Abschlussbericht

BLE – Projekt

Monitoring tiergenetischer Ressourcen in Deutschland: Schaf/Ziege

Projekt-Nr.: 514 - 06.01-2808BE001

Auftraggeber:

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer:

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e. V./
Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e. V.
(als Bietergemeinschaft)
Claire-Waldoff-Str. 7
10117 Berlin
Telefon: 030 31904-540
Fax: 030 31904-549
E-Mail: s.voell@bauernverband.net
Ansprechpartner:
Dr. Stefan Völl

Diese Erhebung wurde finanziert vom Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz.

Erstellt durch:

Dr. Stefan Völl
Cornelia Scholz

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e. V. (VDL e. V.) /
Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e. V. (BDZ e. V.)
Claire-Waldoff-Str. 7
10117 Berlin

Dr. Jens Wilkens
Friedrich Reinhardt

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w. V. (vit (Verden))
Heideweg 1
27283 Verden / Aller

Stand: August 2012

INHALTSVERZEICHNIS

ABKÜRZUNGEN **7**

1 EINLEITUNG **11**

1.1 Motivation und Zielsetzung des Projektes **11**

1.2 Kurzbeschreibung des Projektnehmers (VDL/BDZ) und der Projektaufgaben **13**

1.3 Kurzbeschreibung der Projektuntervertragsnehmer **14**

1.3.1 Kurzbeschreibung der Projektuntervertragspartner VDL- und BDZ-Mitgliedsverbände und deren Projektaufgaben 14

1.3.2 Kurzbeschreibung des vit (Verden) und seiner Projektaufgaben 24

2 BESCHREIBUNG DER DURCHGEFÜHRTEN PROJEKTARBEITEN **26**

2.1 Beschreibung der durchgeführten Projektarbeiten bei VDL und BDZ **26**

2.1.1 Die Arbeiten im 1. Projektjahr 26

2.1.2 Die Arbeiten bis zum Abgabetermin 27

2.2 Beschreibung der durchgeführten Projektarbeiten der Projektuntervertragspartner **29**

2.2.1 Beschreibung der durchgeführten Projektarbeiten bei den VDL- und BDZ-Mitgliedsverbänden als Untervertragspartner 29

2.2.2 Beschreibung der durchgeführten Projektarbeiten bei vit (Verden) als Untervertragspartner 32

2.3 Projektarbeiten **32**

2.3.1 Datenaufbereitung – Konzeptionelle Grundlage 32

2.3.2 Datenbasis 33

2.3.3 Gemeinsame Tierdaten 35

2.3.4 Konsolidierung 37

3 POPULATIONSGENETISCHE AUSWERTUNGEN FÜR DAS MONITORING **47**

3.1 Methodenwahl **47**

3.2 Betriebssystem und Programmiersprache **47**

3.3 Monitoring-Ablauf für eine Rasse **48**

3.4 Dokumentation der Methoden und des Verfahrensablaufs **49**

4 BESCHREIBUNG DER METHODEN 50

4.1 Auswahl der Monitoring-Ausgangspopulation 50
4.2 Pedigreevollständigkeit 51
4.3 Mittleres Generationsintervall 52
4.4 Inzuchtentwicklung über Jahre und effektive Populationsgröße 53
4.5 Entwicklung der mittleren Genanteile über Jahre 55
4.6 Gründertiere und Verwandtschaft zur aktuellen Population 56
4.7 Wichtigste Ahnen und Verwandtschaft zur aktuellen Population 56
4.8 Effektive Anzahl Gründertiere und effektive Anzahl Ahnen 56
4.9 Verwandtschaftsstruktur in der aktiven Zuchtpopulation 58
4.10 Literaturhinweise 59

5 BEWERTUNG DES PROJEKTES 61

5.1 Datengrundlage 61
5.2 Mitarbeit der Verbände 63
5.3 Mitarbeit von vit (Verden) 63
5.4 Genetisch-statistische Auswertungen zum Monitoring 64
5.5 Erreichte Projektziele 65
5.6 Nicht erreichte Projektziele 66

6 WEITERES VORGEHEN UND AUSBLICK 67

6.1 Abschluss-Workshop mit Zuchtverbänden und Auftraggeber BLE 67
6.2 Lieferung von Einzeltierdaten ausgewählter Rassen 67
6.3 Zukünftige Durchführung des genetischen Monitorings 67
6.4 Aufwand und Kosten 68

7 ZUSAMMENFASSUNG 71

8 SUMMARY 78

9 DANKSAGUNG 82

10 ERKLÄRUNG 84

11 ANHANG 85

Prozess-Ablauf-Dokumentation 85
Rasseberichte 85

Abkürzungen

ADR Arbeitsgemeinschaft deutscher Rinderzüchter e. V.

ADT Arbeitsgemeinschaft deutscher Tierzüchter e. V.

BB Berlin- Brandenburg

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e. V.

BDZ Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e. V.

BEO Beobachtungspopulation

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e. V.

BLE Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

BMELV Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz

BW Baden-Württemberg

BY Bayern

bzw. beziehungsweise

csv Comma-separated values

d.h. das heißt

Dipl. Agr. Ing. Diplom Agraringenieur

Dr. Doktor

EDV Elektronische Datenverarbeitung

ERH Erhaltungspopulation

Etc. et cetera

e.V. eingetragener Verein

GEH Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e. V.

gestzl. gesetzlich

HB Herdbuch

HE Hessen

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e. V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e. V.

IBV Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt e. V.

i. d. R. in der Regel

i.e. for example (Englisch)

LfL Landesanstalt für Landwirtschaft

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e. V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e. V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e. V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e. V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e. V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e. V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e. V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e. V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e. V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e. V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e. V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e. V.

MV Mecklenburg-Vorpommern

MwSt. Mehrwertsteuer

NG nicht gefährdet

NI Niedersachsen

NW Nordrhein-Westfalen

o. g. oben genannt

Oldenburg i. Olbg. Oldenburg in Oldenburg

PCI Pedigree Completeness Index

PERH Phänotypische Erhaltungspopulation

Prof. Professor

RP Rheinland-Pfalz

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb. Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

SH Schleswig-Holstein

SH-S Landesverband Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SN Sachsen

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

ST Sachsen-Anhalt

stellv. stellvertretende/r

Str. Straße

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

TGRDEU Zentrale Dokumentation Tiergenetischer Ressourcen

TH Thüringen

u. a. unter anderem

VDL Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V.

vit Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w. V**.**

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

z.B. zum Beispiel

zzgl. zuzüglich

z. T. zum Teil

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Einleitung

1.1 Motivation und Zielsetzung des Projektes

Die Zucht der Nutztierrassen (Rind, Schaf/Ziege, Schwein, Pferd) wird in Deutschland durch das Tierzuchtgesetz einheitlich geregelt. Seit der Neuregelung des Tierzuchtgesetzes im Dezember 2006 kommt dem Erhalten der genetischen Vielfalt mehr Bedeutung zu. Dieser Aspekt bezieht sich nicht nur auf die Erhaltung möglichst vieler unterschiedlicher Rassen. Genetische Diversität kann auch innerhalb intensiv selektierter Nutztierpopulationen verloren gehen. Hohe Selektionsintensitäten und/oder die Nutzung nur weniger Elterntiere, vor allem auf der männlichen Seite bedingt durch die Zucht auf wirtschaftlich relevante Kriterien, können zu „genetischen Verengungen“ führen.

Die Neufassung des Tierzuchtgesetzes sieht in §§ 9 –11 vor, dass die Tierzuchtorganisationen zur Bereitstellung von Angaben zur Bewertung der genetischen Vielfalt der unter das Gesetz fallenden Tierarten verpflichtet werden können und diese Angaben an die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) zu übermitteln sind. Entsprechende Angaben sind im Rahmen eines kontinuierlichen Monitorings zukünftig regelmäßig zu ermitteln und auszuwerten. Zur Erarbeitung eines Konzeptes für ein solches Monitoring, auf dessen Grundlage dann Strategien für die langfristige und effiziente Erhaltung tiergenetischer Ressourcen in Deutschland entwickelt werden können, benötigt das Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) einen Statusbericht über die genetische Struktur und den Gefährdungsgrad der in Deutschland heimischen Rassen. Dazu ist es erforderlich, eine möglichst vollständige Erhebung der bei den Tierzuchtorganisationen verfügbaren relevanten Daten dieser Rassen und deren aussagekräftige Aufbereitung durchzuführen. Die erhobenen Daten müssen im Sinne des Nationalen Fachprogramms für die Zentrale Dokumentation Tiergenetischer Ressourcen (TGRDEU) des Informations- und Koordinationszentrums für Biologische Vielfalt (IBV) der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung in einer mit dem IBV abgestimmten Form bereitgestellt und dort für die Behörden des

Bundes und der Länder, die Tierzuchtorganisationen, Fachgremien und die interessierte Öffentlichkeit zugänglich gemacht werden.

Im Rahmen des Projektes ist in zwei aufeinanderfolgenden Jahren ein genetisches Monitoring von Schaf- und Ziegenpopulationen durchzuführen. Die erstjährige Datenerfassung und genetische Analyse dient insbesondere der Einrichtung und Erprobung des Verfahrens. Die im zweiten Jahr durchzuführende Erfassung soll eine aktuelle und vollständige Übersicht der Rassen und ihrer eventuellen Gefährdungsstufen (Phänotypische Erhaltungspopulation (PERH), Erhaltungspopulation (ERH) und Beobachtungspopulation (BEO)) in Deutschland ermöglichen.

Um diese Zielsetzung zu realisieren, hat der Projektgeber (BLE) das Projekt „Monitoring tiergenetischer Ressourcen in Deutschland: Schaf/Ziege“ (Projektnummer: 514 -06.01-2808BE001)“ ausgeschrieben.

Die Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e. V. (VDL) und der Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e. V. (BDZ) haben als Bietergemeinschaft den Zuschlag für das Projekt erhalten.

Zwischen der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung und der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e. V. sowie dem Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e. V. wurde im Dezember 2009 ein Dienstleistungsvertrag abgeschlossen u. a. mit folgendem Vertragsgegenstand:

„[…] Vertragsgegenstand ist die Durchführung zweier Erhebungen in zwei aufeinanderfolgenden Jahren von Populationsdaten aus der Herdbuchzucht aller heimischen Schaf- und Ziegenrassen zur Ermittlung populationsrelevanter Daten sowie zur Etablierung von Erfassungsroutinen für ein dauerhaftes Monitoring […]“

Dabei wurde ein Zeitfenster von 30 Monaten eingeräumt.

1.2 Kurzbeschreibung des Projektnehmers (VDL/BDZ) und der Projektaufgaben

Die VDL ist die Dachorganisation aller Landesschafzuchtverbände im Bundesgebiet. Der BDZ ist die bundesweite Dachorganisation aller Ziegenzuchtverbände. VDL und BDZ sind damit die Spitzenorganisationen der deutschen Züchtervereinigungen für Schafe und Ziegen und unterbreiteten das Angebot als Bietergemeinschaft.

Zu den Aufgaben von VDL und BDZ zählen im Einzelnen:

- Wahrnehmung der berufsständischen Interessenvertretung der deutschen Schaf- und Ziegenhalter und -züchter mit den Landesschafzuchtverbänden.
- Interessenvertretung gegenüber anderen landwirtschaftlichen Organisationen wie z. B.
    - Deutscher Bauernverband (DBV),
    - Arbeitsgemeinschaft Deutscher Tierzüchter (ADT).
- Beratung der
    - europäischen Behörden,
    - obersten Bundesbehörden,
    - landwirtschaftlichen Zentralorganisationen und
    - sonstigen Wirtschaftsverbände und Einrichtungen

  in Fragen der Schafzucht und -haltung und der Verwertung ihrer Erzeugnisse und Leistungen.
- Ausarbeitung und Durchführung einheitlicher Bestimmungen für
    - die Zuchtbuchführung,
    - das Anerkennungs- und Ausstellungswesen,
    - die Leistungsprüfungen und
    - das Ausbildungswesen der in der Schafzucht und -haltung tätigen Personen.
- Förderung der Leistungsbereiche in der Schafwirtschaft wie Lammfleisch-, Woll- und Milchproduktion und Verbesserung der Tiergesundheit.
- Mitwirkung und Unterstützung bei Forschungsprojekten.

- Durchführung verbandsinterner Fortbildungsveranstaltungen zu aktuellen Themen der deutschen Schafzucht und der gesamten Schafwirtschaft.
- Vertretung der deutschen Schafzucht im Ausland.

VDL/BDZ sind für die bundesweite Koordination der durchzuführenden Arbeiten im Zusammenhang mit dem Monitoring tiergenetischer Ressourcen sowie die Einhaltung aller im Vertrag geregelten Vereinbarungen zuständig. Sie sind auch Schaltzentrale bei auftretenden Fragen zwischen allen Vertragspartnern sowie dem Projektträger und dem BMELV.

