.

Die zuständigen Rassdachverbände in der ADR legen eine verbindliche Liste der genetischen Besonderheiten und Erbfehler fest. Das Verfahren der Festlegung von Erbfehlern erfolgt nach wissenschaftlich anerkannten Grundsätzen und wird auf bestimmte Gruppen (wie z.B. Besamungsbullen, deren Bullenmütter, ET-Spendertiere) beschränkt. Die Ergebnisse durchgeführter Untersuchungen auf genetische Besonderheiten und Erbfehler sind nach Vorliegen im Zuchtbuch zu führen und auf der Zuchtbescheinigung anzugeben. Die Entwicklung weiterer Erbfehler wird hinsichtlich ihrer Tierschutzrelevanz und/oder ökonomischen Bedeutung ständig geprüft und entsprechend behandelt.

## 3.2 Bekannte Erbfehler beim Rind

Nachfolgend werden die z.Zt. wirtschaftlich und erbhgienisch wichtigsten Defekte beim Rind beschrieben:

- **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Hierbei handelt es sich um eine Immunschwäche, die durch eine Punktmutation verursacht wird und zum Fehlen bestimmter Glukoproteine auf der Oberfläche von Leukozyten führt, wodurch sie nicht mehr aus dem Blut in Richtung eines Infektionsherdes auswandern können. Die Krankheit äußert sich in auffallender Neigung zu wiederkehrenden bakteriellen Infektionen. Die Kälber sterben oft in den ersten Lebenswochen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Es handelt sich um eine schwere Entwicklungsstörung der Wirbelsäule. Die Kälber werden abortiert, zu früh oder tot geboren. Typische Kennzeichen sind Mißbildungen an den Wirbelkörpern, verkürzte Wirbelsäule, versteifte, nach innen verdrehte Gelenke an allen vier Gliedmaßen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Uridin-Monophosphat, das eine essentielle Komponente der Pyrimidin-Nukleotide darstellt, kann nicht ausreichend synthetisiert werden. Die schwerwiegende Konsequenz ist embryonaler Fröhrtod.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Citrullinämie**

Aufgrund eines Enzymdefektes ist der Harnstoffzyklus gestört. Die Kälber sterben innerhalb von 3-5 Tagen nach der Geburt an Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

- **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Die Entwicklung der Knorpel- und Knochenbildung ist gestört. Die in der Regel toten Neugeborenen haben überlange, sehr dünne, leichtbrüchige Röhrenknochen. Die Sehnen der Gliedmaßen sind verkürzt, die Gelenke verkrümmt oder versteift. Außerdem sind häufig Verformungen des Schädels und Verkürzungen des Unterkiefers zu beobachten. Da der Defekt sich schon beim Fötus entwickelt, sind bereits bei der Geburt des Kalbes Knochenbrüche zu erwarten und dadurch Verletzungen der Geburtswege beim Muttertier möglich.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh

- **Syndactylie (Mulefoot)**

Die beiden Hauptzehen der betroffenen (eine oder mehrere) Gliedmaßen sind teilweise bis komplett verschmolzen, wobei meistens nur ein Hornschuh ausgebildet ist. Diese kegelförmig zugespitzten Hufe zwingen die Tiere zum Auftreten auf kleinsten Flächen, zu schwankender Haltung und bevorzugtem Liegen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins, Fleckvieh, Braunvieh

- **Chondrodysplasie (Bulldog)**

Hierbei handelt es sich um eine Punktmutation, die zu einer Störung der Knorpelbildung führt. Die Knochenwachstumszone wird verfröhrt verknöchert, was zur Einschränkung des Längenwachstums vor

allem der Extremitäten führt. Die Tiere fallen durch ihren unförmigen Körperbau mit kurzem Kopf und stummelartigen Gliedmaßen auf und zählen zu dem Komplex disproportionierten Zwergenwuchses.

Betroffene Rasse: Dexter

- **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Es handelt sich um eine neurogene Atrophie und Schwäche der Skelettmuskulatur, besonders der Extremitäten, hervorgerufen durch Degeneration und Schwund der Motoneuronen im Rückenmark. In der Regel zeigen sich erst im Alter von 3 bis 5 Wochen Lähmungserscheinungen. Als häufigste Komplikation tritt eine sekundäre meist therapieresistente Pneumonie auf, so dass die Kälber selten älter als zwei Monate werden.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **SDM (Spinale Dysmyelinisierung)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nerverzellgebieten gekennzeichnet ist. Die davon betroffenen Kälber liegen ab Geburt häufig in Seitenlage mit gestreckten Beinen fest. Den Kopf halten sie meist nach oben hinten ("Mondguckerhaltung"). Da die betroffenen Kälber auf keine Behandlung ansprechen, gehen sie in der Regel in den ersten Lebenswochen ein oder werden eingeschläfert.

Betroffene Rasse: Braunvieh

- **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Es handelt sich um eine Erkrankung des zentralen Nervensystems. Erste Krankheitszeichen treten im Alter von 5 bis 8 Monaten auf. Die betroffenen Kälber zeigen Schwächen in den Hinterbeinen und einen schwankenden, ungleichmäßigen Gang. Stärker werdende Koordinationsstörungen führen zum Festliegen und Tod durch Pansenlähmung mit 1 bis 3 Jahren.

Betroffene Rasse: Braunvieh

Genetisches Monitoring der Rasse  
'Uckermaerker'  
Teil II  
(statistische Auswertungen)

vit Verden

05.07.2010

**Inhaltsverzeichnis**

<b>1</b>	<b>Übersicht Datengrundlage</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Pedigreevollständigkeit</b>	<b>6</b>
<b>3</b>	<b>Genanteile</b>	<b>10</b>
<b>4</b>	<b>Generationsintervall</b>	<b>13</b>
<b>5</b>	<b>Inzucht und effektive Populationsgröße</b>	<b>13</b>
<b>6</b>	<b>Bewertung der Ergebnisse</b>	<b>17</b>

**Abbildungsverzeichnis**

1	Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index . . . . .	9
2	Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI > 0.70 auf Geburtsjahrgang . . . . .	15
3	Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen . . . . .	16

---

---

## Tabellenverzeichnis

1	Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht . . . . .	4
2	Verteilung der Tiere auf Regionen . . . . .	5
3	Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge . . . . .	5
4	Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population . . . . .	7
5	Mittlere Genanteile der Bullen in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	11
6	Mittlere Genanteile der Kühe in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999) . . . . .	12
7	Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden . . . . .	13



## 1 Übersicht Datengrundlage

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Fleischrasse Uckermärker (UCK, Rassecode=67) wurden zunächst alle seit 1990 registrierten Geburten bzw. Tiere seit Geburtsjahr 1990 bereitgestellt. In Tabelle 1 sind alle geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. Daraus ist ersichtlich, dass seit 1995 (ca. 1000 Geburten) bis 2008 (ca. 2800 Geburten) ein kontinuierlicher Anstieg zu verzeichnen ist. Der Jahrgang 2009 ist wahrscheinlich noch nicht vollständig in den Pedigreedaten registriert.

In Tabelle 2 ist eine regionale Verteilung der Geburten über die Bundesländer gegeben. Die Rasse wird nur in den Neuen Bundesländern, und dort hauptsächlich in Brandenburg und in Mecklenburg-Vorpommern gehalten.

In Tabelle 3 ist aufgelistet, welche Tiere davon Eltern geworden sind und welche Eltern wiederum heute noch leben. Die letzten 2 Spalten sind unter dem Vorbehalt zu betrachten, dass in den Ursprungsdateien alle Abgangsdaten vollständig verzeichnet sind.

Die Ausgangsbasis für das Genetische Monitoring bilden alle lebenden Eltern der letzten 6 vollständigen Elternjahrgänge (2001 - 2006). Diese Tiere sind als jüngste Elterngeneration bzw. aktuelle Zuchtpopulation zu sehen.

Für die Uckermärker ergibt sich damit eine aktive Zuchtpopulation von derzeit 2829 lebenden Elterntieren, 118 Bullen und 2711 Kühen. Werden zu diesen Tieren die bekannten Ahnen - nach oben beschriebenen Schema - dazugeholt, resultieren insgesamt 5699 Tiere (aktuell lebende Tiere und deren Ahnen).

---

---

## 1 ÜBERSICHT DATENGRUNDLAGE

---

---

Jahrgang	männlich	weiblich
1990	98	516
1991	129	322
1992	147	306
1993	200	308
1994	273	489
1995	326	666
1996	347	787
1997	412	852
1998	538	1.019
1999	626	1.095
2000	716	1.097
2001	830	1.102
2002	936	1.207
2003	906	1.280
2004	1.046	1.260
2005	1.089	1.095
2006	1.212	1.238
2007	1.466	1.401
2008	1.540	1.440
2009	1.460	1.408
2010	0	0

Tabelle 1: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

Region	Anz.Tiere
Schleswig-Holstein	1
Niedersachsen	1
Nordrhein-Westfalen	1
Brandenburg	23.855
Mecklenburg-Vorpommern	5.993
Sachsen	280
Sachsen-Anhalt	84
Thüringen	8
NBL, <sup>1</sup> nicht zuzuordnen	2.962

<sup>1</sup> Neue Bundesländer

Tabelle 2: Verteilung der Tiere auf Regionen

Jahrgang	Alle		Eltern		noch lebende Eltern	
	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe	Bullen	Kühe
2001	830	1.102	36	480	4	267
2002	936	1.207	40	453	10	272
2003	906	1.280	27	564	6	390
2004	1.046	1.260	38	524	15	418
2005	1.089	1.095	42	519	18	441
2006	1.212	1.238	42	630	33	589
gesamt	6.019	7.182	225	3.170	86	2.377

Tabelle 3: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge

## 2 Pedigreevollständigkeit

Für die in Tabelle 3 genannte Ausgangselterngeneration wurden alle Ahnen bis 1950 zurück, sofern bekannt und plausibel, aus den Abstammungsdateien des **vit** herausgesucht. Die Pedigrees enden, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt.

Da die Uckermärker keine historisch begründete Landrasse, sondern eine zu DDR-Zeiten speziell gezüchtete Rasse auf Basis von Fleckvieh und Charolais ist und diese Rassen weiterhin zur Einkreuzung verwendet werden, laufen die Pedigrees sehr schnell auf diese Rassen aus. Zu den Tieren aus Tabelle 1 wurden lediglich noch zusätzlich ca. 3500 Ahnen gefunden. Es ergeben sich also in der Regel keine sehr tiefen Pedigrees. Dies ist bei allen Ergebnissen der nachfolgenden Analysen zu berücksichtigen.