Die speziellen Aufgaben von VDL und BDZ als Auftragnehmer sind im weiteren Verlauf näher beschrieben und wurden im Rahmen des Projektgenehmigungs-verfahrens und der Vertragserstellung zusätzlich konkretisiert.

1.3 Kurzbeschreibung der Projektuntervertragsnehmer

Für die Durchführung des Projektes konnte erfreulicherweise auf die Zuarbeit von Projektuntervertragspartnern zurückgegriffen werden.
Zum einen sind es alle Landesschaf- sowie auch Landesziegenzuchtverbände als anerkannte Züchtervereinigungen, die zudem Mitglied von VDL bzw. BDZ sind. Zum anderen ist der anerkannte EDV-Dienstleister im Bereich der Tierproduktion in Deutschland vit (Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.) in das Projekt eingebunden.

1.3.1 Kurzbeschreibung der Projektuntervertragspartner VDL- und BDZ-Mitgliedsverbände und deren Projektaufgaben

Während in einigen Bundesländern Züchtervereinigungen ausschließlich Schafe oder Ziegen abdecken, befasst sich in anderen Bundesländern eine Organisation mit beiden Tierarten. Folglich sind einige Züchtervereinigungen für die Tierart Ziege im BDZ und zusätzlich für die Tierart Schaf in der VDL organisiert. Aus dieser Tatsache ergibt sich nachfolgende Zusammenstellung.

Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e. V.

Heinrich-Baumann-Str. 1-3

70190 Stuttgart

Tel.: 0711 1665504

Fax: 0711 1665541

E-Mail: info@schafe-bw.de

Internet: www.schaf-bw.de

Vorsitzender: Alfons Gimber

Geschäftsführerin: Anette Wohlfarth

Zuchtleiter: Dr. Johann-Georg Wenzler

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e. V.

Haydnstr. 11

80336 München

Tel.: 089 536227

Fax: 089 5438596

E-Mail: bhg-schafzucht@t-online.de

Internet: www.derbayerischeschafhalter.de

Vorsitzender: Christian Schleich

Herdbuchführer: Wolfgang Zindath

Zuchtleiter: Dr. Christian Mendel

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e. V.

Kölnische Str. 48-50

34117 Kassel

Tel.: 0561 16984

Fax: 0561 16886

E-Mail: Dagmar.rothhaemel@llh.hessen.de

Internet: www.schafe-hessen.de

Vorsitzender: Reinhard Heintz

Geschäftsführerin: Dagmar Rothhämel

Zuchtleiter: Willi Müller-Braune

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e. V.

Johannssenstr. 10

30159 Hannover

Tel.: 0511 329777

Fax: 0511 3004386

E-Mail: Schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de

Internet: www.schafzucht-niedersachsen.de

Vorsitzender: Joachim Rehse

Geschäftsführer: Mathias Brockob

Zuchtleiter: Klaus Gerdes

Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e. V.

Mars-La-Tour-Str. 6

26121 Oldenburg i. Olbg.

Tel.: 0441 82123

Fax: 0441 8859483

E-Mail: info@schafzuchtverband-weser-ems.de

Internet: www.schafzuchtverband-weser-ems.de

Vorsitzender: Heiko Schmidt

Geschäftsführer: /

Zuchtleiter: Klaus Gerdes

Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e. V.

Bleichstr. 41

33102 Paderborn

Tel.: 05251 32561

Fax: 05251 34393

E-Mail: schafzuchtverband@lwk.nrw.de

Internet: www.schafzucht-nrw.de

Vorsitzender: Burkhard Schmücker

Geschäftsführer: Dr. Ernst Brüggemann

Zuchtleiter: Dr. Ernst Brüggemann

Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e. V.

Peter-Klöckner- Str. 3

56073 Koblenz

Tel.: 0261 91593231

Fax: 0261 91593233

E-Mail: rainer.wulff@lwk-rlp.de

Internet: /

Vorsitzender: Werner Neumann

Geschäftsführer: Rainer Wulff

Zuchtleiter: Rainer Wulff

Landesverband Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e. V.

Steenbeker Weg 151

24106 Kiel

Tel.: 0431 332608

Fax: 0431 35007

E-Mail: info@schafzucht-kiel.de

Internet: www.schafzucht-kiel.de

Vorsitzender: Herbert Tietgen

Geschäftsführerin: Janine Bruser

Zuchtleiterin: Janine Bruser

Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e. V.

Dillinger Str. 67

66822 Lebach

Tel.: 06881 9280

Fax: 06881 928100

E-Mail: poststelle@lwk-saarland.de

Internet: /

Vorsitzender: Manfred Brill

Geschäftsführer: Anton Schmitt

Zuchtleiter: Anton Schmitt

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e. V.

Neue Chaussee 6

14550 Groß-Kreutz

Tel.: 033207 32573

Fax: 033207 54168

E-Mail: lsvbb@online.de

Internet: www.schafzuchtverband-berlin-brandenburg.de

Vorsitzender: Bernd Birkhold-Weise

Geschäftsführer: Jan Greve

Zuchtleiter: Prof. K.-J. Peters

Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e. V.

Zarchliner Straße 7

19395 Plau am See

Tel.: 038738 730-71

Fax: 038738 730-50

E-Mail: schafzucht@rinderzucht-mv.de

Internet: www.schafzucht-mv.de

Vorsitzender: Jürgen Lückhoff

Geschäftsführerin: Dorit Hager

Zuchtleiter: Dr. Sven Grumbach

Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e. V.

Ostende 5

04288 Leipzig

Tel.: 034297 9196-51 / -52

Fax: 034297 919665

E-Mail: sszv_leipzig@sszv.de

Internet: www.sszv.de

Vorsitzender: Detlef Rohrmann

Geschäftsführer: /

Zuchtleiterin: Dr. Regina Walther

Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e. V.

Angerstr. 6

06118 Halle

Tel.: 0345 5214941

Fax: 0345 5214951

E-Mail: Dr.Roesler@lkv-st.de

Internet: /

Vorsitzender: Dirk Papendieck

Geschäftsführer: Dr. Hans-Jörg Rösler

Zuchtleiter: Dr. Hans-Jörg Rösler

Landesverband Thüringer Schafzüchter e. V.

Am Johannishof 3

99085 Erfurt

Tel.: 0361 7498070

Fax: 0361 74980718

E-Mail: lv@thueringer-schafzucht.de

Internet: www.thueringer-schafzucht.de

Vorsitzender: Jens-Uwe Otto

Geschäftsführerin: Margrit Geier

Zuchtleiter: Arno Rudolph

Stader Schafzuchtverband e. V.

Stader Str. 4

27404 Heeslingen

Tel.: 04281 3951

Fax: 04281 80462

E-Mail: stader-schafzuchtverband@hotmail.de

Internet: www.stader-schafzuchtverband.de

Vorsitzender: Dr. Helmut Wilke

Geschäftsführerin: Karin Meggers

Zuchtleiter: Klaus Gerdes

Zuchtverband Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e. V.

Stevede 56

48653 Coesfeld

Tel.: 02541 9689452

Fax: /

E-Mail: herdbuch@schafzuchtverband.de

Internet www.landschafe.de

Vorsitzende: Dr. Sarah Kimmina

Geschäftsführer: Dennis Heming

Zuchtleiterin: Dr. Gunhild Kurt

Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e. V.

Johannssenstr. 10

30159 Hannover

Tel.: 0511 329777

Fax: 0511 3004386

E-Mail: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de

Internet: www.heidschnucken-verband.de

Vorsitzender: Carl Wilhelm Kuhlmann

Geschäftsführer: Mathias Brockob

Zuchtleiter: Klaus Gerdes

Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e. V.

Heinrich-Baumann-Str. 1-3

70190 Stuttgart

Tel.: 0711 1665502

Fax: 0711 1665583

E-Mail: zzv@ziegen-bw.de

Internet: www.ziegen-bw.de

Vorsitzende: Dr. Pera Herold

Geschäftsführer: Bernd Haug

Zuchtleiter: Dr. Johann-Georg Wenzler

Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e. V.

Haydnstr. 11

80336 München

Tel.: 089 537856

Fax: 089 537856

E-Mail: ziegen.bayern@t-online.de

Internet: www.ziegenzucht-bayern.de

Vorsitzender: Rudolf Rogg

Geschäftsführer: /

Zuchtleiter: Dr. Christian Mendel

Hessischer Ziegenzuchtverband e. V.

Am Haingraben 16

35305 Grünberg-Queckborn

Tel.: 06401 5261

Fax: 06401 227686

E-Mail: info@ziegenzucht.de

Internet: www.ziegenzucht.de

Vorsitzender: Hermann Fehrentz

Geschäftsführer: Oliver Schmidt

Zuchtleiter: Willi Müller-Braune

Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e. V.

Mars-la-Tour-Str. 6

26121 Oldenburg

Tel.: 0441 801-639

Fax: 0441 801-634

E-Mail: info@ziegenzucht-nds.de

Internet: www.ziegenzucht-nds.de

Vorsitzender: Holger Dalhoff

Geschäftsführer: Holger Dalhoff

Zuchtleiter: Klaus Gerdes

Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e. V.

Nevinghoff 40

48147 Münster

Tel.: 0251 23768-64

Fax: 0251 2376-521

E-Mail: Ingrid.Simon@lwk.nrw.de

Internet: www.westfalen-ziegen.de

Vorsitzende: Hedwig Eusterwiemann

Geschäftsführerin: Ingrid Simon

Zuchtleiterin: Ingrid Simon

Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e. V.

Halfenslennefe 1

51491 Overath

Tel.: 02204 72425

Fax: 02204 72425

E-Mail: Lrz-rheinland@gmx.de

Internet: www.ziegenzucht-rheinland.de

Vorsitzende: Dr. Gerlinde Jux-Straatmann

Geschäftsführerin: Dr. Gerlinde Jux-Straatmann

Zuchtleiter: Dipl. Agr. Ing. Michael Lucke

Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e. V.

Peter- Klöckner- Str. 3

56073 Koblenz

Tel.: 0261 91593-231

Fax: 0261 91593-233

E-Mail: rainer.wulff@lwk-rlp.de

Internet: www.ziegenzucht-rlp.de

Vorsitzender: Bernd Merscher

Geschäftsführer: Rainer Wulff

Zuchtleiter: Rainer Wulff

Landesverband Schleswig-Holsteinischer Ziegenzüchter e. V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431 332608
Fax: 0431 35007
E-Mail: info@schafzucht-kiel.de
Internet: www.schafzucht-kiel.de
Vorsitzende: Birgit Schulze
Geschäftsführerin: Janine Bruser
Zuchtleiterin: Janine Bruser

Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e. V.
Am Johannishof 3
99085 Erfurt
Tel.: 0361 74980713
Fax: 0361 74980718
E-Mail: thueringer.ziegenzuchtverband@t-online.de
Internet: www.thueringer-ziegen.de
Vorsitzende: Dr. Katja Peter
Geschäftsführerin: Dr. Katja Peter
Zuchtleiter: Arno Rudolph

Es handelt sich bei den o. g. Organisationen um nach dem nationalen Tierzuchtgesetz anerkannte Züchtervereinigungen; im weiteren Verlauf auch Zuchtverbände genannt. Die Aufgaben und Pflichten, die u. a. im Tierzuchtgesetz und den hierauf aufbauenden Rechtsgrundlagen begründet sind, werden erfolgreich und verantwortungsvoll durchgeführt. Die verantwortlichen Vorsitzenden, Zuchtleiter bzw. Geschäftsführer sind in oben angeführter Zusammenstellung aufgelistet.

Es handelt sich im Hauptamt um überwiegend langjährige Fachleute mit der Ausbildung zum Diplom-Agraringenieur. In regelmäßig stattfindenden VDL- bzw. BDZ- Unterredungen und -Gremiensitzungen findet ein fachlicher

Gedankenaustausch bzw. eine Weiterbildung in allen aktuellen Fragen der Tierzucht statt, so auch für dieses Projekt.

Die Zuchtverbände verfügen über den historischen und aktuellen Zuchtdatenpool, der für das o. g. Projekt erforderlich ist. Folglich kann nur unter Einbindung dieser eine effiziente und allumfassende Datenerhebung und -lieferung sichergestellt werden.

Da die für das Projekt relevanten Daten zu Beginn des Projektes dezentral und zudem überwiegend auch räumlich nach den einzelnen Zuchtgebieten in den Herdbuchprogrammen der jeweiligen Züchtervereinigungen erfasst sind, müssen diese Daten in einem ersten Schritt zentral eingelesen und erfasst werden. Anschließend müssen sie zusammengeführt und dabei bereinigt und konsolidiert werden.

Aufgabe der Züchtervereinigungen ist es, die Daten in einer mit elektronischen Datenverarbeitungssystemen nutzbaren Form zur Verfügung zu stellen und beim Einlesen und insbesondere Bereinigen und Konsolidieren fachliche Hilfeleistung sicherzustellen.