Für eine korrekte Berechnung und Darstellung des Inzuchtzuwachses und der daraus abgeleiteten effektiven Populationsgröße sind Mindestanforderungen bezüglich Vollständigkeit und Tiefe der Pedigreeinformationen zu setzen. Um diesen Informationsgehalt zu quantifizieren, wird für jedes Tier der sogenannte Pedigree Completeness Index (PCI) berechnet (MacCluer 1983). Der PCI ist eine Relativzahl, die in Abhängigkeit zur geforderten Pedigreetiefe (Anzahl Ahnengenerationen) zu sehen ist. D.h., bei 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier den  $PCI=1$ , wenn alle 32 Ahnen bekannt sind.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1960 in Tabelle 4 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf eine Pedigreetiefe von 4 Ahnengenerationen. Für die Monitoringausgangspopulation (C) erreichen 27 männliche und 1.115 weibliche Tiere den geforderten  $PCI > 0,70$ . Danach erreichen lediglich die Hälfte aller lebenden Eltern dieses Auswahlkriterium.

In Abbildung 1 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 4 nochmal graphisch dargestellt. Je aktueller die Geburtsjahrgänge desto höher sind die mittleren PCI der Tiere. Dieses Ergebnis ergibt sich automatisch aus den verfügbaren Pedigreeinformationen. Insgesamt zeigt sich sehr deutlich die geringe verfügbare Pedigreetiefe bei den Uckermärkern auf Grund des hohen Genanteils von Charolais und Fleckvieh.

Tabelle 4: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang für ausgewählte Monitoring Population

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1962	2	0.00	0	0.00
1965	1	0.00	0	0.00
1966	1	0.00	0	0.00
1968	4	0.00	0	0.00
1969	2	0.00	0	0.00
1971	8	0.00	4	0.00
1972	4	0.00	0	0.00
1973	11	0.00	1	0.00
1974	4	0.00	0	0.00
1975	5	0.00	12	0.00
1976	6	0.00	13	0.00
1977	10	0.00	16	0.02
1978	7	0.00	20	0.12
1979	5	0.00	12	0.06
1980	6	0.00	20	0.11
1981	6	0.16	23	0.12
1982	1	0.00	22	0.12
1983	4	0.09	28	0.23
1984	2	0.00	49	0.19
1985	3	0.13	35	0.18
1986	2	0.00	43	0.24
1987	5	0.35	53	0.30
1988	4	0.08	36	0.25
1989	15	0.13	77	0.36
1990	11	0.20	110	0.26
1991	14	0.28	49	0.30
1992	17	0.30	87	0.40
1993	13	0.35	73	0.34
1994	15	0.59	97	0.49
1995	16	0.38	100	0.47
1996	22	0.65	117	0.55
1997	17	0.60	123	0.63
1998	12	0.72	147	0.67
1999	20	0.67	131	0.74
2000	22	0.70	110	0.75
2001	20	0.85	182	0.85
2002	19	0.77	158	0.86
2003	13	0.73	179	0.88

Weiter auf nächster Seite

---

---

## 2 PEDIGREEVOLLSTÄNDIGKEIT

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2004	13	0.73	186	0.90
2005	6	0.86	195	0.90
2006	7	0.89	289	0.92

Anzahl Tiere in Monitoring-Ausgangspopulation : 1.142

Grenzwert für PC-Index : 0.70

Bei Pedigreetiefe von : 4 Gen.

Erfüllt bei männl. Tieren : 27

Erfüllt bei weibl. Tieren : 1.115

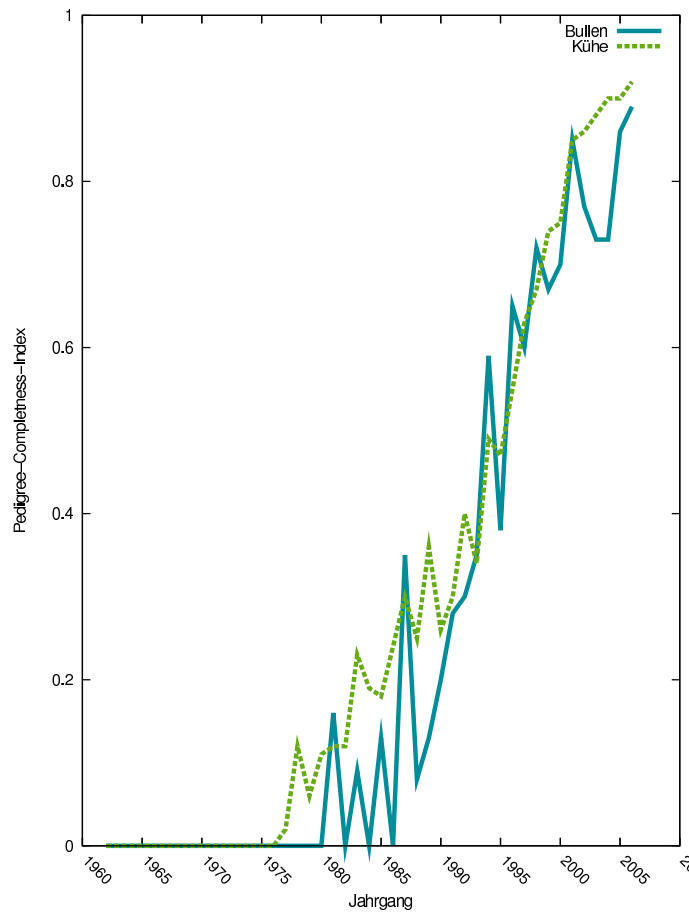


Abbildung 1: Entwicklung des Pedigree-Completeness-Index

### 3 Genanteile

Für die Berechnung der Herkunftsgenanteile in den Tabellen 5 (Väter) und 6 (Mütter) wurden für alle Fleischrinderrassen einheitlich die in den Spaltenköpfen genannten Rassen/Herkünfte definiert. Die Angaben beziehen sich auf die Geburtsjahre der Monitoringpopulation (C). In Spalte 3 ist der mittlere Inzuchtgrad in den Jahrgängen ausgewiesen. In den folgenden Spalten die Herkunftsgenanteile in Prozent, die sich innerhalb Zeile zu 100 aufaddieren. Wie bereits erwähnt, baut sich die Rasse UCK hauptsächlich aus Gründertieren der Rassen Charolais (21) und Fleckvieh (11, 66) auf. Andere Fleischrinderrassen spielen keine Rolle. Der Einfluß von Charolais ist bedeutend höher als von Fleckvieh. Der rein Uckermärkergenteil nimmt von Geburtsjahrgang 2001 bis 2006 merklich ab. Auch diese Zahlen weisen darauf hin, dass es sich immer mehr um eine Gebrauchskreuzungsrasse handelt.



Jahrgang	Anzahl Tiere		Genanteile der Rassen in Prozent																
	Inzuchtgrad		Charolais	Fleckvieh	Limousin	Blonde d'Aquitaine	Salers	Angus	Hereford	Uckermaerker	Shorthorn	Ital. FLR	Brit. FLR	Franz. FLR	Deut. FLR	Andere Milchrassen	Andere Fleischrassen	Sonstige/Unbekannt	
2001	3	4.17	45.57	21.88	-	-	-	-	-	32.55	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2002	5	0.58	32.97	23.83	-	-	-	-	-	43.20	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2003	2	4.79	32.81	17.19	-	-	-	-	-	50.00	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2004	3	8.26	34.83	5.92	-	-	-	-	-	59.24	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2005	5	0.24	30.47	24.69	-	-	-	-	-	44.84	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2006	7	1.27	37.81	21.88	-	-	-	-	-	38.53	-	-	-	1.79	-	-	-	-	-

Tabelle 5: Mittlere Genanteile der Bullen in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr &gt; 1999)

Jahrgang	Genanteile der Rassen in Prozent		Inzuchtgrad	Genanteile der Rassen in Prozent															
	Anzahl Tiere			Charolais	Fleckvieh	Limousin	Blonde d Aquitaine	Salers	Angus	Hereford	Uckermaerker	Shorthorn	Ital. FLR	Brit. FLR	Franz. FLR	Deut. FLR	Andere Milchrasen	Andere Fleischrasen	Sonstige/Unbekannt
2001	140	1.21	31.64	9.64	-	-	-	-	-	-	58.28	-	-	-	-	-	-	0.20	0.25
2002	135	1.96	32.11	11.47	-	-	-	-	-	-	56.26	-	-	-	-	-	-	0.12	0.05
2003	167	1.34	33.19	11.10	-	-	-	-	-	-	55.58	-	-	-	-	-	-	0.06	0.07
2004	176	1.58	34.50	12.51	-	-	-	-	-	-	52.57	-	-	-	-	-	-	0.16	0.27
2005	189	1.75	34.22	16.65	-	-	-	-	-	-	48.60	-	-	0.13	-	-	-	0.08	0.31
2006	282	2.15	36.18	16.57	-	-	-	-	-	-	46.79	-	-	0.31	-	-	-	0.06	0.09

Tabelle 6: Mittlere Genanteile der Kühe in der Monitoring-Grundlage (Geburtsjahr > 1999)

## 4 Generationsintervall

In einer weiteren Analyse werden die Generationsintervalle in den vier Selektionspfaden Bullenväter, Bullenmütter, Kuhväter und Kuhmütter ermittelt. Das Generationsintervall ergibt sich aus dem mittleren Alter der Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die in Tabelle 7 angegebenen Werte beziehen sich wiederum auf das mittlere Alter (in Jahren) der Eltern der Ausgangsgeneration der Monitoringpopulation (C). Das mittlere Generationsintervall ist als ungewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße benötigt, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich direkt mit der effektiven Populationsgröße zusammenhängt.

Auffallend bei den Uckermärkern ist, dass die Generationsintervalle in den Mütterpfaden länger sind als in den Bullenpfaden. Dies spiegelt die Situation in einer Fleischrinderrasse mit relativ hohem Anteil Natursprungbullen wider.

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Bullenväter	27	3.81
Bullenmütter	27	6.21
Kuhväter	1.115	4.55
Kuhmütter	1.115	5.48

Tabelle 7: Mittlere Generationsintervalle in den 4 Pfaden

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade 5.01

## 5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres drückt die mittlere Wahrscheinlichkeit herkunftsgleicher Allele an einem Genort aus. Er ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene und damit auch von Erbfehlern.