Ferner ist ihre Hilfe auch für die Lieferung bzw. Verfassung von Informationen und Texten rund um die jeweiligen Rassen, wie z.B. Zuchtgeschichte, Rassebeschreibung etc. erforderlich.

Die o. g. Verbandsvertreter haben jahrzehntelange bzw. langjährige Erfahrung im Bereich der Zuchtarbeit, Zuchtdatenerfassung und -prüfung, Herdbuchführung sowie Entwicklung und Umsetzung genetisch-statistischer Auswertungen in der Schaf- und Ziegenzucht im Rahmen ihres jeweiligen Zuchtprogramms gesammelt.

1.3.2 Kurzbeschreibung des vit (Verden) und seiner Projektaufgaben

vit (Verden) ist ein allgemein bekannter und anerkannter Dienstleister für elektronische Datenverarbeitung (EDV) im Bereich der Tierproduktion in

Deutschland. Das Leistungsspektrum von vit (Verden) umfasst die Entwicklung und Bereitstellung von Datenerfassungsprogrammen, Datentransferlogistik, Datenspeicherung und Auswertung der Daten für das Herdenmanagement und die Tierzucht. Dies gilt für alle landwirtschaftlichen Nutztierarten.

Der Fachbereich „Herdbuchführung“ des vit (Verden) bearbeitet im Projekt die Datenzusammenführung aus den verschiedenen Herdbuchverbänden, die Datenkonsolidierung und die Datenbereitstellung für das genetische Monitoring.

Für die populationsgenetischen Auswertungen im Rahmen des genetischen Monitorings ist der Fachbereich „Biometrie und Zuchtwertschätzung“ des vit (Verden) verantwortlich.
Die speziellen Projektaufgaben des vit (Verden) und die Zeitplanung sind im Projektantrag beschrieben und wurden im Rahmen des Projektgenehmigungsverfahrens und des Dienstleistungsvertrages zusätzlich konkretisiert.

Arbeitstreffen der Projektpartner

Arbeitstreffen am 09.12.2010 in Verden
Das Treffen dient in erster Linie der Abstimmung folgender Punkte:

- Zeitplanung,
- Klärung von Detailfragen mit der BLE,
- Kooperationsvertrag,
- zu liefernde Daten,
- Auswertungsmethodik.

Arbeitstreffen am 03.05.2011 in Bonn
Dieses Treffen wird entsprechend den Vorgaben des Dienstleistungsvertrages durchgeführt. Demnach sind der Auftraggeberin unter Beteiligung des IBV spätestens 17 Monate nach Zuschlagserteilung erste Ergebnisse zu präsentieren.

Im Einzelnen werden während des Treffens folgende Themen behandelt:

- Vorstellung erster Monitoring-Berichte an Vertreter der BLE,
- Diskussion von Detailfragen,
- Auswahl der Monitoring-Ausgangspopulation,
- Anforderungen der BLE an Zwischenberichte,
- Weiteres Vorgehen,
- Zeitplanung.

2 Beschreibung der durchgeführten Projektarbeiten

2.1 Beschreibung der durchgeführten Projektarbeiten bei VDL und BDZ

2.1.1 Die Arbeiten im 1. Projektjahr

Für die Umsetzung des Monitorings wurden auf den Vertragsinhalten mit der BLE aufbauend entsprechende Unterverträge mit den Landesschaf- und Landesziegenzuchtverbänden geschlossen. Bis auf einen bundesweit tätigen Verband handelt es sich um Landesverbände bzw. Regionalverbände.

Somit sind alle für das Monitoring relevanten Grunddaten über die Landesschaf- und –ziegenzuchtverbände – wenn auch in unterschiedlicher Qualität – verfügbar.

Nach Abschluss des Untervertrages mit VDL/BDZ beginnt vit (Verden) sofort mit dem Monitoring. Für einige Züchtervereinigungen stellt sich jedoch die Frage nach der „Veröffentlichung von Rohdaten“. Diese wird entschieden abgelehnt, auch aufgrund von negativen Erfahrungen z. B. im Rahmen des Monitorings der Bentheimer Landschafe, als erhobene Daten von Dritten für eine außerverbandliche Zuchtberatung genutzt wurden. Wiederholte Gesprächsrunden zwischen VDL/BDZ, dem Projektträger und dem BMELV sowie schriftliche Rücksprachen mit der BLE stellten schließlich klar, dass die Datenlieferung nur in anonymisierter Form notwendig ist und lediglich eine Auswertung veröffentlicht wird. Die Unterverträge

werden daraufhin durch alle Züchtervereinigungen unterzeichnet. Die Klärung dieses Sachverhalts führt jedoch zu einer sechsmonatigen Verzögerung des Starttermins.

Die ersten Daten werden bei vit (Verden) für einige Verbände bereits kurz nach Projektbeginn eingelesen und konsolidiert. Hierfür wird eine von vit (Verden) erstellte Software genutzt. Die Datenkonsolidierung findet während der Projektlaufzeit kontinuierlich statt.

Seitens VDL und BDZ wird der Vorschlag unterbreitet und umgesetzt, Verantwortlichkeiten für die jeweiligen Schaf- und Ziegenrassen festzulegen; eine Entscheidung, die sich als sehr effizient erweist.

2.1.2 Die Arbeiten bis zum Abgabetermin

Anzumerken ist, dass auch auf die Erfahrungen bzw. Ergebnisse der bisher durchgeführten Monitoring-Vorhaben bei der Thüringer Wald Ziege bzw. beim Bentheimer Landschaf zurückgegriffen wird.

VDL/BDZ baten die Verantwortlichen der GEH, zuständig für o. g. Projekt, das Datenmaterial einschließlich der Auswertungen zur Verfügung zu stellen, damit auf diesen Ergebnissen und Sichtungen bzw. Bereinigungen aufbauend fortgefahren werden kann.

VDL/BDZ achten weiter darauf, dass die noch nicht vorhandenen Daten eingelesen bzw. an vit (Verden) übertragen werden.

In monatlichen Telefonkonferenzen werden der aktuelle Stand, die einzelnen Arbeitsschritte und aufgeworfenen Fragen und Arbeiten sowie neue Arbeitsschritte mit inhaltlicher und zeitlicher Festlegung mit allen Beteiligten – vit (Verden) und VDL-/BDZ- Züchtervereinigungen – besprochen, geklärt bzw. festgelegt; wie beispielsweise zur Herangehensweise bei der Datenkonsolidierung.

Eine für das Projekt abschließende Konsolidierung wird ab Jahresbeginn 2012 verstärkt vorangetrieben. Die Funktionalitäten zur Konsolidierung stehen den Zuchtleitern in den Verbänden zur Verfügung.

Die während der gesamten Projektphase neben den bisher beschriebenen Arbeiten angefallenen Arbeiten von VDL und BDZ sind somit zusammenfassend:

Tabelle 1: Während der Projektphase angefallene Arbeiten von VDL und BDZ

Koordination der Arbeiten und Informationsaustausch zwischen Unterauftragnehmern; d.h. zwischen den Züchtervereinigungen einerseits und zwischen Züchtervereinigungen und vit (Verden) andererseits u. a. sowie zwischen Unterauftragspartner und Projektträger zu den nachfolgenden Arbeiten:
• Informationsbeschaffung
• Datenbank-Aufbau
• Pedigreeüberprüfung
• Beschreibung der Datengrundlage
• Ergebnisaufbereitung
• Beschreibung des Zuchtprogramms
• Erster Testlauf
• Vorstellung und Diskussion der Ergebnisse
• Optimierung und Ergänzung
• Erstellung des endgültigen Verfahrens
• Dokumentation der theoretischen Grundlagen
• Dokumentation Entwicklungsabläufe, Protokolle, etc.
• Dokumentation des Verfahrensablaufes
• Abschätzung des Aufwands für Routine
• Zwischen- und Teilberichte, Gremiendiskussion
• Koordination und Erstellung des Abschlussberichts

Dem Wunsch des Fachbeirates tiergenetischer Ressourcen Rechnung tragend, setzen sich VDL und BDZ dafür ein, im Rahmen des Monitorings die Zuchtverbände auch dafür zu gewinnen, dass sie sich grundsätzlich an der von der VDL bei vit

(Verden) in Auftrag gegebenen Herdbuchdatenbank OviCap beteiligen und so zukünftig für ihre Zuchtarbeit nutzen, da über diese organisatorische Einbindung gewährleistet wird, dass auf der Grundlage dieser Datenbank das Monitoring regelmäßig und mit überschaubarem Aufwand aktualisiert werden kann.

So hat sich erfreulicherweise der Großteil der Verbände für eine Beteiligung an der zentralen Herdbuchdatenbank (OviCap) ausgesprochen und arbeitet erfolgreich damit, während andere Verbände weiterhin ihre autarke Datenbank erhalten und pflegen und – wie im Vertrag definiert – nur die Daten liefern.

2.2 Beschreibung der durchgeführten Projektarbeiten der Projektuntervertragspartner

Nachdem die Unterverträge zwischen VDL/BDZ und den Projekt-untervertragspartnern unterschrieben sind, beginnt die eigentliche Projektarbeit. Dennoch ist es wichtig und im Nachhinein auch ratsam, die mit der Projektdurchführung verbundenen detaillierten Aufgaben exakt festzulegen. Gleichwohl bedarf es eines gegenseitigen Entgegenkommens, beispielsweise hinsichtlich der Erarbeitung der Schnittstellen, um sich nicht zu sehr in formellen Details zu verstricken. Dies ist stets sehr gut gelungen.

2.2.1 Beschreibung der durchgeführten Projektarbeiten bei den VDL- und BDZ-Mitgliedsverbänden als Untervertragspartner

Das Hauptaufgabenfeld der Züchtervereinigungen konzentriert sich auf folgende Aufgabenfelder – und dies über die gesamte Projektdauer hinweg:

- die Sicherstellung der erforderlichen Datenlieferung für die projektrelevanten Rassen,
- Mithilfe bei der Datenkonsolidierung,
- textliche Zuarbeit zu den einzelnen Rassen.

Mit der Bereitschaft zur Übernahme von Verantwortlichkeiten für die jeweiligen Schaf- und Ziegenrassen seitens der einzelnen Zuchtleiter, Geschäftsführer bzw. Fachberater wird folgende Arbeitsfestlegung vorgenommen:

Der Verband mit den meisten Herdbuchtieren einer Rasse hat die Federführung und wird von einem weiteren Verband mit einer größeren Population dieser Rasse unterstützt.

Die federführenden Verbände stellen in der ersten Projektphase in Absprache mit vit (Verden) für die jeweiligen Rassen Zeitpläne auf und motivieren alle weiteren beteiligten Verbände die Konsolidierung zeitnah und stetig weiterzuführen.
Bis Ende Mai 2011 hat vit (Verden) mit jedem Verantwortlichen für die jeweilige Rasse den Konsolidierungsplan einschließlich der entsprechenden Einzelaufgaben sowie den Zeitplan abgestimmt.

Die Koordinatoren zeigen sich sowohl verantwortlich für die Datenkonsolidierung und Qualitätskontrolle der jeweiligen Rasse wie auch für die Lieferung der textlichen Erläuterungen zu den jeweiligen Rassen, wie z.B. Zuchtgeschichte, Zuchtprogramm, Rassebeschreibung etc. Diese Textbeiträge werden während der Erstellung von allen Beteiligten immer wieder gesichtet und bei Bedarf ergänzt.

Tabelle 2: Verantwortlichkeit und Federführung bei der Datenkonsolidierung, Daten-Qualitätskontrolle sowie den textlichen Erläuterungen zu den jeweiligen Rassen

Rasse	**Verantwortung**	**Unterstützung**
Alpines Steinschaf	BY (Mendel)	BW (Wenzler)
Bentheimer Landschaf	Weser-Ems (Gerdes)	NI (Brockob)
Braunes Bergschaf	BY (Mendel)	BW (Wenzler)
Brillenschaf	BY (Mendel)	SH (Bruser)
Coburger Fuchsschaf	HE	NW (Brüggemann)
Graue Gehörnte Heidschnucke	VLH (Brockob)	NW (Brüggemann)
Krainer Steinschaf	BY (Mendel)	BW (Wenzler)
Leineschaf	TH (Geier)	NI (Brockob), SN
Merinofleischschaf	SN	NI (Brockob)
Merinolandschaf	RP (Wulff)	BY (Mendel)
Merinolangwollschaf	TH (Geier)	-
Ostfriesisches Milchschaf	Weser-Ems (Gerdes)	SN
Rauhwolliges Pommersches Landschaf	MV	BB
Rhönschaf	TH (Geier)	HE
Schwarzköpfiges Fleischschaf	NW (Brüggemann)	RP (Wulff)
Skudde	ZVSP	BB
Waldschaf	BY (Mendel)	BW (Wenzler)
Weiße Gehörnte Heidschnucke	Weser-Ems (Gerdes)	NI (Brockob)
Weiße Hornlose Heidschnucke	NI (Brockob)	NW (Brüggemann)
Weißes Bergschaf	BY (Mendel)	TH (Geier)
Weißkopf	Weser-Ems (Gerdes)	SH (Bruser)
Weiße Deutsche Edelziege	HE (Lange)	SN
Bunte Deutsche Edelziege	BW	SN
Thüringer Wald Ziege	TH (Brückner)	GEH, SN
Harzer Ziege	ST	-

2.2.2 Beschreibung der durchgeführten Projektarbeiten bei vit (Verden) als Untervertragspartner

Die gesamte technische Verantwortlichkeit wird von VDL/BDZ in die Hände von vit (Verden) gelegt.

Die einzelnen Arbeiten sind unter Punkt 2.3, 3 und 4 ausführlich erläutert.

2.3 Projektarbeiten

2.3.1 Datenaufbereitung – Konzeptionelle Grundlage

Als Ausgangssituation sind die Herdbuchinformationen aus sehr unterschiedlichen Programmsystemen in eine einheitliche Struktur zu überführen. Durch die parallele Herdbuchführung in den einzelnen Verbänden werden die Tiere teilweise unter unterschiedlichen Herdbuchidentifikationen geführt. Diese Grundlage führt dazu, dass im Vorfeld der Auswertungen zum Monitoring die Tierdatenbasis bereinigt und konsolidiert wird. Diese Arbeiten werden z.B. in der Rinderzucht über Jahre in der zentral organisierten Herdbuchführung durchgeführt. In der Schaf- und Ziegenzucht ist diese Konsolidierung der Daten integraler und notwendiger Bestandteil der Auswertungen.

Folgende Vorteile ergeben sich für die Einbindung der Züchtervereinigungen in das gemeinsame Herdbuchführungssystem für das Monitoring:

- Die Konsolidierung kann nur mit den entsprechenden Kenntnissen der Zuchtverbände und deren Herdbuchführern und Zuchtleitern durchgeführt werden.
- Die Konsolidierungsmaßnahmen können nachhaltig an zentraler Stelle bearbeitet und kontrolliert werden.
- Informationen aus den Auswertungen zum genetischen Monitoring können im Herdbuchsystem genutzt werden, um die Konsolidierung zu unterstützen und zu bestätigen.

2.3.2 Datenbasis

Alle in Deutschland anerkannten Zuchtverbände für Schafe und Ziegen stehen für die Datenlieferung zur Verfügung.

Von 26 anerkannten Zuchtverbänden für Schafe und Ziegen sind 21 in die zentrale Herdbuchdatenbankführung von VDL und BDZ eingebunden:

- Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
- Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
- Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.
- Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.
- Stader Schafzuchtverband e.V.
- Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.
- Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.
- Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.
- Landesschafzuchtverband Weser-Ems e.V.
- Schafzuchtverband Nordrhein-Westfalen e.V.
- Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
- Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.
- Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.
- Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.
- Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.
- Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.
- Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.
- Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.
- Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.
- Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Für folgende Verbände, die nicht in die zentrale Herdbuchdatenbank eingebunden sind, wird ein Verfahren zur Integration der relevanten Tierdaten in das Gesamtsystem aufgebaut:

- Landesverband Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.
- Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
- Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Die Ziegenzuchtverbände Bayern und Baden-Württemberg werden ein eigenes neukonzipiertes, gemeinsames System aufbauen und nutzen. Diese Verbände liefern über die Schnittstelle, wie sie von der BLE für das Monitoring definiert ist, Informationen zu den entsprechenden Rassen. Dies kann jederzeit wiederholt werden, um eine Aktualisierung des Gesamtbestandes zu erreichen.

Die unten genannten Ziegenzuchtverbände nutzen für ihre Partialdatenbank das Wichmann-Programm. Es ist zu erwarten, dass diese Verbände mittelfristig die Software umstellen. Der Anbieter des Programmsystems dieser Verbände kann nicht die definierte Schnittstelle der BLE bedienen, so dass hier ein Sonderweg zur einmaligen Integration der Daten genutzt werden muss. Eine laufende Einpflege der Daten ist somit noch nicht implementiert, wobei erwartet wird, dass die Notwendigkeit des Datenabgleichs zum Zeitpunkt der vollständigen Integration obsolet wird.

- Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.
- Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

Bei der Erfassung von Abgängen von Tieren muss unterschieden werden zwischen

- dem vollständigen Ausscheiden des Tieres aus der Zucht (i. d. R. ist dies eine Totmeldung)
- und dem Ausscheiden aus dem Zuchtbestand eines Betriebs.

Bei letzterem ist dies häufig mit dem Auftreten des Tieres in einem weiteren Betrieb und damit in einem weiteren Verband verbunden.
Für beide Abgangsmeldungen besteht nicht unbedingt ein Zwang dieser Meldung. In der Vergangenheit wurde deshalb der aktive Bestand an den

erfolgten Ablammmeldungen eines Zuchtjahres gemessen.
Aus diesen Gründen können nur für wenige Tiere Abgangsgründe geliefert werden. Die Angabe des Standortes des Tieres, könnte z.T. genutzt werden, die aktiven Zuchttiere zu identifizieren. Dies ist natürlich nur eine Momentaufnahme, da Besitzer wechseln können. Die Meldung und Erfassung der Besitzwechsel oder Abgänge aus den Betrieben erfolgt zu sehr unterschiedlichen Zeitpunkten im Zuchtjahr (vielfach mit der Meldung der Ablammungen) und wird unterschiedlich intensiv genutzt. Insbesondere in der neuen zentralen Herdbuchführung wird an einem einheitlichen und zeitnahen Vorgehen bei der Erfassung von Besitzverhältnisse gearbeitet. Dies ist vor allen Dingen optimierbar, wenn die Züchter direkt Abmeldungen in das Herdbuchsystem tätigen können. Dieser Entwicklungsprozess ist in Angriff genommen und lässt für zukünftige Auswertungen Verbesserungen erwarten.

2.3.3 Gemeinsame Tierdaten

Es werden die Daten der unterschiedlichen Ausgangsysteme (5) strukturell zusammengeführt. Jeder Verband nutzt innerhalb dieser Strukturen aber seinen eigenständigen Datenpool ohne Zugangsberechtigungen für andere Verbände. Insbesondere in der Rinderzucht für die Holsteins und Fleischrinder hat sich bei vit (Verden) eine gemeinsame Nutzung der Tierstammdaten aller Verbände mit entsprechenden Berechtigungskonzepten bewährt und führt zu der heutigen konsolidierten Datenbasis für populationsgenetische Analysen.

In einem ersten Schritt werden diese Ideen für die gemeinsame Schaf- und Ziegenzuchtdatenbank von VDL und BDZ aufgegriffen. Alle Verbände der zentralen Datenbank von VDL und BDZ haben festgelegte Zugriffsberechtigungen auf alle Tiere im System. Bei Wechsel der Tiere zwischen Verbänden wird ermöglicht, die Tierdaten des abgebenden Verbandes direkt zu nutzen. Eine doppelte Erfassung von Tieren wird somit vermieden, wodurch zukünftige Konsolidierungsmaßnahmen bei solchen Tieren nicht mehr notwendig sind. In Abbildung 1 ist die stetig wachsende Zahl von gemeinsam genutzten Tierdaten zu erkennen.

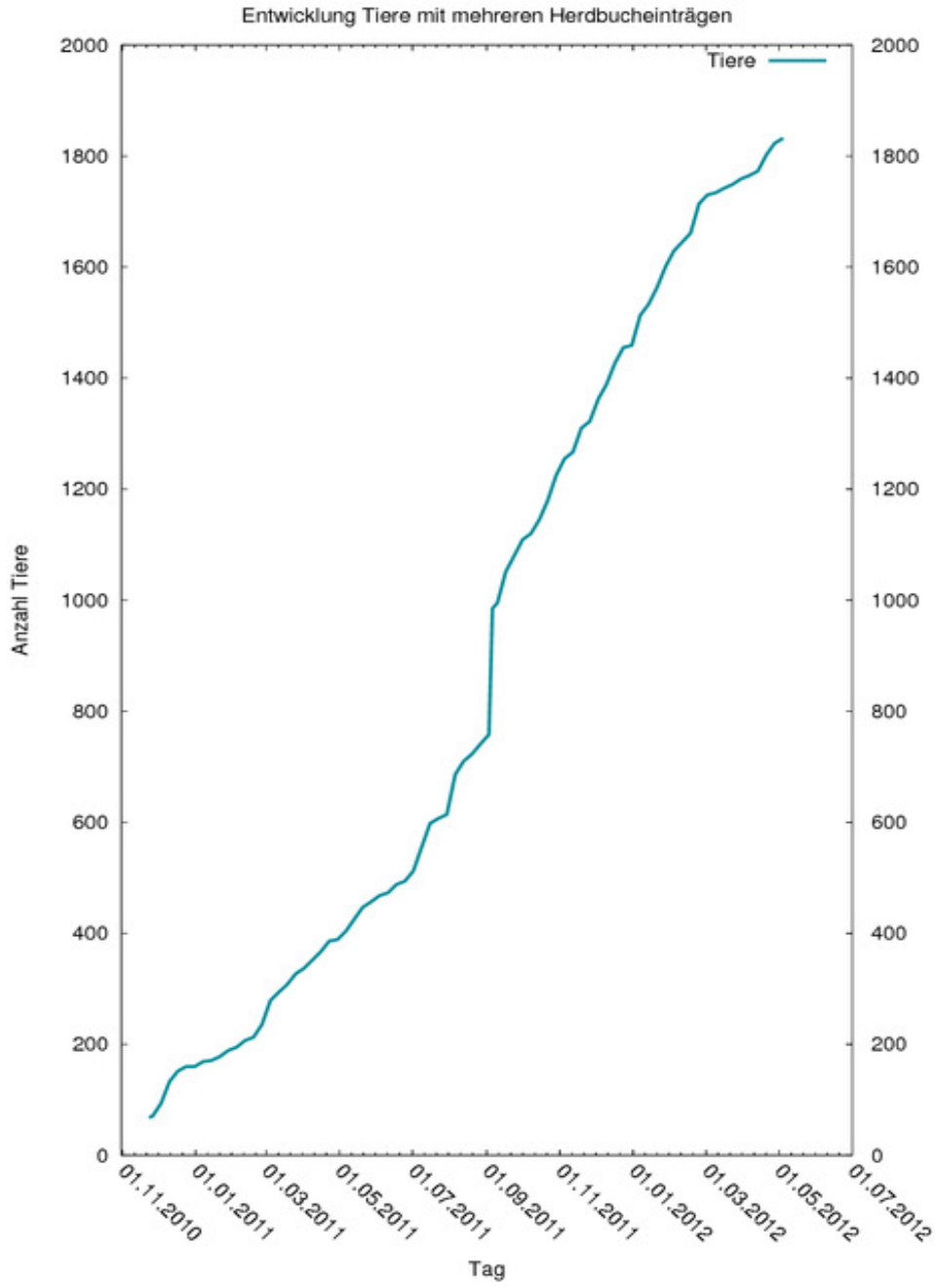


Abbildung 1: In verschiedenen Herdbüchern geführte Tiere, die in der zentralen VDL-/BDZ- Datenbank bei vit (Verden) auf eine eindeutige Tieridentifikation zusammengeführt werden

Doppelte Erfassungen wird es zukünftig nur noch im Bereich der externen Verbände geben. Die Probleme sollten geringer werden, da

- die Identifizierung der Herdbuchtiere in zunehmendem Maße über die einheitliche Viehverkehrsnummer erfolgt,
- auch die Tierstammdaten der externen Verbände in die zentrale Datenbank von VDL/BDZ integriert werden. Ein permanenter Abgleich wird angestrebt und muss finanziell abgesichert werden.

2.3.4 Konsolidierung

2.3.4.1 Der Tierstamm mit Primärtier

Ziel der Konsolidierungsmaßnahmen ist es, in der zentralen Datenbank jedes zuchtrelevante Tier eindeutig und einmalig zu identifizieren. Hierzu wird das Konzept des Tierstamms eingeführt. Tiere, die mehrmals im System identifiziert werden, bilden einen Tierstamm. Innerhalb eines Tierstamms wird die Identifikation aus dem Geburtsverband als Primärtier gekennzeichnet, da davon ausgegangen werden kann, dass der Verband, der die Geburt erfasst, auch die vollständigen Pedigree-Informationen besitzt. Ziel ist es, alle Nachkommen der Mitglieder eines Tierstamms auf das Primärtier umzusetzen. In die genetischen Auswertungen fließen nur die Informationen des Primärtieres ein. Diese Möglichkeit der Zusammenführung von Tieridentifikationen ermöglicht ein schrittweises Vorgehen. Insbesondere wird hierdurch erreicht, dass die speziellen Verbandsinformationen bei den ursprünglichen Tieridentifikationen erhalten bleiben und somit die allgemeine Herdbucharbeit relativ ungestört weitergehen kann.