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoringpopulation (C) einbezogen, die einen PCI > 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen. Damit ist gewährleistet, dass bei allen Tieren aufgrund der verfügbaren Pedigreeinformation auf Vater- und Mutterseite eine vergleichbare Chance besteht, Inzucht überhaupt zu berechnen - sofern tatsächlich vorhanden.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 2 ist die Verteilung aller Tiere und Ahnen in der gesamten Monitoringpopulation (helle Balken) sowie der Tiere mit PCI > 0,70 (dunkle Balken, Monitoringpopulation (C)) ersichtlich. Die effektive Populationsgröße wird danach nur noch an ca. 40 % der Ausgangstiere berechnet.

Die effektive Populationsgröße ist nach der von Wooliams beschriebenen Methode als Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet.

In der UCK-Population resultiert eine relativ hohe effektive Populationsgröße von 123 Tieren unter Berücksichtigung der absoluten Populationsgröße. Dies ist eine Folge

der geringen verfügbaren Pedigreetiefen bzw. der relativ schnell auf andere Rassen auslaufenden Pedigrees.

Die Anzahl effektiver Foundertiere  $f_a = 111$  und die effektive Populationsgröße berechnet über Coancestry  $N_e C = 108$  stimmen sehr gut mit dem über den relativen Inzuchtanstieg berechneten Wert überein.

Als effektive Ahnen werden aber lediglich  $f_a = 56$  geschätzt. Dies deutet auf einige sehr einflußreiche Ahnen hin.

Als wichtige Foundertiere fallen neben reinen Uckermärkern und Fleckviehbulen sehr viele Charolaisbulen auf:

VENGALE (00000720025053), geb. 1990

FLOMEN (276002220987521), geb. 1974

Der Bulle VENGALE hat mit 3 % auch den 5. höchsten marginalen Genbeitrag in der aktiven Zuchtpopulation. Bullen mit den höchsten marginalen Genbeiträgen sind:

FERYL (276002220987991), geb. 1987, Genbeitrag: 7,6 %

CHORAL (276002220987811), geb. 1983, Genbeitrag: 4,8 %

Beide sind Uckermärker, jedoch nicht rein gezogen.

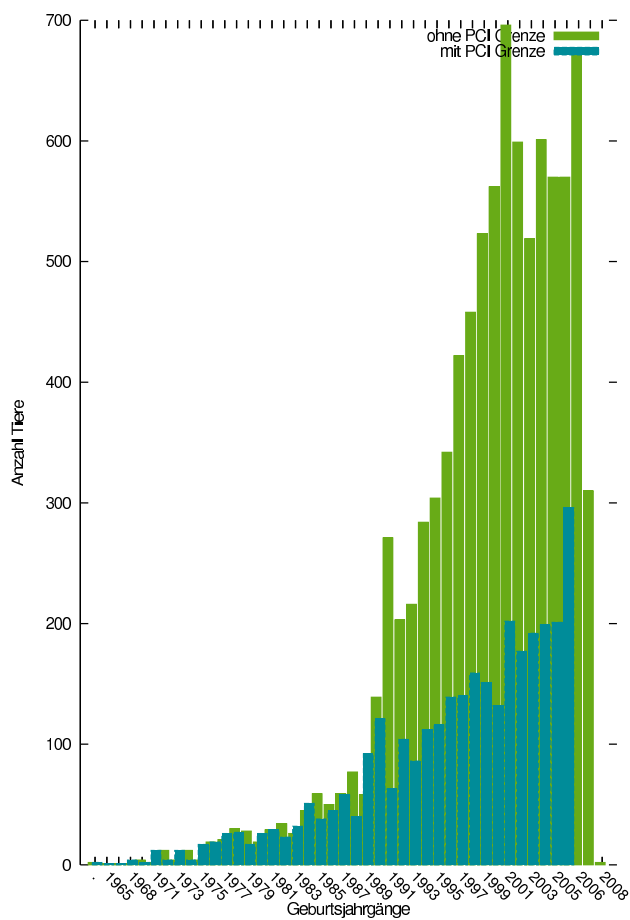


Abbildung 2: Verteilung der Tiere ohne PCI-Begrenzung und mit PCI > 0.70 auf Geburtsjahrgang

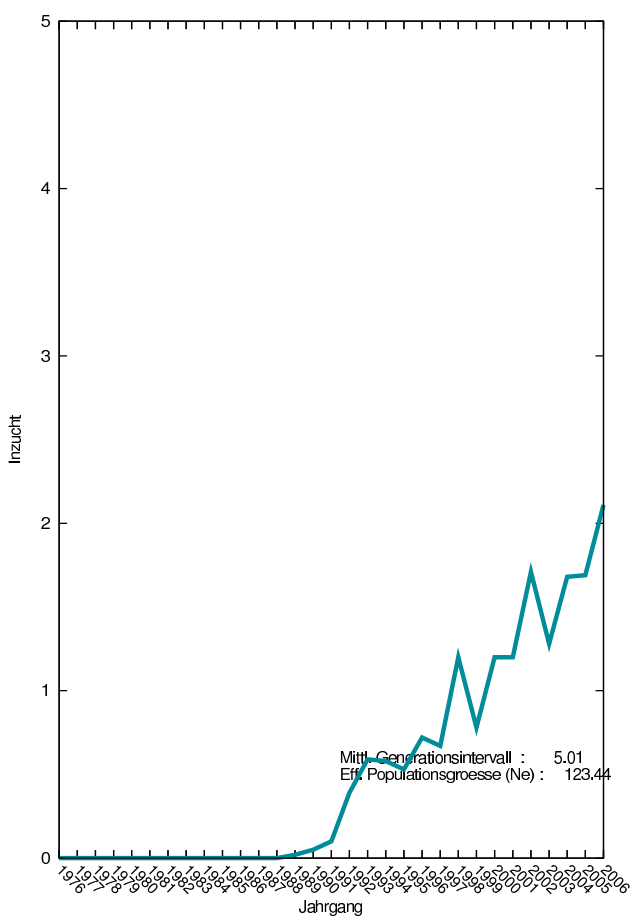


Abbildung 3: Entwicklung der Inzucht der Tiere der Monitoringpopulation (C) und ihrer Ahnen

## 6 Bewertung der Ergebnisse

Die Fleischrasse Uckermärker kann, was ihren Ursprung betrifft, nicht als Reinzuchtrasse definiert werden. Sie entstand durch Einkreuzung von Charolais und Fleckvieh auf eine fast ausgestorbene Lokalrasse. Diese beiden Fremdrassen wurden auch später kontinuierlich in der Zucht verwendet. Die Pedigrees der aktiven Zuchtpopulation laufen daher sehr schnell auf die beiden Fremdrassen aus. Daher sind nur geringe Inzuchtanstiege und demzufolge auch für die aktive Populationsgröße von 1142 Tieren eine relativ hohe effektive Populationsgröße von  $N_e I = 123$  abzuleiten. Diese Zahl ist aber aufgrund der Kreuzungssituation nicht mit den entsprechenden Größen in anderen Populationen in ihrer Bewertung zu vergleichen.

# Monitoring tiergenetischer Ressourcen

–VORDERWÄLDER–



herausgegeben von  
Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft  
27. April 2010





**Auftraggeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

**Auftragnehmer**

Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V. (ADR)

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL)

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (VIT)

Quelle Titelbild: Dr. Maus, RBW

# Inhaltsverzeichnis

1	Anerkannte Zuchtverbände . . . . .	4
2	Rassebeschreibung . . . . .	5
3	Zuchtgeschichte . . . . .	6
4	Zuchtprogramm . . . . .	7
5	Zuchtziel . . . . .	8
6	Heutiger Stand . . . . .	8
7	Verwendete Datensätze . . . . .	9
8	Beschreibende Analyse der aktuellen Population . . . . .	11
9	Berechnung und Analyse der Populationsparameter . . . . .	14
9.1	Generationsintervall . . . . .	15
9.2	Pedigree-Vollständigkeit . . . . .	16
9.3	Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry . . . . .	19
9.4	Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge . . . . .	19
10	Interpretation der Ergebnisse . . . . .	22
11	Erbfehler beim Rind . . . . .	24
11.1	Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind . . . . .	24
11.2	Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Vorderwälder . . . . .	27
	<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>29</b>

# 1 Anerkannte Zuchtverbände

## **Rinderunion Baden–Württemberg e.V.**

Ölkofer Strasse 41

88518 Herbertingen

Tel.: 07586/9206–0

email: [info@rind-bw.de](mailto:info@rind-bw.de)

[www.rind-bw.de](http://www.rind-bw.de)



## 2 Rassebeschreibung



Abb. 2.1: Vorderwälder Bulle [Quelle: Dr. Maus, RBW]

Vorderwälder ist eine fast ausnahmslos im Schwarzwald vertretene Zweinutzungsrasse mit einer ausgewogenen Betonung von Milch und Fleisch. Das Vorderwälder-Rind ist mit einer Widerristhöhe von 145 cm beim Bullen und 135 cm bei der Kuh recht klein. Es ist dank der geringen Größe und dem klaren Fundament mit harten Klauen sehr gut angepasst an die Beweidung von Hanglagen. Vorderwälder haben ein dunkelrotes Fell mit weißen Flecken, z.T. kommen auch gedeckte Tiere vor. Der Kopf und die Gliedmaßen sind immer überwiegend weiß.

Die Rasse zeichnet sich durch langlebige, gesunde und leichtkalbige Tiere aus. Die durchschnittliche Milchleistung der Herdbuchkühe beträgt 5400 kg im Jahr mit 3,3 % Eiweiß und 4,0 % Fett. Die Bullen haben in der Stationsprüfung tägliche Zunahmen von ca. 1150 g.

## 3 Zuchtgeschichte

Im 19. Jahrhundert waren Vorderwälder die führende Rasse im Gebiet des Schwarzwaldes. Die erste urkundliche Erwähnung des Wälderviehs stammt aus dem Jahr 1829, wobei unter dem Begriff Wäldervieh die größeren Vorderwälder der Vorgebirgsregion und die kleineren Hinterwälder der Hochgebirgsregion verstanden werden [SAMBRAUS 2001].

Im Jahr 1895 wurde die erste Zuchtgenossenschaft für Vorderwälder gegründet, der jedoch viele Züchter nicht beitraten. Sie konnten von den Kreuzungsvorhaben der Genossenschaft nicht überzeugt werden und züchteten in Reinzucht weiter.

Nach der Gründung eines ersten Zuchtverbandes im Jahr 1902 und der baldigen Auflösung wegen mangelnder Beteiligung der Züchter wurden ab 1927 die Zuchtgenossenschaften wieder aufgebaut. Um die wenigen verbliebenen reinrassigen Tiere gezielter verpaaren zu können, wurde die Milchleistungsprüfung eingeführt. Nach dem 2. Weltkrieg verloren typische Eigenschaften der Rasse wie gute Milchleistung aus Grundfutter, gute Arbeitsleistung und eine gute Konstitution mehr und mehr an Bedeutung. In den Vordergrund rückte eine möglichst hohe Milchleistung. Um diesem Anspruch gerecht zu werden und gleichzeitig die Probleme, die aus vermehrter Inzucht resultierten, in den Griff zu bekommen, wurden ab 1967 gezielt Ayrshire-Bullen eingesetzt. Da dadurch die Milchleistung erheblich verbessert werden konnte, wurden in den Folgejahren konzentriert Nachkommen dieser Anpaarungen eingesetzt. Bis heute liegt der durchschnittliche Ayrshire-Blutanteil in der Vorderwälder-Population bei ca. 6,25 % [SAMBRAUS 1999].

Um die Rasse konkurrenzfähig halten zu können, wurden Ende der 1970er Jahre kanadische Red Holstein-Bullen und in den 1990er Jahren Montbéliard-Bullen eingekreuzt.

Bis heute nimmt die Gesamtpopulation stetig ab. Bemerkenswert ist jedoch eine Zunahme der aktiven Population, also der Tiere, die unter Milchleistungsprüfung stehen und künstlich besamt werden.

## 4 Zuchtprogramm

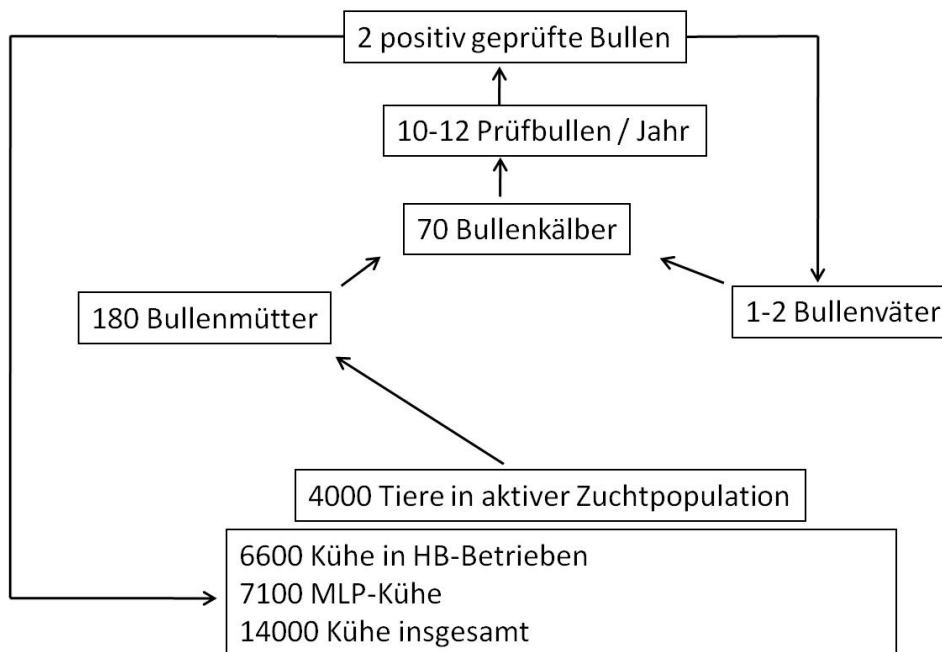


Abb. 4.1: Schematische Darstellung des Zuchtprogramms bei Vorderwäldern [ASR 2009]

Das Hauptverbreitungsgebiet der Vorderwälder ist die Schwarzwaldregion. Züchterisch bearbeitet wird diese Rinderrasse daher hauptsächlich vom Rinderzuchtverband Baden–Württemberg.

Das Zuchtprogramm der Vorderwälder ist dem des Fleckviehs sehr ähnlich (4.1). Auch hier wird gezielt verpaart und es wird eine Eigenleistungsprüfung auf Station durchgeführt [MAUS 2005]. Wie im Kapitel 3 bereits erwähnt, werden bestimmte Linien bevorzugt zur Zucht eingesetzt. Da nach wie vor etwa die Hälfte der Kühe im Natursprung gedeckt werden, ist ein relativ hoher Bedarf an Deckbullen gegeben. Es muss daher eine recht hohe Anzahl von Bullenmüttern selektiert werden [ASR 2009]. Auch für die Auswahl der Bullenväter müssen aufgrund der Linientreue mancher Züchter mehr Testbullen zur Verfügung stehen. Um möglichst viele Testbullen prüfen zu können, wird eine Sicherheit auf Basis von 25 bis 30 Töchtern pro Bulle akzeptiert.

## 5 Zuchtziel

Das Zuchtziel der Vorderwälder konzentriert sich auf ein milchbetontes Zweinutzungsrind im Landrassentyp. Die mittlere Jahresmilchleistung sollte bei ca. 6000 kg mit 3,65 % Eiweiß und 4,00 % Fett liegen. Die täglichen Zunahmen der Mastbullen sollen bei 1100 g liegen.

Es wird auf eine hohe Grundfutteraufnahme, eine gute Konstitution bei regelmäßiger Fruchtbarkeit, Langlebigkeit sowie korrekte Fundamente mit harten Klauen wert gelegt. Das gleichmäßige Euter sollte straff sitzen und eine korrekte Strichplatzierung aufweisen.

Die im Zuchtziel festgelegten Körpermaße betragen für die Widerristhöhe 140 - 150 cm bei Bullen und 135 - 138 cm bei Kühen sowie für das Körpergewicht 950 - 1050 kg bei Bullen und 550 - 650 kg bei Kühen.

## 6 Heutiger Stand

Im Jahr 2008 wurden insgesamt 40000 Tiere der Rasse Vorderwälder gehalten, wovon 14000 Kühe waren.<sup>1</sup> Alle Tiere der Rasse Vorderwälder werden in Baden-Württemberg gehalten.

Es gab 370 Herdbuch-Betriebe in denen 6600 Kühe standen. Der Anteil an Kühen, die in der Milchleistungsprüfung erfasst wurden, lag bei 50,6 %. 3952 Tiere gehörten zur aktiven Zuchtpopulation. Der Anteil der künstlichen Besamung belief sich auf 52,1 %, der Anteil der Kühe, die unter MLP standen und künstlich besamt wurden machte 28,2 % der Gesamtpopulation aus.

Nachfolgend sind einige Leistungsparameter der MLP-Kühe aufgelistet.

- Durchschnittliche jährliche Milchleistung 5081 kg,
- 4,15 % Fett und 3,32 % Eiweiß,

---

<sup>1</sup>Alle Angaben dieses Kapitels sind dem ASR Jahresbericht 2008 entnommen [ASR 2009].

- Erstkalbealter 31.7 Monate,
- Zwischenkalbezeit 382 Tage,
- Durchschnittsalter 5,7 Jahre,
- Durchschnittliches Abgangsalter 6,6 Jahre.

Die täglichen Zunahmen für Auktionsbullen seit der Geburt beliefen sich im Jahr 2008 auf 1051 g bei der Eigenleistungsprüfung im Feld.

## 7 **Verwendete Datensätze**

Für die nachfolgenden Analysen wurden 3 verschiedene Datensätze verwendet.

### **Datensatz A**

Für die statistische und deskriptive Analyse der Population (vgl. Kapitel 8) kam der Datensatz A zur Verwendung. Der komplette Datensatz wurde aus zentralen Datenbanken ausgezogen und auf Plausibilität geprüft. Im Datensatz A sind Tiere enthalten, die in den letzten 10 vollständig besetzten Geburtsjahrgängen geboren wurden und unter Milchleistungsprüfung standen. Es konnten somit deskriptive Analysen für diesen Zeitraum gemacht werden. Entwicklungen und Verläufe, die an der untersuchten Population beobachtet werden können, konnten so über einen ausreichend großen Zeitraum dargestellt und analysiert werden. Gleichzeitig ist der Bezug zur lebenden, aktiven Zuchtpopulation gegeben, da viele der Tiere im untersuchten Datensatz noch während der Analyse zur lebenden Zuchtpopulation gehörten. Ein ausschließliches Betrachten der lebenden Zuchttiere ist für die deskriptive Datenanalyse jedoch nicht sinnvoll. Ein zu kurzer Untersuchungszeitraum und eine nicht ausreichende Besetzung der Jahrgänge würde für eine fundierte Analyse nicht ausreichen.

### **Datensatz B**

Die Berechnung der Populationsparameter wie Inzucht und effektive Populationsgröße erfolgte auf der Grundlage eines weiteren Datensatzes B. Dieser Datensatz B



umfasst alle Tiere der aktuellen Population samt Abstammungen bis zur definierten Basis (Geburtsjahrgang 1950). Als zur aktuellen Population zugehörig wurden alle Tiere behandelt, die zur letzten Generation aktiver Zuchttiere gehörten. Es wurde dazu wieder vom letzten vollbesetzten Geburtsjahrgang ausgegangen und eine Generation zurückgegangen.

Um eine Vereinheitlichung zwischen den Rassen zu erreichen, wurde die Generationenlänge für die Generierung des Datensatzes auf 6 Jahre festgelegt. Die tatsächliche Generationenlänge kann natürlich von Rasse zu Rasse abweichen.

Für die Tiere, die in dem festgelegten Zeitraum von 6 Jahren geboren wurden, wurde das Pedigree bis zur definierten Basis aufgebaut.

### **Datensatz C**

Um einen Datensatz verwenden zu können, der nur Tiere berücksichtigt, die ein möglichst vollständiges Vorderwälder–Pedigree aufweisen, wurde ein weiterer Datensatz C erstellt, der ein Sub–Datensatz des Datensatzes B ist. Der Datensatz C wurde ebenfalls zu Berechnung der Populationsparameter verwendet. Somit konnten die Ergebnisse beider Datensätze direkt gegenüber gestellt werden.

Im Datensatz B werden Einkreuzungen fremder Rassen als Genzufluss aus einer unverwandten Basis betrachtet (Immigration). Immigration kann bereits in geringem Umfang den Inzuchtanstieg abbremsen und führt somit zu höheren Schätzwerten für die inzuchteffektive Populationgröße. Dies kann zu Fehleinschätzungen der Entwicklung der rassespezifischen Diversität führen. Im Datensatz C wurde deshalb unter Verwendung des Kriteriums des ‚pedigree completeness index‘ (PCI) die Gesamtbetrachtung auf die Tiere der aktuellen Population eingeschränkt, die über ein ausreichend tiefes rassespezifisches Pedigree verfügen (PCI von 0.7 auf 8 Generationen). Ein Vergleich der Ergebnisse basierend auf den Datenbeständen B und C erlaubt somit eine ungefähre Abschätzung des Effektes von Immigration auf den Inzuchtanstieg. Ergebnisse basierend auf Datensatz C dürften allerdings mehr Aussagekraft in Bezug auf die Entwicklungen einer rassespezifischen ‚Kernpopulation‘ haben.