2.3.4.2 Automatisierte Abläufe

Um die Konsolidierungsmaßnahmen der Zuchtverbände zu unterstützen, wird eine Reihe von Programmen erstellt, die eine automatische Zusammenführung von Tieren und das Setzen der Primärtiere ermöglichen. Diese Programme können wiederholt

durchgeführt werden, so dass bei Integration von weiteren Verbänden und Aktualisierung von Tierdaten aus den externen Verbänden erkennbare Doppelungen bereinigt werden.

Folgende Funktionen werden implementiert:

- Erkennen des Geburtsverbands aus dem Erfassungsverband der Lammung und bei Herdbuchnummern aus der eventuell vorhandenen Verbandskennung in der Nummer sowie entsprechendes Setzen beim Tier,
- Zusammenführung von Viehverkehrsnummern zu einem Tierstamm, wenn die Nummern identisch sind,
- Zusammenführung der Herdbuchnummern zu einem Tierstamm, wenn diese identisch sowie Rasse und Geschlecht gleich sind,
- für Tierstämme, in denen bei einem Tier der Geburtsverband mit dem Erfassungsverband identisch ist, wird das Primärtier gekennzeichnet.

Weitere Informationen zum Grad der Konsolidierung werden zeitabhängig gesammelt und nachfolgend exemplarisch dargestellt.

2.3.4.3 Rassekoordinatoren

Um die Aufgaben der Verbände besser zu koordinieren, werden im Rahmen der von VDL und BDZ vorgenommenen Arbeitssitzungen u.a. in Form von Telefonkonferenzen für jede Rasse aus den Verbänden Rassekoordinatoren bestimmt. Diese stimmen die Konsolidierungsmaßnahmen unter den Verbänden ab, tragen Informationen zu den Rassen zusammen und sind für alle Projektpartner in speziellen Fragen der Ansprechpartner.

2.3.4.4 Stand der Konsolidierung

In Abbildung 2 ist die Entwicklung der Basisdaten für das genetische Monitoring anhand der Elterntiere dargestellt. Im Verlauf der Projektzeit ist ein Anstieg der Tierzahlen bei jeder Integration eines weiteren Verbandes in die zentrale Datenbank ersichtlich.

Die Anzahl der Eltern sinkt bei jedem Umsetzen der Nachkommen auf die Primärtiere ab.

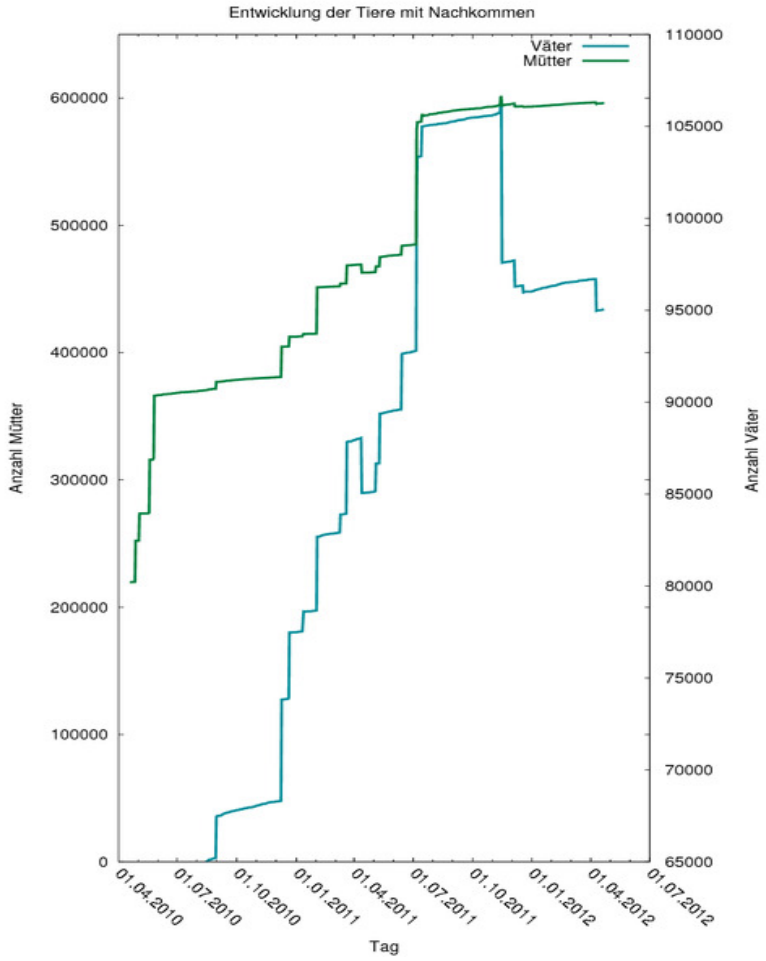


Abbildung 2: Entwicklung der Tierbasis

Die Entwicklung der Datenkonsolidierung, d.h. die Zusammenführung mehrerer Tieridentifikationen zu einem Tierstamm, wird in Tabelle 3 dargestellt. Während bis

Juli 2011 die Zusammenführung zusätzlich durch ein automatisiertes Verfahren im vit (Verden) unterstützt wurde, ist der Anstieg der Tierstämme danach allein aufgrund der Konsolidierung durch die Verbände erfolgt.

Tabelle 3: Entwicklung der Tierstämme

Datum	Gesamt	Väter	Mütter
24.01.2011	5.535	868	1.234
11.04.2011	44.288	14.806	21.790
12.07.2011	92.898	21.180	34.092
29.08.2011	95.617	22.448	35.423
05.09.2011	96.432	22.811	35.782
04.10.2011	97.994	23.542	36.515
07.11.2011	106.891	26.885	40.416
05.12.2011	115.329	21.318	40.003
16.01.2012	117.394	20.367	38.328
30.03.2012	121.337	21.892	40.184
10.04.2012	121.400	20.155	39.009

Tabellen 4 und 5 geben einen Überblick über die Struktur der Tierstämme. Im Durchschnitt sind 2,6 Tieridentifikationen in einem Tierstamm zusammengefasst.

Auch in Tabelle 5 wird deutlich, dass die Mehrzahl der Tiere in zwei bis drei Verbänden erfasst wurde. In einigen Fällen sind aber auch mehrere Verbände beteiligt, wobei es auch innerhalb eines Verbandes unterschiedliche Kennzeichnungen geben kann. Dies betrifft aber vornehmlich Tiere aus älteren Generationen.

Tabelle 4: Kennzahlen zur Tierstammstruktur

Mittlere Anzahl Tiere im Tierstamm	Standard-abweichung	Minimal Anzahl	Maximal Anzahl
2,61	1,2	2	23

Tabelle 5: Anzahl Tierstämme nach Anzahl Tiere im Stamm

Anzahl Tierstämme	Tiere im Tierstamm
28620	2
13552	3
2342	4
951	5
471	6
225	7
167	8
91	9
66	10
46	11
29	12
24	13
15	14
10	15
15	16
12	17
6	18
6	19
3	20
2	21
2	22
1	23

Im Folgenden wird für die einzelnen Rassen ein Überblick über den Stand der Konsolidierung gegeben (Tabellen 6 und 7). Der Aufwand für die Konsolidierung ist stark von der Verteilung der Rassen über die Verbände abhängig. So weisen Rassen in nur wenigen Verbänden eine geringere Anzahl Tierstämme auf, als Rassen, die züchterisch in vielen Verbänden betreut werden (z.B. Schwarzköpfiges Fleischschaf).

Der Anteil der Elterntiere, die in mehreren Verbänden, z.T. mit unterschiedlichen Identifikationsnummern erkannt wurden, kann je nach Rassen bis zu 30 % betragen (Abbildung 3). Auf der weiblichen Seite ist der Anteil geringer, da ein direkter Austausch von Muttertieren zwischen Verbänden seltener stattfindet.

Die Konsolidierungsmaßnahmen führen zu einer Verringerung der Anzahl an Elterntieren. Die Größenordnungen dieser Verminderung sind in Tabelle 5 dargestellt.

Tabelle 6: Stand der Konsolidierung bei den Rassen des genetischen Monitorings

	Gesamt			Vaterseite			Mutterseite		
Rasse	Tiere	Tierstämme	Tiere in Tierstämmen	Väter	Tierstämme	in Tierstamm	Mütter	Tierstämme	in Tierstamm
Alpines Steinschaf	3916	65	154	141	22	22	721	43	43
Bentheimer Landschaf	51933	1077	2742	1134	350	358	9939	625	650
Braunes Bergschaf	28054	132	339	528	61	66	3692	66	90
Brillenschaf	10724	24	55	258	15	19	1871	9	14
Bunte Deutsche Edelziege	59894	4261	11898	3527	831	1493	13741	1954	4110
Coburger Fuchsschaf	96422	1432	3648	2757	552	621	18327	748	848
Graue Gehörnte Heidschnucke	87781	1094	2789	2765	380	405	19950	609	677
Harzer Ziege	4713			76			795		
Krainer Steinschafe	4282	90	199	212	35	35	872	50	53
Leineschaf	56357	675	1432	761	144	174	9530	497	526
Merinofleischschaf	187045	850	1951	2226	326	357	33856	488	612
Merinolandschaf	585471	2670	5775	5696	848	938	91093	1710	1809
Merinolangwollschaf	171523	12	24	1409			31933	2	2
Ostfriesisches Milchschaf	125192	1983	5470	6803	797	864	23330	1058	1124
Rauhwolliges Pommersches Landschaf	60573	1193	3408	1284	347	377	12158	782	849
Rhönschaf	124848	775	1798	1962	368	417	21972	378	423
Schwarzköpfiges Fleischschaf	535295	4809	11667	8787	1624	1868	95160	2895	3169
Skudde	37932	1020	2391	1531	300	316	8967	671	698
Thüringer Wald Ziege	14850	1117	3202	1095	343	460	3479	627	923
Waldschaf	19127	212	464	350	55	58	2849	151	153

Weiße Deutsche Edelziege	80186	5088	14798	3274	800	1363	18031	2400	5123
Weiße Gehörnte Heidschnucke	16283	567	1318	591	145	147	3558	382	383
Weiße Hornlose Heidschnucke	59124	739	1745	1458	260	267	13684	439	474
Weißes Bergschaf	57075	19	39	1064	16	16	7051	3	3
Weißköpfiges Fleischschaf	53384	587	1413	2699	273	277	12707	291	301