## 8 Beschreibende Analyse der aktuellen Population

Für die nachfolgenden Analysen wurde der Datensatz A als Berechnungsbasis herangezogen (siehe Kapitel 7). Es wurden Daten von Tieren der Geburtsjahrgänge 1997 bis 2006 untersucht. Der Datensatz A bestand aus insgesamt 22713 Tieren (21317 weibliche und 1396 männliche). In der untersuchten 10-Jahresperiode wurden insgesamt 1326 Väter und 14272 Mütter eingesetzt.

Um einen vollständigeren Überblick über das verwendete Datenmaterial zu gewinnen, dient die Tabelle 8.1. Für jeden Geburtsjahrgang ist die Anzahl der in diesem Jahr geborenen Tiere abgetragen. Weiterhin sind in den folgenden Spalten die Anzahl der in diesem Geburtsjahrgang eingesetzten Mütter und der eingesetzten Väter abgetragen. Mütter und Väter können demnach mehrfach gezählt werden, wenn sie in mehreren Jahren zum Einsatz kommen. Für die im jeweiligen Geburtsjahrgang der untersuchten Tiere eingesetzten Väter sind weiterhin die minimale, maximale und durchschnittliche Anzahl von Nachkommen aufgelistet. In der zweiten Tabellenhälfte sind dieselben Angaben enthalten, allerdings werden für diese Berechnungen ausschließlich Tiere verwendet, deren Vater und Mutter Vorderwälder-Tiere sind.

Tab. 8.1: Anzahl der Tiere mit Eltern für die gesamte Population und für Tiere mit Vorderwälder-Eltern (GJ=Geburtsjahr, n Mütter=Anzahl Mütter, Min., Max., Mitt.= minimale, maximale und mittlere Anzahl Nachkommen je Vater im jeweiligen Geburtsjahrgang)

GJ	Alle Tiere						Nur Tiere mit Vorderwälder-Eltern					
	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.	n Tiere	n Mütter	n Väter	Min.	Max.	Mitt.
1997	2420	2075	307	1	160	6	1655	1634	268	1	141	6
1998	2430	2188	285	1	202	7	1563	1541	252	1	184	6
1999	2349	2192	263	1	132	7	1568	1545	241	1	89	7
2000	2340	2251	278	1	131	7	1589	1576	248	1	124	6
2001	2327	2253	259	1	162	7	1660	1639	233	1	156	7
2002	2250	2183	240	1	172	7	1592	1573	210	1	156	8
2003	2203	2137	230	1	239	7	1543	1514	199	1	230	8
2004	2182	2122	223	1	156	8	1522	1503	190	1	147	8
2005	2202	2166	227	1	188	7	1548	1521	199	1	183	8
2006	2010	1978	214	1	190	7	1365	1341	173	1	180	8

Die Anzahl der Jahre, in denen ein Vater– bzw. Muttertier eingesetzt wurde, liegt bei 2.35 Jahren für die Väter und bei 2.51 Jahren für die Mütter.

In der Abbildung 8.1 ist die absolute Anzahl von Tieren im verwendeten Datensatz unterteilt nach Rassezugehörigkeit des Vaters gezeigt.

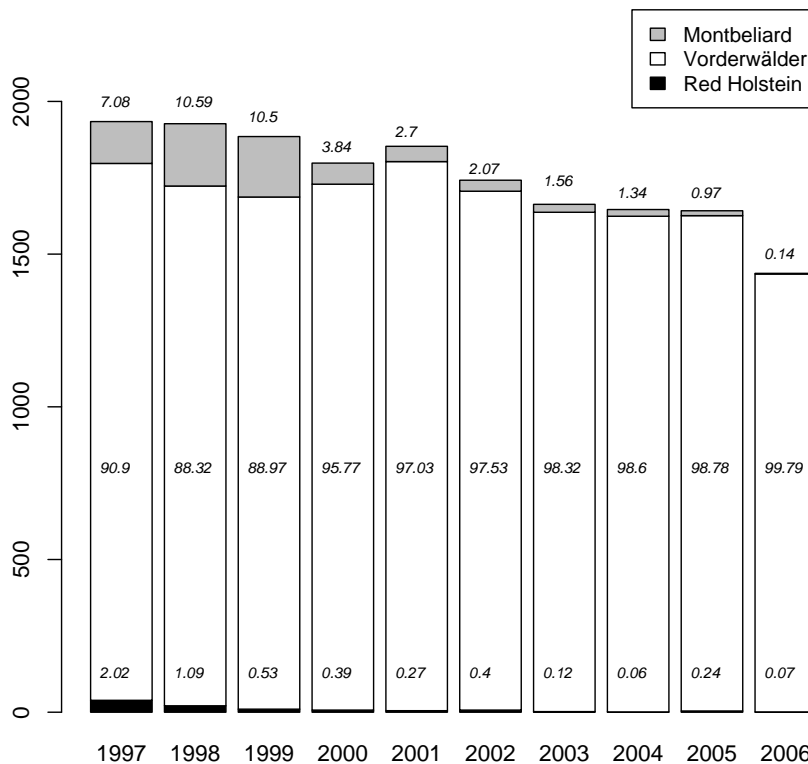


Abb. 8.1: Absolute Anzahl der Tiere im Datensatz und Rassezugehörigkeit (in Prozent) ihrer Väter

Einen Überblick über die Rassezugehörigkeit und die Herkunft der eingesetzten Väter gibt die Tabelle 8.2. In der Tabelle ist sowohl die Anzahl der eingesetzten Väter als auch die Anzahl der Nachkommen dargestellt.

Tab. 8.2: *Herkunftsland und -rasse der Väter (CHE = Schweiz, FRA = Frankreich, DEU = Deutschland, NLD = Niederlande, Zahl vor Schrägstrich = Anzahl Väter, Zahl hinter Schrägstrich = Anzahl Nachkommen)*

Herkunft	Total	Fleckvieh	Holstein	Red Holstein	Montbeliard	Vorderwälder
FRA	6/735	0/0	0/0	0/0	5/734	0/0
DEU	1188/16714	10/14	3/3	19/27	0/0	1154/16668
NLD	2/2	0/0	0/0	2/2	0/0	0/0
CHE	2/4	1/1	0/0	1/3	0/0	0/0
USA	1/1	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0

## 9 Berechnung und Analyse der Populationsparameter

Grundlage für die Berechnungen der Populationsparameter waren der Datensatz B (siehe Kapitel 7), als auch der Datensatz C, bei dem die aktuelle Population auf Basis des PCI eingeschränkt wurde. Es konnten so beide Populationen (Vorderwälder-Population mit Einkreuzung rassefremder Tiere (Datensatz B) und Vorderwälder-Population mit tiefem Vorderwälder-Pedigree (Datensatz C)) direkt miteinander verglichen und die Ergebnisse gegenübergestellt werden.

Die Auswahl der aktuellen Population erfolgte im aktuellen Bericht für den Zeitraum von 2000 bis 2005. In der aktuellen Population von Datensatz B befanden sich 12520 Tiere und von Datensatz C 5625 Tiere. Für die gesamte Population betrachtet (aktuelle Population samt Pedigree) ergaben sich Populationsgrößen von 31625 Tieren im Datensatz B und 21541 Tieren im Datensatz C. Das bedeutet, dass 32 % der im ursprünglichen Datensatz B befindlichen Tiere durch die Einschränkung mittels PCI ausgeschlossen wurden.

Die Besetzung der Geburtsjahrgänge für die Datensätze B und C wird in Abbildung 9.1 dargestellt. Der sprunghafte Anstieg der Tierzahlen im Jahr 2000 ist dadurch begründet, dass ab diesem Jahr alle Tiere, die sich in der Zuchtpopulation befanden, berücksichtigt werden. Von 1950 bis 2000 sind lediglich deren Vorfahren vorhanden.

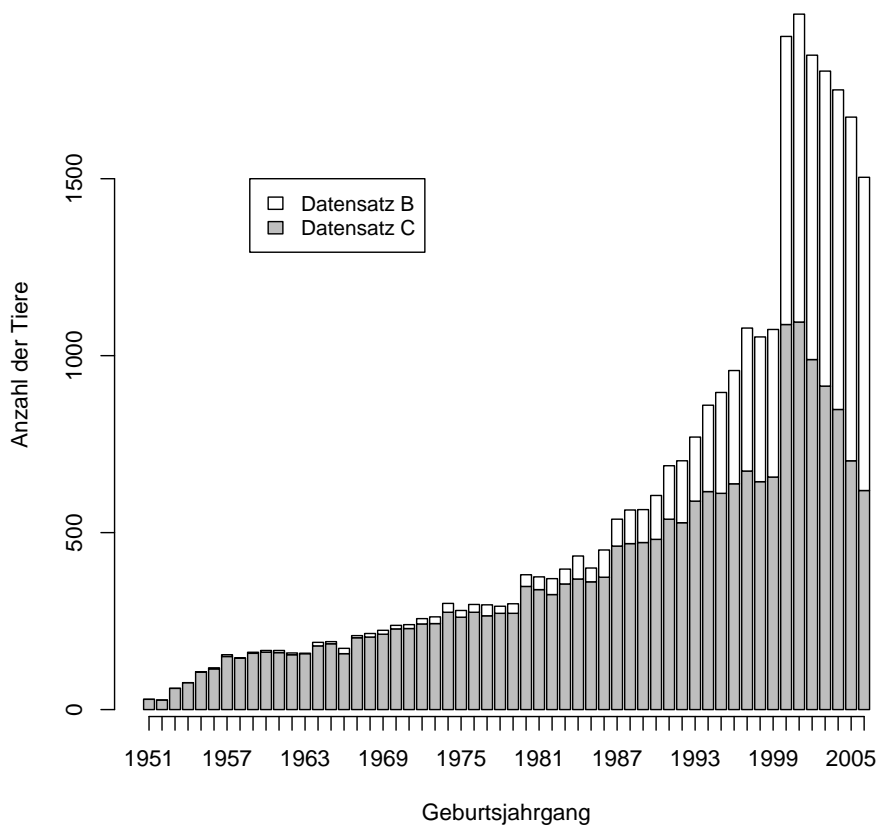


Abb. 9.1: Besetzung der Geburtsjahrgänge für Datensatz B und Datensatz C

## 9.1 Generationsintervall

Das Generationsintervall wurde für den Zeitraum von 1970 bis 2000 berechnet. Dieses Zeitfenster wurde gewählt um sicherzustellen, dass vollständige Generationen berechnet werden können. In der folgenden Abbildung 9.2 ist der Verlauf der Generationsintervalle berechnet für die 4 Vererbungspfade dargestellt. Aus den Einzelwerten für die 4 Vererbungspfade wurde über die Jahre ein arithmetisches Mittel berechnet. Das sich daraus ergebene mittlere Generationsintervall für die Vorderwälder-Population lag bei 5.31 Jahren.

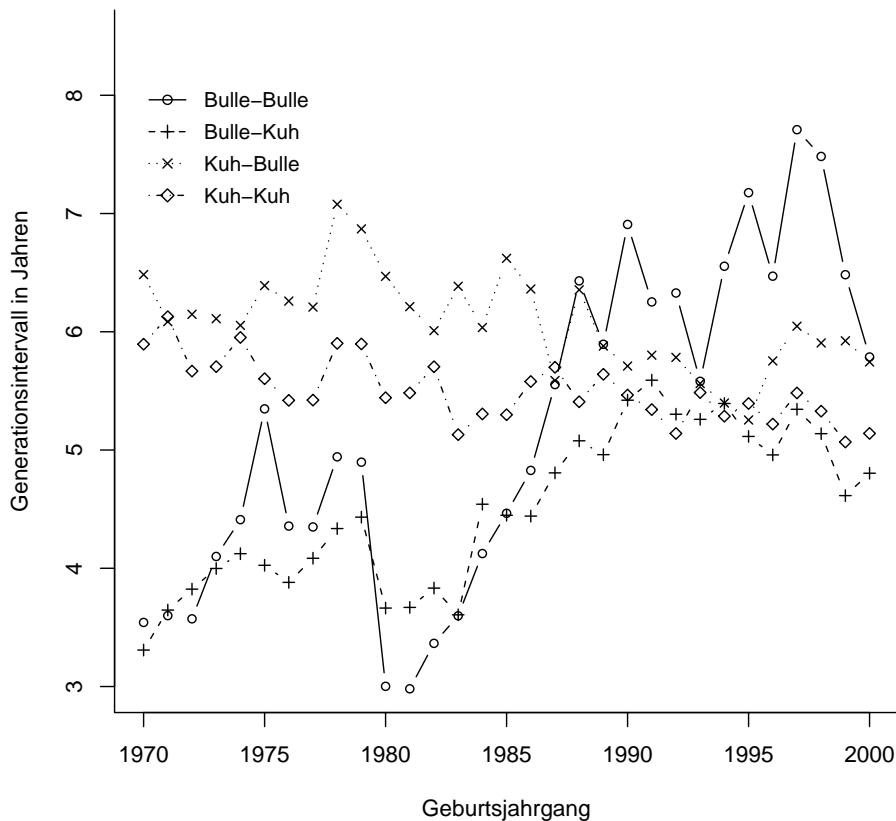


Abb. 9.2: Verlauf des Generationsintervalles für die vier Vererbungspfade für die Geburtsjahrgänge 1970 bis 2000

Tab. 9.1: Mittleres Generationsintervall in Jahren für jeden Vererbungspfad, berechnet für den Zeitraum von 1970 bis 2000

Bulle-Bulle	Bulle-Kuh	Kuh-Bulle	Kuh-Kuh
5.16	4.50	6.08	5.50

## 9.2 Pedigree-Vollständigkeit

Um gezielte Aussagen über die Inzuchtentwicklung und die daraus resultierenden Parameter gewinnen zu können, wurde die vorliegende Population im Datensatz B auf Vollständigkeit des Pedigrees, den Pedigree Completeness Index (PCI), hin untersucht.

Es wurde eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen gefordert, sowie verschiedene

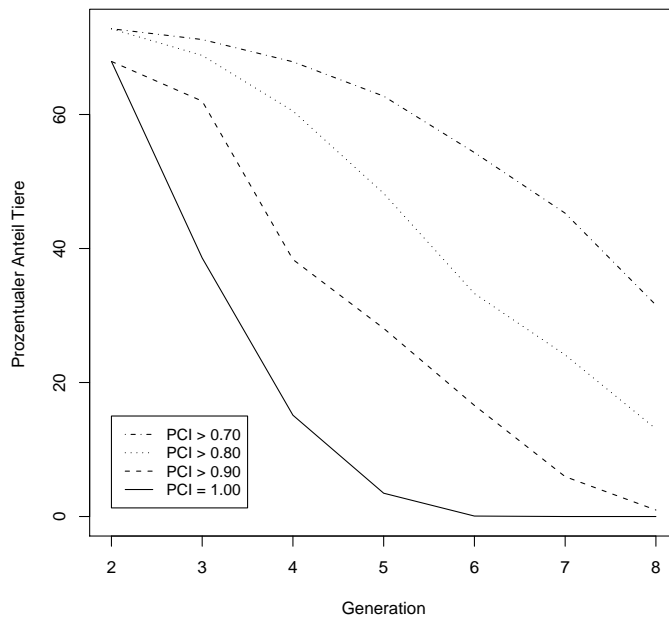


Abb. 9.3: Prozentualer Anteil der Tiere des gesamten Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

Mindestwerte für den PCI. In den Abbildungen 9.3 und 9.4 ist jeweils der prozentuale Anteil der Tiere dargestellt, die für die jeweilige Pedigreetiefe die geforderten Mindestwerte erfüllen. In der Abbildung 9.3 werden alle Tiere im gesamten Pedigree der aktuellen Population berücksichtigt, in Abbildung 9.4 wird die Pedigree Completeness nur für Tiere berechnet, die sich in der aktuellen Population befinden, also zur letzten Generation gehören. Da diese Tiere ein tieferes und vollständigeres Pedigree aufweisen, erhöhen sich die prozentualen Anteile von Tieren, die die geforderten Mindestwerte erreichen.

Der Verlauf der PCI über die Geburtsjahrgänge für eine Pedigreetiefe von 2 Generationen ist für die beiden verwendeten Datensätze gemeinsam in Abbildung 9.5 dargestellt.



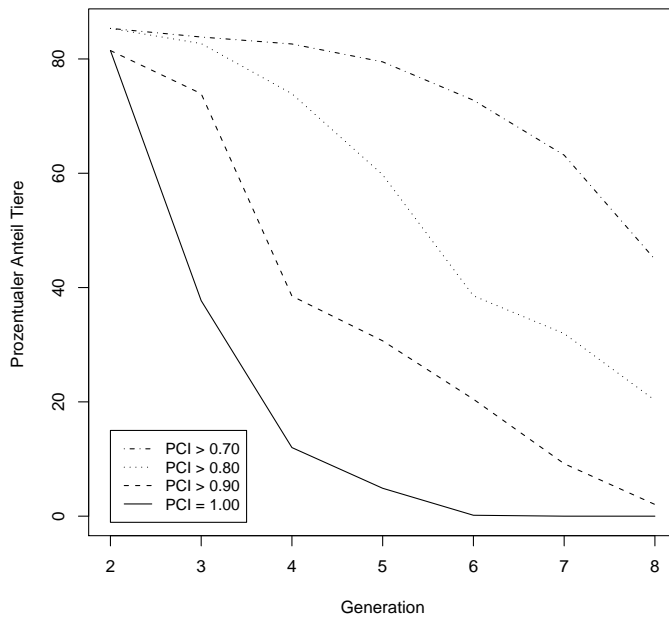


Abb. 9.4: Prozentualer Anteil der Tiere der aktuellen Population des Datensatzes B mit einem PCI > 0.70 für eine Pedigreetiefe von 2 bis 8 Generationen

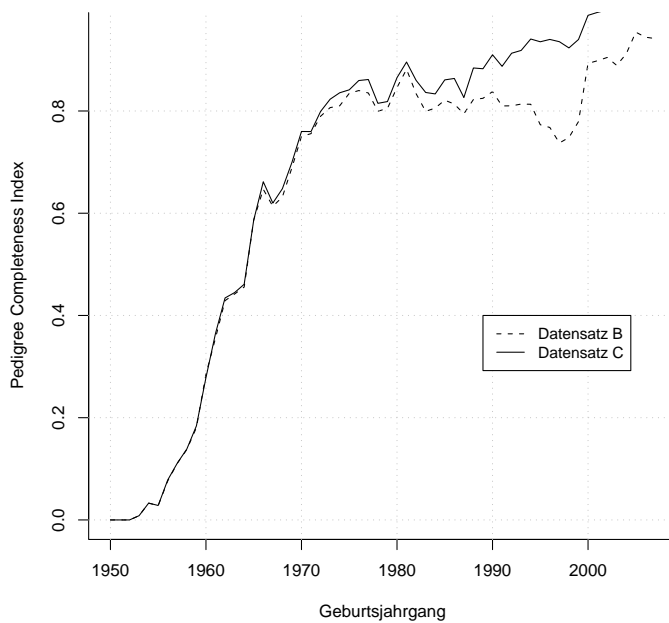


Abb. 9.5: Verlauf des Pedigree Completeness Index berechnet für beide Datensätze mit einer Pedigreetiefe von 2 Generationen

### 9.3 Berechnung der Effektiven Populationsgröße aus der Inzucht und der Coancestry

Die effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) wurde sowohl auf Basis der Inzucht als auch auf Basis der Coancestry berechnet. Es sollte dadurch erreicht werden, eventuelle Differenzen zwischen beiden Methoden sichtbar zu machen und so z.B. gezielt in der Population betriebene Inzuchtvermeidung aufzudecken. In der Abbildung 9.6 sind die Kurvenverläufe der Inzucht und Coancestry dargestellt. Weiterhin ist die effektive Populationsgröße in der jeweiligen Grafik abgetragen. Für die Berechnung der effektiven Populationsgröße wurde das Jahr 1990 als Basisjahr für die Regression festgelegt. Es kann so davon ausgegangen werden, dass die Jahrgänge ausreichend besetzt sind und die Abstammungen weitgehend vollständig sind. Das Generationsintervall, das für die Berechnung ebenfalls benötigt wurde, betrug 5.31 Jahre (vgl. Kapitel 9.1). Um vergleichende Aussagen zwischen Rassen treffen zu können, wurde das Verhältnis von tatsächlicher Populationsgröße der aktuellen Population und effektiver Populationsgröße aus Inzucht berechnet. Es betrug für den verwendeten Datensatz B 1:70 (effektiv:tatsächlich) und für den Datensatz C 1:62.