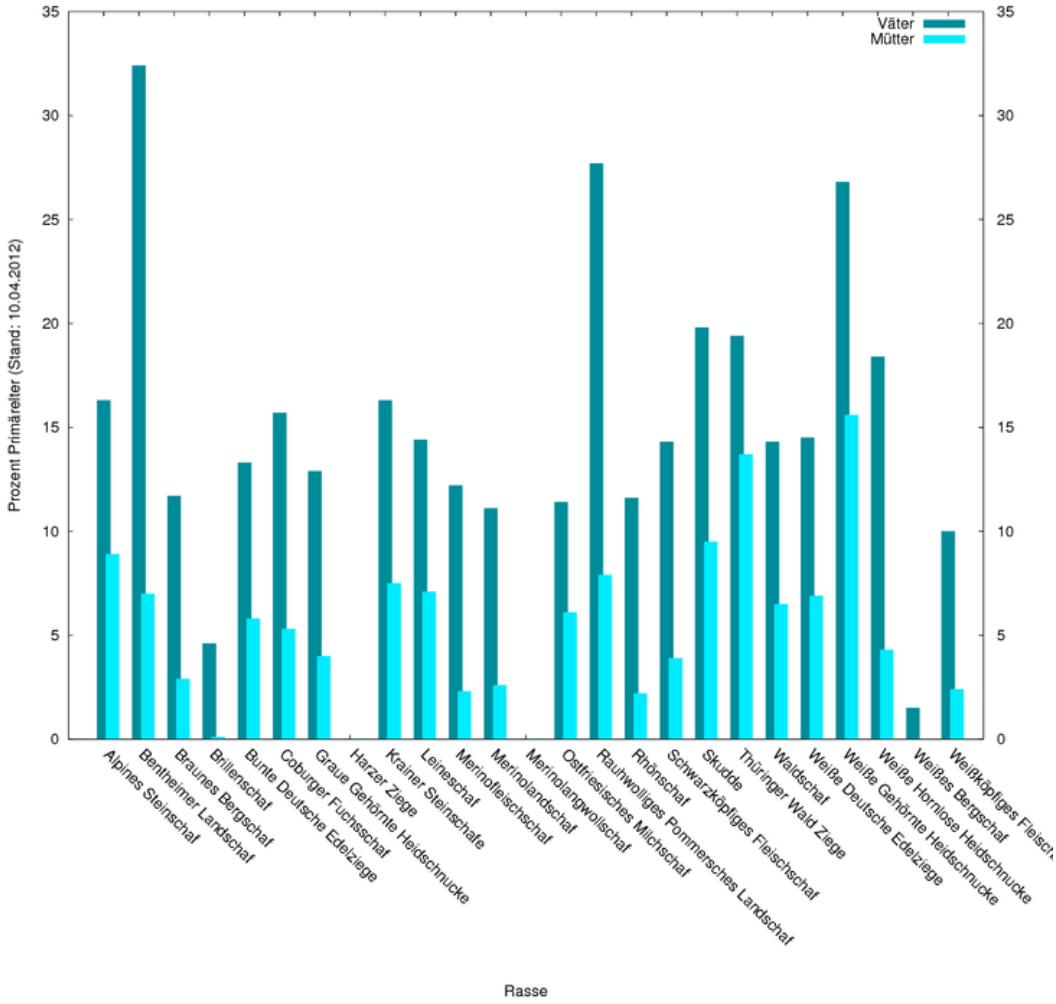


Abbildung 3: Anteil der Primärtiere an den Elterntieren

Tabelle 7: Kennzahlen zu Konsolidierungseffekten

Rasse	Diff.	Gesamt	konsolidiert	Stämme	Primärtiere
Alpines Steinschaf	90	3921	3831	154	65
Bentheimer Landschaf	1746	52053	50307	2742	996
Braunes Bergschaf	220	28130	27910	339	119
Brillenschaf	42	10734	10692	55	13
Bunte Deutsche Edelziege	10640	59904	49264	11898	1259
Coburger Fuchsschaf	2435	96700	94265	3645	1210
Graue Gehörnte Heidschnucke	1838	88170	86332	2789	951
Krainer Steinschafe	117	4307	4190	199	82
Leineschaf	826	56357	55531	1432	606
Merinofleischschaf	1200	187406	186206	1949	749
Merinolandschaf	3338	586109	582771	5775	2437
Merinolangwollschaf	14	171523	171509	24	10
Ostfriesisches Milchschaf	3679	125451	121772	5470	1791
Rauhwolliges Pommersches Landschaf	2338	60712	58374	3408	1070
Rhönschaf	1142	125049	123907	1798	656
Schwarzköpfiges Fleischschaf	7525	535728	528203	11670	4149
Skudde	1426	38119	36693	2390	965
Thüringer Wald Ziege	2509	14874	12365	3202	694
Waldschaf	260	19210	18950	464	204
Weiße Deutsche Edelziege	13264	80228	66964	14798	1535
Weiße Gehörnte Heidschnucke	792	16339	15547	1317	525
Weiße Hornlose Heidschnucke	1059	59172	58113	1744	685
Weißes Bergschaf	21	57118	57097	39	18
Weißköpfiges Fleischschaf	859	53547	52688	1411	552

3 Populationsgenetische Auswertungen für das Monitoring

Die statistischen Methoden, Programme und Programmabläufe sind von vit (Verden) weitgehend aus dem genetischen Monitoring für Rinderrassen (BLE Projekt 07BE001) übernommen. Die Kenntnisse und Erfahrungen aus diesem Projekt machen einen schnellen Projekteinstieg in diesem Teilbereich möglich. Die Funktionalitäten und Programmabläufe werden an die Datenstruktur bei den Schafen und Ziegen angepasst und bezüglich automatisiertem Ablauf weiterentwickelt und optimiert. Zusätzlich werden Programme entwickelt, um weitere Aussagen zur Verwandtschaft der aktiven Zuchtpopulation und Empfehlungen zu zukünftigen Zuchtprogrammen machen zu können.

3.1 Methodenwahl

Die Auswahl der anzuwendenden genetisch statistischen Methoden orientiert sich an entsprechenden Untersuchungen in Rinderpopulationen (BLE Projekt 07BE001, Abschlussbericht), die vom vit (Verden) und der LfL Bayern 2009/2010 durchgeführt werden. Die Umsetzung der gewählten Methoden und Verfahren in Programmen findet in Eigenregie von vit (Verden) statt.

Für die wichtigsten Verfahrensschritte werden die verwendeten Methoden und Vorgehensweisen in Kapitel 3 beschrieben.

3.2 Betriebssystem und Programmiersprache

Das Programmsystem läuft im vit (Verden) auf einer LINUX-Plattform. Der gesamte Verfahrensablauf ist durch LINUX-Skripte weitestgehend automatisiert. Die Datenprüfung, Datenaufbereitung, Berechnung tierindividueller Werte sowie die Analyse populationsspezifischer 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.

3.3 Monitoring-Ablauf für eine Rasse

Die Entwicklung und Anpassung des Verfahrens (Programme und Job Stream) erfolgt hauptsächlich mit den Daten von fünf Rassen. Anschließend werden die Programme auf sämtliche andere Rassen angewendet und überprüft. Der gesamte Ablauf ist in der Anlage „Prozess-Ablauf-Dokumentation“ ausführlich beschrieben und lässt sich in folgende Schritte gliedern:

- Extraktion der aktiven aktuellen Zuchtpopulation, d.h. aller lebenden reinrassigen Elterntiere, die in den letzten 7 Jahren geboren sind,
- Heraussuchen, Prüfen und Kodieren aller Ahnen der aktiven Zuchtpopulation, wobei Ahnen bis maximal 1950 zurück gesucht werden und ein Pedigree-Zweig mit einem Ahnen einer fremden Rasse abbricht,
- Berechnung des Pedigree-Vollständigkeitsindex (PCI) und Auswahl der Ausgangspopulation und deren Ahnen für das genetische Monitoring,
- Berechnung der mittleren Generationsintervalle,
- Berechnung der Inzuchtkoeffizienten und Rasseanteile aller Tiere,
- Heraussuchen der wichtigsten Founder (Gründertiere) und Berechnung ihres mittleren Genanteils in der aktiven Zuchtpopulation, daraus Ableitung der effektiven Gründertiere (f_e),
- Berechnung der effektiven Populationsgröße (N_e) unter Verwendung der Inzuchtkoeffizienten von Tieren, geboren seit 1990, mit einem PCI > 0.70 bezogen auf 4 Ahnengenerationen,
- Berechnen der marginalen Genanteile einflussreicher Ahnen in der Rasse und Ableitung der effektiven Ahnen (f_a) einer Population bzw. Erkennung von „Bottle Neck“-Effekten inklusive Auflistung der wichtigsten Ahnen,
- Berechnung der mittleren Verwandtschaft aller noch verfügbaren Vatertiere mit den noch lebenden Muttertieren in der aktiven Zuchtpopulation zur Ableitung von Anpaarungsempfehlungen in zukünftigen Zuchtprogrammen.

Die Programme werden zunächst einzeln entwickelt und getestet. Danach werden sie zu einem automatischen Programmablauf (Job Stream) verbunden und als Gesamtablauf noch einmal geprüft, da jeweils nachfolgende Programme sich der relevanten Zwischenergebnisse vorhergehender Programme bedienen.

3.4 Dokumentation der Methoden und des Verfahrensablaufs

Eine umfassende Dokumentation der fachlichen Grundlagen des Monitoring-Verfahrens wird erstellt (siehe Kapitel 3 in diesem Schlussbericht).

Parallel zur Einrichtung des Monitorings wurde eine Verfahrens- bzw. Prozess-Ablauf-Dokumentation (siehe Anlage Prozess-Ablauf-Dokumentation) erstellt. In dieser sind alle Schritte des Monitorings, sowie alle Programme und Linux-Skripte ausführlich beschrieben.

Die Beschreibung konzentriert sich auf folgende Punkte:

- EDV-technische Organisation des Job Streams,
- Sequenz der Reihenfolge der Einzelprogramme,
- Nötige Eingabeparameter für die einzelnen Programme,
- Input-/Output-Management für die Programme,
- Beschreibung der Prüf- und Kontrollwerte in den Protokollfiles,
- Beschreibung der Kennwerte in den Ergebnisfiles.

Diese Verfahrensbeschreibung ist letztendlich ein Handbuch für die Anwendung und den technischen Ablauf des aktuellen Standes des Monitorings im vit (Verden).

4 Beschreibung der Methoden

4.1 Auswahl der Monitoring-Ausgangspopulation

Die Definition der aktuell verfügbaren aktiven Zuchtpopulation und der zugehörigen Ahnen sind von zentraler Bedeutung für die nachfolgenden Analysen des genetischen Monitorings und die Interpretation der Ergebnisse. Dieser Schritt der Datenauswahl soll daher der Dokumentation der eigentlichen genetisch-statistischen Methoden vorangestellt werden.

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen werden zunächst alle bei der von VDL und BDZ über vit (Verden) aufgebauten Datenbank registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. Als Ausgangstiere für das genetische Monitoring werden die aktuell noch lebenden, zwischen 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) und 2009 geborenen, reinrassigen, bereits als Eltern registrierten HB-Tiere der Population bezeichnet. Der Begriff „Ausgangspopulation“ wurde hier gewählt, da von diesen Tieren ausgehend alle bekannten Ahnen gesucht werden. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. aktuell verfügbare Zuchtpopulation betrachtet.

Für diese noch lebenden Eltern werden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring-Population B bezeichnet.

Als nächster Schritt kommt nun die Vollständigkeit der Pedigreeinformationen der aktuell verfügbaren Zuchtpopulation (noch lebende Elterntiere) ins Spiel.

4.2 Pedigreevollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vorliegt. Zur Berechnung des Inzuchtkoeffizienten eines Tieres werden alle bekannten und plausiblen Ahnen eines Tieres verwendet. Es wird nicht nach x Generationen abgeschnitten. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und daher vergleichbar sind. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "Pedigree Completeness Index" (PCI) nach Mac Cluer et al. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt. Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k), wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 * (4 * I_{pat} * I_{mat}) / (I_{pat} + I_{mat})$$

mit $$I_{pat/mat} = \frac{1}{k}\sum_{i=1}^{k} a_i$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI von 1, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die beiden Kenngrößen „Anzahl Ahnen auf der Vaterseite und auf der Mutterseite“ würden die Informationsgrundlage zur Berechnung des Inzuchtkoeffizienten nur unvollständig und zum Teil irreführend wiedergeben. Entscheidend ist neben der Anzahl Ahnen auf beiden Seiten, an welcher Pedigreeposition wir bekannte Ahnen haben. Dies wird im PCI berücksichtigt.

Beispiele: (PCI bezogen auf 4 Ahnengenerationen)

Tier A: Anzahl Ahnen Vaterseite: 1000	Anzahl Ahnen Mutterseite: 0	PCI: 0,00
Tier B: Anzahl Ahnen Vaterseite: 15	Anzahl Ahnen Mutterseite: 15	PCI: 1,00

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI > 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit können jedoch nicht definiert werden, da ansonsten noch weniger Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig bleiben.

Diese verbleibenden lebenden Elterntiere mit einem PCI > 0,70, bezogen auf 4 geforderte Ahnengenerationen, und deren Ahnen werden dann als Monitoring-Population C definiert und werden für die Schätzung der effektiven Populations-größe, der effektiven Gründertiere und der effektiven Ahnen verwendet.

4.3 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können.

Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

Väter ➔ Väter
Mütter ➔ Väter
Väter ➔ Mütter
Mütter ➔ Mütter

berechnet werden. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden.

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

4.4 Inzuchtentwicklung über Jahre und effektive Populationsgröße

Der Inzuchtkoeffizient (F) eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen) und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \Sigma(1/2)^{nv+nm+1} * (1 + F_A)$$

mit

F_i	Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)
F_A	Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)
nv	Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite
nm	Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen im Pedigree.

Leistungsfähige und effiziente Programme sind verfügbar, um auch in großen intensiv züchterisch bearbeiteten Populationen (mit entsprechend tiefen Pedigreeinformationen) Inzuchtkoeffizienten für alle Tiere zu berechnen. Diese Programme werden als Routineanwendung implementiert und angepasst.

Der relative Inzuchtzuwachs (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden:

$$\Delta F = (F_t - F_{t-1}) / (1 - F_{t-1})$$

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (PCI) einer definierten Mindestanforderung entsprechen.

$$Log_e(1-F_i) = b * t_i + e$$

Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe

muss mit dem mittleren Generationsintervall multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = 1 / (2 * \Delta F)$$

4.5 Entwicklung der mittleren Genanteile über Jahre

Programme zur statistischen Auswertung der Veränderung der mittleren Rasseanteile über Jahre in einer Zuchtpopulation werden entwickelt. Der Herkunfts- bzw. Rasseanteil baut sich dabei strikt über die Ahnengenerationen aus den Rasseangaben der Founder- bzw. Gründertiere auf.

$$RA_{ij} = ½ (RA_{vj} + RA_{mj})$$

mit

RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

D. h., der Genanteil des Tieres (i) bezüglich Herkunftsrasse (j) berechnet sich jeweils als Durchschnitt der entsprechenden Genanteile der beiden Eltern. Die Summe aller Herkunftsgenanteile addiert sich zu 1.

Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können nur der prozentuale Genanteil der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden, da die Pedigrees nur ganz selten auf Ahnen anderer Rassen auslaufen. Dies ist darauf zurückzuführen, dass in den Herdbuchsystemen bisher nur Tiere der eigenen Rasse geführt werden und eventuell eingekreuzte Tiere anderer Rassen nicht registriert wurden. Aufgrund dieser Datengrundlage resultieren fast

immer 100 % Genanteil der eigenen Rasse. Taucht ein Ahne mit einer anderen Rasse auf, dürfte dies eher ein Datenfehler sein.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile in der Monitoring-Ausgangspopulation C wird tabellarisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

4.6 Gründertiere und Verwandtschaft zur aktuellen Population

Als Gründertiere (= Founder oder Basistiere) der Monitoring-Ausgangspopulation C werden diejenigen bekannten bzw. noch registrierten Ahnen bezeichnet, bei denen die Pedigrees auslaufen. In der Verwandtschaftsmatrix der Monitoring-Population C sind dies die Tiere, von denen keine Eltern mehr bekannt sind und die damit selbst untereinander nicht mehr verwandt sind. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zu den Tieren der Monitoring-Ausgangspopulation C identifiziert werden.

4.7 Wichtigste Ahnen und Verwandtschaft zur aktuellen Population

Mittels derselben Methodik können die Ahnen mit dem höchsten (marginalen) genetischen Einfluss auf die Monitoring-Ausgangspopulation identifiziert werden. Bei besonders dominanten Ahnen können sogenannte „Bottle Neck“ - Effekte (Flaschenhalseffekte) identifiziert werden, d.h. es kann durch diese Tiere eine signifikante genetische Verengung in der Variabilität der Population ursächlich beschrieben werden.

4.8 Effektive Anzahl Gründertiere und effektive Anzahl Ahnen

Die effektive Anzahl der Founder- bzw. Gründertiere (f_e) ist die Anzahl von gleich beitragenden Gründertieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität

erzeugen würden wie in der untersuchten Population. Hat jedes Gründertier denselben Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl der vorkommenden Gründertiere. Hieraus ergibt sich ein direkter Zusammenhang zu den Bedingungen der idealen Population.

Je gleichmäßiger die Beiträge der Gründertiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Folgende Formel beschreibt die Berechnung von f_e (Boichard et al., 1997):

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

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 beschreiben somit im Wesentlichen Driftereignisse oder das Ausmaß von Drift (zufälligem Genverlust) zwischen der Basis und der aktuellen Population. Die effektive Anzahl Basis- bzw. Gründertiere kann deshalb auch als drifteffektive Populationsgröße interpretiert werden.

Der Begriff ‚Anzahl Ahnen' wird verwendet, wenn die absolute Anzahl bekannter Ahnen eines Tieres oder die absolute Anzahl bekannter Ahnen aller Tiere der Ausgangstiere gemeint ist.

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 werden die f_a wie folgt:

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

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen 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.

4.9 Verwandtschaftsstruktur in der aktiven Zuchtpopulation

In gefährdeten Rassen sind in der Regel nur noch wenige Elterntiere, die zudem noch miteinander mehr oder weniger verwandt sind, für die Erhaltung der Population verfügbar. Um die noch vorhandene genetische Variabilität bestmöglich zu erhalten bzw. die Inzuchtentwicklung zu minimieren, ist daher eine populationsweite spezielle Anpaarungsplanung nötig, um möglichst nicht verwandte Tiere miteinander zu verpaaren. Dazu müssen die Verwandtschaftsgrade aller verfügbaren Vatertiere zu allen verfügbaren Muttertieren berechnet werden. Bereits eng verwandte Tiere sollten generell nicht verpaart werden. Der mittlere Verwandtschaftsgrad eines Vatertieres zu allen noch verfügbaren Muttertieren ist ein Hinweis, wie stark dieses Vatertier überhaupt für die Weiterzucht eingesetzt werden sollte. Böcke mit einem hohen mittleren Verwandtschaftsgrad sollten – wenn überhaupt – nur noch begrenzt eingesetzt werden. In der Schaf- und Ziegenzucht findet der Bockeinsatz innerhalb der Herde statt. Maßgeblich für den Austausch und Einsatz von Böcken zwischen/in Herden ist daher die Verwandtschaft zu den dort gehaltenen Muttertieren.

In der Verwandtschaftsmatrix (A), die zumindest für kleinere Populationen (< 20.000) halbgespeichert aufgestellt werden kann, ist in den Offdiagonal-Elementen der Verwandtschaftsgrad aller Tiere untereinander zu finden. Der mittlere Verwandtschaftsgrad eines Tieres (z.B. Vatertier) zu einer vorgegebenen Gruppe von Tieren (z.B. alle noch lebenden Muttertiere) ist dann als Mittelwert über alle entsprechenden Offdiagonal-Elemente zu berechnen.

4.10 Literaturhinweise

Eine Übersicht über die wichtigsten relevanten Literaturquellen ist in der folgenden Aufstellung gegeben.

ADR, vit (Verden) und LfL: Endbericht zum BLE-Projekt 07BE001 „Erfassungsprojekt Erhebung von Populationsdaten tiergenetischer Ressourcen in Deutschland: Rind“ (2010).

Bijma, P., Van Arendonk, J.A.M. und J.A. Wooliams (2001): Predicting rates of inbreeding for livestock improvement schemes. J. Animal Science 79, 840-853.

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

Falconer, D.S. und T.F.C. MacKay (1996): Introduction to Quantitative Genetics. Longman, Essex, England.

MacCluer, J.W., Boyce, A.J., Dyke, B., Weitkamp, L.R., Pfennig, D.W. und D.J. Parsons (1983): Inbreeding and pedigree structure in Standardbredhorses. J. Hered. 74:394–399.

Meuwissen, T.H. and A.K. Sonesson (1998): Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding: overlapping generations**.** J. Anim Sci. 1998 76: 2575-2583.

Meuwissen, T.H. (1997): Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. J. AnimSci. 1997 75: 934-940.

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

Roughsedge, T., Brotherstone, S. und P. Visscher (1999): Quantifying genetic contributions to a dairy cattle population using pedigree analysis. Livestock Production Science 60, 359-369.

Sonesson, A.K. und T.H. Meuwissen (2000): Mating schemes for optimum contribution selection with constrained rates of inbreeding. Genet. Sel. Evol. 32: 236-248.

Sorensen, A. C., Sorensen, M. K. und P. Berg (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.

5 Bewertung des Projektes

5.1 Datengrundlage

Es ist festzustellen, dass trotz der schwierigen Ausgangssituation

- sich alle eingebundenen Zuchtverbände zur Mitarbeit im Monitoring in der von der BLE erbetenen und nachgebesserten Form schriftlich bereit erklären (Schafe/Ziegen) und die festgelegten Arbeiten zeitgerecht und fachlich höchst kompetent vornehmen,
- vit (Verden) ebenfalls unter Nutzung der vorhandenen Erfahrungen die Datenübernahme, -konsolidierung und erforderlichen Auswertungen auch mit den nicht in die zentrale VDL-/BDZ- Herdbuchdatenbank eingebundenen Züchtervereinigungen erfolgreich vornehmen,
- nunmehr eine fundierte Plattform zur regelmäßigen Aktualisierung des Monitorings sichergestellt ist.

Begründet wird dies damit, dass

- alle Verbände hinter diesem Projekt stehen und
- zudem diese Aktion auch nur noch bis Ende 2012 im festgelegten finanziellen Rahmen sichergestellt werden kann, da nicht bekannt ist, wie die Zuchtverbände personell ab 2013 aufgestellt sein werden. Vor diesem Hintergrund ist es wichtig gewesen, das Projekt vor der Umsetzung der Reform des Tierzuchtgesetzes fertig zu stellen; und zwar so, dass ein Softwarepaket sowohl hinsichtlich der Datenauswertung und Konsolidierung wie auch der Datenübertragung (direkte Dateneingabe durch die Züchterinnen und Züchter mit stichprobenartiger Kontrolle) vorliegt, damit das Monitoring immer wieder aktualisiert werden kann.

Mit dem durchgeführten Monitoring wird somit auch erreicht, dass die Züchter die Möglichkeit erhalten, ihre Daten regelmäßig selber einzugeben, sofern sie sich an der regelmäßigen Dateneingabe beteiligen. Hierfür bedarf es u. a. zukünftig weiterhin der entsprechenden Schulung.

Dies wird eine Konzentrierung der Züchtervereinigungen mehr auf die Kontrolle anstatt auf die Datenerhebung ermöglichen.

Vor diesem Hintergrund empfehlen VDL und BDZ ferner, dass zukünftige auf Empfehlung des Fachbeirates Tiergenetische Ressourcen beruhende Projekte im Bereich der Zucht bei Schafen und Ziegen nicht in separaten Datenbanken geführt, sondern stets geprüft werden sollte, ob diese Daten nicht in dieser zentralen Datenbank bereits erhoben bzw. vorhanden sind bzw. neue Daten dort zu dem jeweiligen Tier mit eingelesen, gepflegt und ausgewertet werden könnten.

Aufgrund des hohen Automatisierungsgrades der Monitoring-Auswertungen können in unregelmäßigen Abständen Populationen ausgewertet und auch Rückschlüsse auf den Konsolidierungsgrad gezogen und berücksichtigt werden.

Durch die erfolgten Konsolidierungsmaßnahmen in Verbindung mit der bundeseinheitlichen Informationsbasis für die züchterisch betreuten Schaf- und Ziegenpopulationen ist nunmehr eine hervorragende Datengrundlage aufgebaut worden, die zukünftig schnelle Analysen zum genetischen Monitoring erlaubt.
Auch durch die Nutzung der einheitlichen Tieridentifikation über die Individualkennzeichnung gemäß der Viehverkehrsverordnung in der Zuchtarbeit wird die Integration dezentraler Datenbestände vereinfacht.

Zukünftig bedarf es folglich hinsichtlich der technischen Abwicklung keiner größeren Aufwendungen zur Konsolidierung der Datenbestände und auch die vorgenommenen Konsolidierungen sind unter Einbindung der für die Datenlieferung verantwortlichen Züchtervereinigungen grundsätzlich gesichert. Insbesondere im Hinblick auf Analysen bei zukünftigen Generationen wird es zu einer kontinuierlichen Vervollständigung der Informationsbasis kommen, so dass die Aussagekraft der Analysen stetig verbessert wird.

Dies setzt jedoch voraus, dass die Züchtervereinigungen weiterhin eine fundierte und kontrollierte Basisdatenerhebung sicherstellen können. Dies wird jedoch davon abhängen, in welchem Umfang im Zuge der Reform des Tierzuchtgesetzes die personelle Ausstattung der Züchtervereinigungen eingeschränkt oder beibehalten

werden kann. Eine Einschränkung würde strukturelle Veränderungen bei den Züchtervereinigungen und eine empfindliche Einschränkung der Arbeiten bei der gesamten Datenerhebung und -überwachung nach sich ziehen.

Zu beachten ist ferner, dass bei Rassen, die einen Zuchttieraustausch mit ausländischen Populationen erlauben, Maßnahmen ergriffen werden sollten, die einen Informationsaustausch mit den entsprechenden Herdbuchsystemen ermöglichen, damit die Vollständigkeit der Pedigrees dieser ausländischen Tiere optimiert werden kann.

5.2 Mitarbeit der Verbände

Ohne das fachliche Know-How der in der Zuchtarbeit tätigen Personen ist eine Aufarbeitung der historischen Daten im Rahmen der Konsolidierung nicht möglich. Durch die Einbindung aller Fachkräfte der Verbände über das zentrale Herdbuchsystem kann dieses unverzichtbare Wissen erfolgreich in die Aufarbeitung der früheren Generationen einfließen. Weiterhin werden die spezifischen Kenntnisse zu den einzelnen Rassen für die Analysen und Berichte zur Verfügung gestellt. Die gute Zusammenarbeit aller Ebenen der Schaf- und Ziegenzucht ermöglicht letztendlich die erfolgreiche Durchführung des Projektes.

5.3 Mitarbeit von vit (Verden)

Die Zusammenarbeit mit dem Dienstleister vit (Verden) hat sich als positiv dargestellt. Dabei kann auf die Erfahrungen in dieser Fragestellung von vit (Verden) beim Monitoring für den Rindersektor zurückgegriffen werden. Auch die motivierenden Anregungen und Hinweise während der Konsolidierungsphase im Rahmen der von VDL/BDZ vorgenommenen Sitzungen bzw. Telefonkonferenzen bewiesen die fachliche Kompetenz in diesem gesamten Themenfeld.

Wichtig ist in diesem Zusammenhang, dass man bei jeder Frage- und Problemstellung stets einen gemeinsam tragfähigen Lösungsweg entwickelt hat, der auch vertragskonform war.

Zwischen- und Abschlußbericht sind somit nur durch das gute Miteinander und Zusammenspiel aller Beteiligten abschließend möglich.