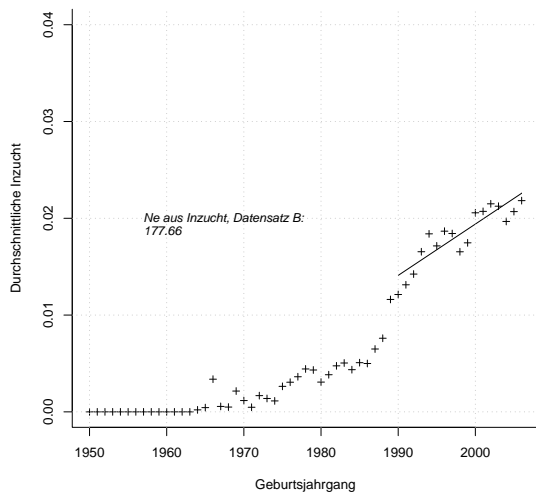
### 9.4 Berechnung der effective founders, effective ancestors und der Rassebeiträge

Für die Analyse der effektiven Anzahl der Basistiere (effective founders,  $f_e$ ) und der effektiven Anzahl der Ahnen (effective ancestors,  $f_a$ ) ergaben sich die in Tabelle 9.2 angegebenen Werte. Zusätzlich sind die Schätzwerte für die  $N_e$  angegeben.

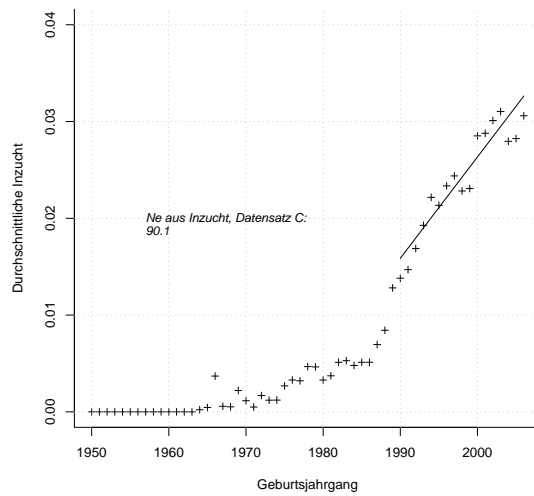
Tab. 9.2: Berechnete Populationsparameter

Parameter	Datensatz B	Datensatz C
Ne aus Inzucht / Ne aus Coancestry	178 / 151	90 / 107
$f_e$	54	50
$f_a$	29	26

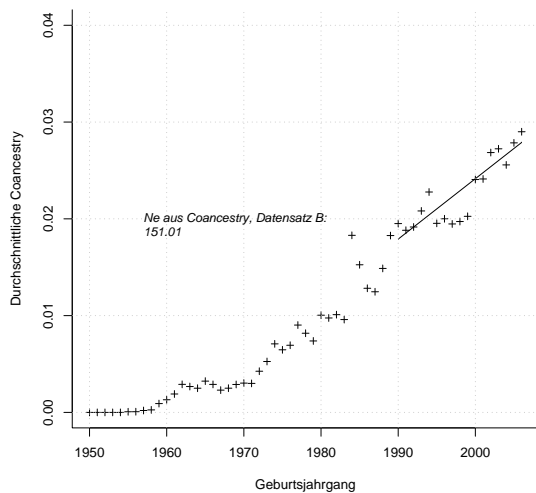
Um sich einen Überblick über eventuelle Flaschenhalsereignisse in der Population zu verschaffen, wurden die marginalisierten Beiträge der Ahnen berechnet. Der Verlauf



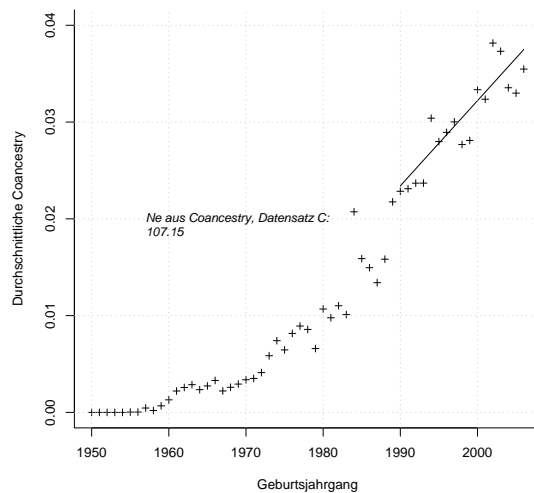
(a) Inzucht (Datensatz B)



(b) Inzucht (Datensatz C)



(c) Coancestry (Datensatz B)



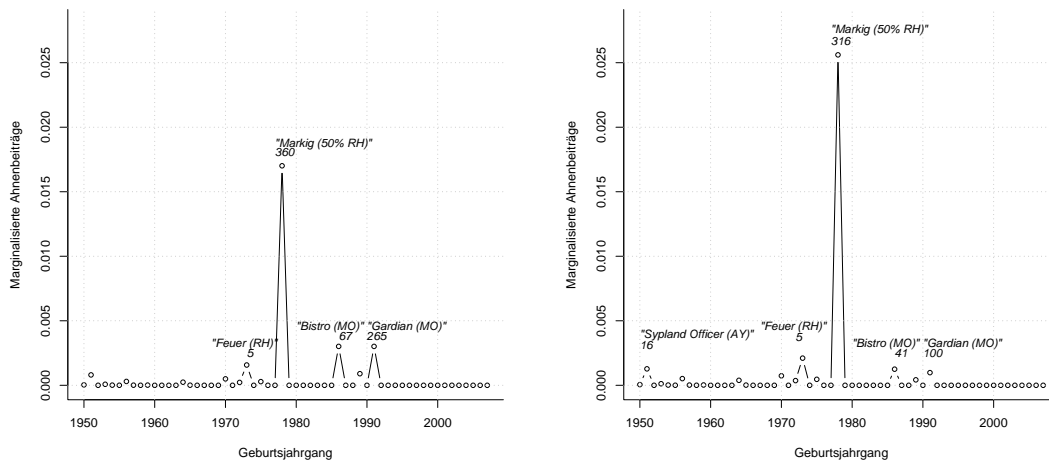
(d) Coancestry (Datensatz C)

Abb. 9.6: Verlauf der Inzucht und Coancestry getrennt nach Datensätzen

dieser Beiträge ist für die Bullen in der Abbildung 9.7 exemplarisch für den Datensatz B zu sehen. Über den ausgeprägtesten Peaks ist der dazugehörige Bulle namentlich erwähnt sowie die Anzahl seiner direkten Nachkommen.

Eine Übersicht über die Rassebeiträge an der aktuellen Population für die Datensätze B und C geben die Tabellen 9.3 und 9.4.

Um Aussagen über den zeitlichen Verlauf der Rassebeiträge machen zu können, wurden für Datensatz C die Rassebeiträge je Geburtsjahrgang für die Geburtsjahrgänge



(a) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz B) (b) Marginalisierte Ahnenbeiträge (Datensatz C)

Abb. 9.7: Darstellung der marginalisierten Ahnenbeiträge der Bullen in der Vorderwälder-Population (MO = Montbeliard, RH = Red Holstein, AY = Ayrshire)

1990 bis 2004 berechnet. Die Ergebnisse sind in Abbildung 9.8 dargestellt. Es muss bei der Interpretation beachtet werden, dass im Datensatz lediglich Vorderwälder-Tiere der aktuellen Generation mit ihren Eltern enthalten sind.

Tab. 9.3: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz B)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Fleckvieh	1.17
Ayrshire	4.57
Red Holstein	17.33
Montbeliard	17.67
Sonstige	22.37
Vorderwälder	36.88

Tab. 9.4: Rassebeiträge an der aktuellen Population (Datensatz C)

Rasse	Rassebeitrag in Prozent
Ayrshire	5.85
Montbeliard	10.89
Red Holstein	18.24
Sonstige	25.39
Vorderwälder	39.64

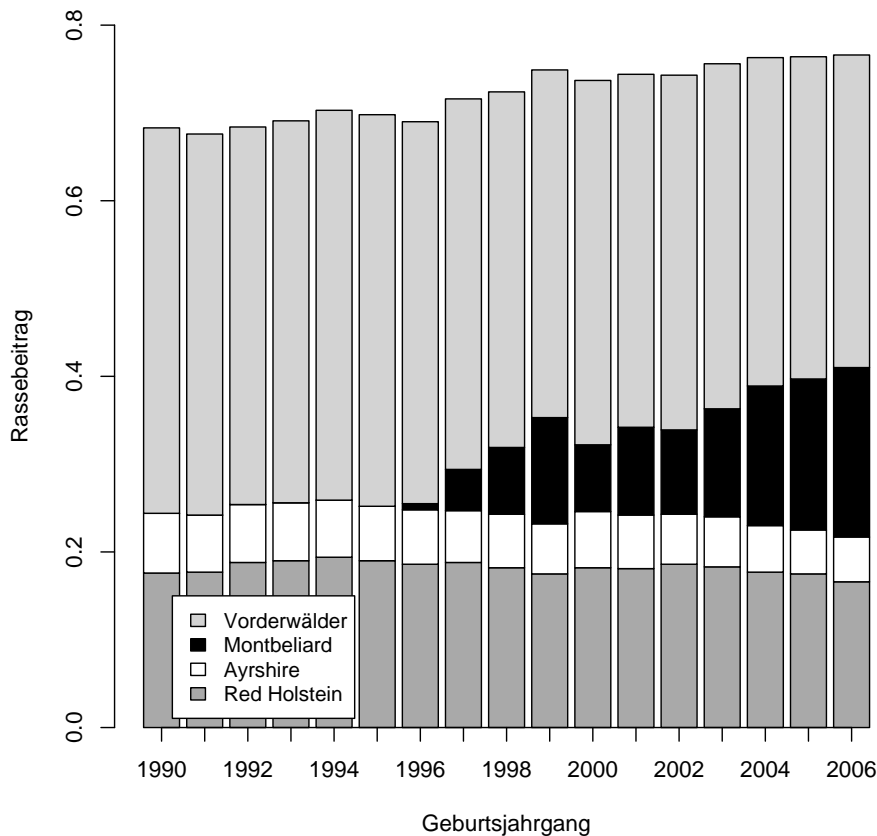


Abb. 9.8: Rassebeiträge im Verlauf über die Geburtsjahrgänge (Datensatz C)

## 10 Interpretation der Ergebnisse

Bei der Rasse Vorderwälder gab es in der Vergangenheit mehrere Einkreuzungswellen, die das Rassebild nachhaltig beeinflusst haben. Beginnend in den 1960er Jahren mit Ayrshire, wurden in den 1970er Jahren Red Holstein-Bullen eingekreuzt und seit dem Ende der 1990er Jahren bis heute werden vermehrt Montbeliard-Bullen eingesetzt. Effekte dieser im Zeitverlauf wachsenden Bedeutung von Fremdrassebullen zeigen sich deutlich beim Vergleich der Ne-Schätzwerte aus den Datensätzen B und C (178 gegenüber 90 basierend auf dem Anstieg des Inzuchtkoeffizienten).

Bei den Vorderwäldern stimmen die Schätzwerte für  $N_{el}$  und  $N_{eC}$  gut überein. Dies kann ein Hinweis auf weitgehende Zufallspaarung in der Zuchtpopulation sein. Wie der hohe Grad an Einkreuzungen erwarten lässt, sind die  $N_e$ -Schätzwerte des Datensatzes B etwas höher, da durch den höheren Anteil an Basistieren der Inzuchtanstieg geringer ist. Für die Vorderwälder kann in guter Näherung eine inzuchteffektive Populationsgröße von **90** angenommen werden.

Kenngrößen wie die effektive Anzahl von Basistieren ( $f_e$ ) oder die Anzahl der effektiven Ahnen ( $f_a$ ), sind in der Lage, die Effekte von genetischer Drift zu quantifizieren. Im vorliegenden Fall liegen die Schätzwerte dieser beiden Größen mit 25-50 Tieren deutlich unter der inzuchteffektiven Populationsgröße. Dies ist ein Beleg für einen erheblichen Verlust ursprünglich vorhandener genetischer Diversität durch genetische Drift und bestätigt die oben ausgesprochene Vermutung. Flaschenhalereignisse, die den Verlust genetischer Diversität hervorrufen können, entstanden in dieser Rasse vor allem durch die bereits erwähnten Einkreuzungswellen. So ist der Ahne mit den höchsten Beiträgen in der aktuellen Population der Bulle Markig, der direkt von dem Red Holstein-Bullen Max abstammt und somit zu 50 % RH-Blut hat.

Auch an den Rassebeiträgen lassen sich die enormen Einflüsse der Einkreuzungen erkennen. So nehmen vor allem die Rassen Red Holstein und Montbeliard, die in der jüngeren Vergangenheit eingesetzt wurden, einen erheblichen Anteil an den Rassebeiträgen der Basistiere ein. Weiterhin gibt es viele Foundertiere, denen kein Rassecode zugeordnet werden konnte. Diese werden in der Kategorie S\_Sonstige eingruppiert. Es kann sich hier um Vorderwälder-Tiere handeln, denen zu Beginn der Aufzeichnungen kein Rassecode zugewiesen wurde, oder um ausländische Tiere, deren Rassecode ebenfalls nicht aufgezeichnet wurde.

Die Ergebnisse lassen vermuten, dass durch die starke Einkreuzung nur noch wenige reinrassige Vorderwälder-Tiere in der Population vorhanden sind. Allerdings können diese in einem vergleichsweise großen Genpool leichter bewahrt werden, wenn nicht gegen sie gezüchtet wird. Die geringe Anzahl effektiver Basistiere und Ahnen lässt aber den Schluss zu, dass genau dies passiert - ursprüngliche Vorderwälderanteile werden systematisch verdrängt. Um die rassespezifischen Gene bestmöglich erhalten zu können, kann daher in Zukunft vermehrt auf eine Verpaarung von Tieren mit

einem möglichst hohen Vorderwälder–Blutanteil geachtet werden.

Um genetische Drift abzubremsen bietet sich insbesondere an, die Anzahl männlicher Zuchttiere zu erhöhen und durch geeignete Maßnahmen sicherzustellen, dass diese etwa gleiche Beiträge zur nächsten Generation aktiver Zuchttiere leisten. Da beide Maßnahmen einen erheblichen Eingriff in das Zuchtprogramm darstellen und in aller Regel mit einer Reduzierung des genetischen Fortschritts verbunden sind, müssen sie wohl abgewogen werden. Senken sie die Akzeptanz dieser Rasse in der Produktionsstufe weiter ab, müssen sie als kontraproduktiv eingestuft werden.

## 11 Erbfehler beim Rind

### 11.1 Überblick über die häufigsten Erbfehler beim Rind

Unter Erbfehlern versteht man „Missbildungen und Störungen normaler Vorgänge, die ererbt worden sind“ [KRÄUSSLICH 1994]. Solche Missbildungen und Störungen treten vorwiegend prä-, peri- und postnatal auf, können sich aber auch erst später zeigen. Viele dieser Erbfehler sind letal und führen somit zu erheblichen wirtschaftlichen Einbußen in der Rinderhaltung.

Die meisten Erbfehler werden monogen homozygot rezessiv vererbt, wodurch die Häufigkeiten von Erbfehlern in Populationen sehr gering sind. Durch bestimmte Faktoren kann diese Häufigkeit allerdings durch Zufall erhöht werden. So kann z.B. ein übermäßiger Einsatz eines für einen Erbfehler heterozygoten aber sonst sehr leistungsstarken Besamungsbullen zu einer massiven Erhöhung des Auftretens dieses Erbfehlers nach einigen Generationen führen. Auch können sich homozygot unerwünschte Gene leichter ausbreiten, wenn sie in heterozygoten Tieren günstige Effekte bewirken. So wirkt sich z.B. das mutierte Gen beim Braunvieh, das homozygot zum Zwergenwuchs führt, bei heterozygoten Tieren in einem kleineren und gedrungenem Körperbau aus, was vor einigen Jahren dem Zuchtziel dieser Rasse entsprach. Ungewollt wurden also heterozygote Trägartiere des unerwünschten Gens selektiert. Ein weiteres Beispiel ist das Weaver-Gen bei Brown Swiss Rindern. Dieses Gen ist

eng gekoppelt mit einem Gen, das zu erhöhter Milchleistung führt und wurde daher indirekt mit selektiert [KRÄUSSLICH 1994].

Aktuelle Informationen über den molekulargenetischen Hintergrund verschiedener genetischer Defekte beim Rind sind in der Datenbank OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals, <http://omia.angis.org.au>) zu finden. Im Moment werden 376 verschiedene Phänotypen beim Rind beschrieben, wobei 75 davon zu den Single-Locus Merkmalen zählen. Für 43 Phänotypen konnte bereits die ursächliche DNA-Mutation ermittelt werden.

Die wirtschaftlich wichtigsten Erbfehler beim Rind sollen im Folgenden kurz beschrieben werden.

### **BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)**

Erblich bedingte Immunschwäche. Kälber sterben meist in den ersten Lebenswochen an banalen Infektionen.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **CVM (Complex Vertebral Malformation)**

Missbildungen an der Wirbelsäule mit Auswirkungen auf die Gliedmaßen. Kälber sterben spätestens kurz nach der Geburt.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **DUMPS (Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase)**

Es kommt zu einer Unterproduktion von Uridin-Monophosphat, das ein wichtiger Baustein der Pyrimidin-Nukleotide darstellt. Betroffene Tiere sterben schon im embryonalen Stadium ab.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **Citrullinämie**

Harnstoff-Zyklus ist durch einen Enzymdefekt gestört. Die Kälber sterben 3–5 Tage



nach der Geburt an einer Ammoniak-Intoxikation.

Betroffene Rasse: Deutsche Holsteins

### **SMA (Spinal Muscular Atrophy)**

Motorische Neuronen in Rückenmark, Hirnstamm und motorischen Hirnrindengebieten sind stark dezimiert. Die betroffenen Kälber zeigen im Alter von wenigen Wochen Muskelschwäche bzw. Schwund der Skelettmuskulatur mit Festliegen in Brustlage, herabgesetzten spinalen Reflexen und pumpender Atmung. Die Erkrankung verläuft innerhalb weniger Wochen tödlich.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **SDM (Spinale Dysmelisierung)**

Erkrankung des zentralen Nervensystems, die durch eine mangelhafte Ausbildung von Myelinscheiden in den betroffenen Nervenzellgebieten gekennzeichnet ist. Die erkrankten Kälber liegen zumeist gleich nach der Geburt in Seitenlage mit nach vorne gestreckten Gliedmaßen fest. Der Kopf ist häufig nach oben hinten gerichtet ('Mondguckerhaltung').

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Weaver (Progressive Degenerative Myeloencephalopathy)**

Erste Krankheitszeichen entwickeln sich bei den betroffenen Tieren im Alter von mehreren Monaten. Diese zeigen sich in Form von Nachhandschwäche, Schwierigkeiten beim Aufstehen und unsicherem, schwankendem Gang. Innerhalb von 1-3 Jahren kommt es zum Festliegen des erkrankten Tieres und zum Tod.

Betroffene Rasse: Braunvieh

### **Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit)**

Neben übermäßig langen, dünnen Gliedmaßen mit abnorm beweglichen und steifen, verkrümmten Gelenken als offensichtlichste Mißbildung weisen erkrankte Tiere häufig Schädeldeformationen, Wirbelsäulenverkrümmungen sowie Veränderungen an Blutgefäßen und zentralem Nervensystem auf. Kälber werden tot geboren oder verenden

kurz nach der Geburt.

Betroffene Rassen: Fleckvieh, Brown Swiss, Deutsche Holsteins, Limousin

## **11.2 Strategien zur Erbfehlervermeidung beim Vorderwälder**

Es liegen z.Zt. keine bekannten Erbfehler beim Vorderwälder vor.



# Literaturverzeichnis

[ASR 2009] ASR (2009). *Jahresbericht 2008*. Technischer Bericht, Arbeitsgemeinschaft Süddeutscher Rinderzucht- und Besamungsorganisationen e.V.

[KRÄUSSLICH 1994] KRÄUSSLICH, H. (1994). *Tierzüchtungslehre*. Eugen Ulmer, Stuttgart, 4. Aufl.

[MAUS 2005] MAUS, F. (2005). *Die Zucht der Vorderwälder- und Hinterwälderrasse*. Landinfo, 3:14–17.

[SAMBRAUS 1999] SAMBRAUS, H. H. (1999). *Gefährdete Nutzierrassen*, Bd. 2. Eugen Ulmer, Stuttgart.

[SAMBRAUS 2001] SAMBRAUS, H. H. (2001). *Farbatlas Nutzierrassen*. Eugen Ulmer, Stuttgart, 6. Aufl.