5.4 Genetisch-statistische Auswertungen zum Monitoring

Die Methodik zur Analyse der noch vorhandenen genetischen Diversität in Schaf- und Ziegenrassen wird im Wesentlichen aus dem entsprechenden Projekt für Rinderrassen übernommen. Die Methodik und der Ablauf muss aber an einigen Stellen angepasst werden. Zusätzlich werden die bestehenden Programme bezüglich Funktionalität erweitert und ein neues Programm (Verwandtschaft) hinzugefügt.

Der vollständige Ablauf, der die Schritte Datenbereitstellung, Datenprüfung, Datenaufbereitung, Berechnung tierindividueller Kennzahlen, genetisch-statistische Analysen zum Monitoring, Berichterstellung und Datenexport an Auftraggeber umfasst, wird weiter optimiert und automatisiert.

Eine realistische Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) aus dem relativen Inzuchtzuwachs in den Populationen ist in der Regel nicht möglich, da die verfügbare Pedigreeinformation (Pedigreevollständigkeit, Pedigreetiefe) nicht gegeben ist. Die alternativ dazu abgeleiteten Kenngrößen „Effektive Foundertiere“ (f_e) und „Effektive Ahnen“ (f_a) sind bei den gegebenen Datenstrukturen zielführender bzw. geben realistischer die aktuelle genetische Situation in den Populationen wieder.

Dieses Ergebnis ist neben den geringen Pedigreetiefen auch mit der speziellen Zuchtsituation bei Schafen und Ziegen zu erklären. Da die Zucht in erster Linie mit Vatertieren im Natursprung innerhalb der Herden abläuft, besteht eine Population quasi aus vielen Subpopulationen. Wenn – wie in der Schaf- und Ziegenzucht bereits praktiziert – ein regelmäßiger Zukauf von möglichst nicht verwandten

Vatertieren in den Herden erfolgt, wird kaum ein Inzuchtanstieg in den Herden festzustellen sein.

Auch wenn nicht alle im Projekt geschätzten genetischen Kenngrößen aussagekräftig sind, kann trotzdem konstatiert werden, dass aus den Ergebnissen in der Regel eine gute Beschreibung der genetischen Situation in den Rassen möglich ist und entsprechende Empfehlungen für die weitere züchterische Bearbeitung der Rassen gemacht werden können.

Mit den geschätzten Kenngrößen liegen nun auch erstmals Begründungen für die beobachteten genetischen Entwicklungen in einer Rasse vor. Auch daraus können Empfehlungen für die weitere züchterische Bearbeitung abgeleitet werden. Seinen eigentlichen Wert wird das genetische Monitoring jedoch erst dann zeigen können, wenn es mit demselben Verfahren regelmäßig durchgeführt wird und damit die Populationsentwicklung kontinuierlich über einen längeren Zeitraum erfasst und beschreibt.

5.5 Erreichte Projektziele

Die folgenden vorgegebenen Projektziele wurden erreicht:

- Während der Projektlaufzeit wird eine konsolidierte und bundesweit umfassende Datenbasis für ein genetisches Monitoring der vorgegebenen Rassen entwickelt.
- Es sind genetisch-statistische Methoden zum Monitoring in Programme und Programmabläufe umgesetzt. Ein weitestgehend automatisierter Programmablauf ist eingerichtet.
- Die Programme und Programmabläufe sind an mehreren Rassen und an wiederholten Läufen innerhalb der Rassen überprüft und getestet.
- Methoden, Programm und Programmabläufe sind ausführlich dokumentiert.

- Für 5 Rassen ist das genetische Monitoring im Abstand von 1,5 Jahren zweimal durchgeführt. Die Ergebnisse sind /werden dem Projektgeber mit dem Zwischenbericht und dem vorliegenden Endbericht mitgeteilt.
- Für alle geforderten Schaf- und Ziegenrassen sind das genetische Monitoring durchgeführt und entsprechende Berichte dem Auftraggeber mit diesem Abschlussbericht übermittelt.
- Mit dem Zwischenbericht sind für 5 Schafrassen Einzeltierdaten in einem definierten Datenformat übergeben. Diese Anforderung kann auch zukünftig erfüllt werden.

5.6 Nicht erreichte Projektziele

Da die Pedigree-Datenstruktur einer definierten aktuellen Zuchtpopulation für die Schätzung der „Effektiven Populationsgröße“ (N_e) über den relativen Inzuchtzuwachs in den meisten Rassen nicht gegeben ist, kann die ursprünglich vorgesehene Methode zur Beschreibung der genetischen Diversität in Schaf- und Ziegenrassen nicht verwendet werden.

6 Weiteres Vorgehen und Ausblick

6.1 Abschluss-Workshop mit Zuchtverbänden und Auftraggeber BLE

Zum Abschluss des Projektes ist noch ein Workshop geplant, in dem die Ergebnisse des „Genetischen Monitoring SCHAF/ZIEGE“ den Zuchtvereinigungen vorgestellt und erläutert werden sollen. Dabei wird u.a. aufgezeigt, inwiefern die gefundenen Ergebnisse für aktuelle zuchtplanerische Entscheidungen relevant sind. Dieser Workshop mit den Verbänden ist für den Herbst 2012 in Planung.

6.2 Lieferung von Einzeltierdaten ausgewählter Rassen

Wie in der Projektausschreibung gefordert und anlässlich des Zwischenberichtes bereits für 5 Rassen praktiziert, können auf Anforderung die Einzeltierdaten, die Grundlage dieses Monitorings waren, an den Projektgeber BLE in den definierten Schnittstellen als EXCEL-Files (csv) in anonymisierter Form, so wie es in der Vertragsnachbesserung vom 11. November 2011 beschrieben wurde, geliefert werden.

6.3 Zukünftige Durchführung des genetischen Monitorings

Eine Wiederholung der Auswertungen zum genetischen Monitoring ist nach vorheriger inhaltlicher wie auch zeitlicher Abstimmung jederzeit möglich und bietet sich aus fachlichen Gründen auch in einem regelmäßigen Turnus insbesondere bei Rassen mit bereits eingeschränkter genetischer Diversität an. Dabei ist ein Abstand von 2 Jahren zwischen den Auswertungen zu empfehlen, um Veränderungen überhaupt registrieren zu können. Eine Ausnahme könnte dann vorliegen, wenn in einem kürzeren Zeitraum eine erhebliche Verbesserung der Datenstruktur/Datengrundlage erreicht wird.

Für eine erneute Durchführung des genetischen Monitorings bedarf es der Abstimmung mit den Züchtervereinigungen, für die sich VDL und BDZ als Koordinatoren empfehlen.

6.4 Aufwand und Kosten

Der Verfahrensablauf für das wiederholte Monitoring einer Population (mit dem im Projekt entwickelten Verfahren) lässt sich wie folgt darstellen, sofern die kompletten Daten weiterhin in der Datenbank vorliegen bzw. zur Verfügung gestellt, gepflegt und damit auch konsolidiert werden:

- Datenexport,
- Datenaufbereitung und Prüfung für das Monitoring,
- Genetisch-statistische Auswertungen,
- Berichterstellung,
- Lieferung Einzeltierdaten.

Kostenschätzung für die Aufrechterhaltung der Urdatenerhebung und Datenkonsolidierung

Die Urdatenerhebung wird weiterhin in dem Maße sorgfältig und kontrolliert vorgenommen, wie es unter der Obhut der Züchtervereinigungen möglich sein wird. Zukünftig können die Züchter stärker in die Datenerhebung und insbesondere Dateneingabe unter Nutzung der entwickelten Schnittstellen eingebunden werden. Es bedarf hier der regelmäßigen Schulung einerseits und der ständigen Überwachung andererseits, damit sich keine Fehler einschleichen. Zudem ist auch zu bedenken, dass sich nicht alle Züchter mit den neuen technischen Medien anfreunden wollen und werden.

Es können für ein erneutes Monitoring folgende Kosten anfallen:

Die Kosten für eine künftige Datenerhebung wurden von der VDL / der BDZ auf dieser und der Folgeseite genannt.

Sie liegen der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung vor.

7 Zusammenfassung

Organisatorisch-technischer Ablauf des Projektes

Die Neufassung des Tierzuchtgesetzes sieht ein Monitoring der genetischen Vielfalt vorgegebener Rassen für landwirtschaftliche Nutztierarten vor. Die entsprechenden Tierzuchtorganisationen sind zur Bereitstellung von Angaben zur Bewertung der noch vorhandenen genetischen Diversität an die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) verpflichtet. Um diese Zielsetzung zu realisieren, hat der Projektgeber (BLE) das Projekt „Monitoring tiergenetischer Ressourcen in Deutschland: Schaf/Ziege“ (Projektnummer: 514 -06.01-2808BE001) ausgeschrieben. Diese Erhebung wurde vom Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) initiiert und finanziert.

Die Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL) sowie de Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter (BDZ) haben den Zuschlag für das Projekt erhalten. Als Projektuntervertragspartner wurden für die Datenlieferung die anerkannten Züchtervereinigungen für Schafe und Ziegen, die gleichzeitig Mitglied von VDL und BDZ sind, ebenso mit eingebunden wie die Vereinigten Informationssysteme Tierhaltung w. V. (vit) in Verden für die Datenaufbereitung und Auswertung, d.h. für die technische Durchführung des Projektes.

Der Projektstart war vertraglich festgelegt für Dezember 2009. Der tatsächliche Beginn verzögerte sich um ca. sechs Monate, da vertragliche Nachbesserungen erforderlich waren, um den Züchtervereinigungen u. a. die Sicherheit zu geben, dass die gelieferten Originaldaten nicht missbräuchlich in falsche Hände gelangen. Die Änderungswünsche wurden dankenswerterweise von der BLE mit Unterstützung des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) aufgegriffen und umgesetzt. Durch die gut abgestimmte Zusammenarbeit der Projektpartner konnte ein Teil der Verzögerung wieder kompensiert werden.

Die Aufgaben der **Züchtervereinigungen** waren:

- die für das Projekt erforderlichen Daten über definierte Schnittstellen zu liefern,

- gemeinsam mit vit (Verden) die erforderlichen Daten zu konsolidieren, so dass jedes Zuchttier nur durch eine einzige Kennung erfasst und registriert ist,
- bei den o. g. Punkten sich unter den Züchtervereinigungen abzustimmen, und
- zusätzliche Informationen und Beschreibungen zu den Monitoringberichten der jeweiligen Rassen zu liefern.

Die Aufgaben von **vit** (Verden) waren:

- die Erstellung der erforderlichen Schnittstellen für den Datentransfer von den Züchtervereinigungen zum vit (Verden),
- die Datenzusammenführung aus den verschiedenen Herdbuchverbänden,
- die Datenkonsolidierung in Abstimmung mit den Züchtervereinigungen,
- die technische Betreuung und Organisation der Datenkonsolidierung,
- die Berechnung der geforderten Parameter zum genetischen Monitoring,
- die Erstellung der Monitoringberichte und
- die Datenbereitstellung an den Projektgeber (BLE).

Für die Datenzusammenführung und Konsolidierung war der Fachbereich „Herdbuchführung“ und für die geforderten populationsgenetischen Auswertungen und Datenbereitstellungen der Fachbereich „Biometrie und Zuchtwertschätzung“ des vit (Verden) verantwortlich.
Die einzelnen Arbeitsschritte sowie der aktuelle Stand der Entwicklungen wurden in regelmäßigen Sitzungen und Telefonkonferenzen der Projektpartner festgelegt und überprüft.

Zunächst ist festzustellen, dass für die Durchführung des genetischen Monitorings keine Daten neu erhoben werden mussten, sondern die in vielen Zuchtverbänden dezentral vorliegenden Herdbuchdaten zusammengeführt und bezüglich eindeutiger Tieridentifikationen harmonisiert werden mussten. Die Grunddaten bzw. Herdbuchinformationen wurden dafür von den Züchtervereinigungen zur Verfügung gestellt. Sie wurden über von vit (Verden) entwickelte Schnittstellen in die zentrale Herdbuchdatenbank OviCap der VDL und des BDZ bei vit (Verden) übertragen. Die Herdbuchinformationen wurden somit von bisher unterschiedlichen dezentralen HB-Systemen der einzelnen Züchtervereinigungen in ein einheitliches HB-System

überführt. Mit dieser Zusammenführung wurde zugleich eine Konsolidierung der Daten notwendig und realisiert, d.h. alle Tiere und ihre Ahnen wurden durchgängig über alle Verbände auf ein einheitliches Identifizierungssystem umgestellt und überprüft. Diese Konsolidierung der Daten, in die insbesondere die Zuchtleiter und Fachkräfte der Züchtervereinigungen eingebunden waren, sind als integraler und notwendiger Schritt vor den Auswertungen zum genetischen Monitoring zu sehen.

Während der Projektlaufzeit entwickelte sich dadurch für alle zu untersuchenden Rassen eine immer bessere Datengrundlage. Diese Verbesserung bezieht sich auf die Vollständigkeit der Abstammungsangaben und auf die Qualität in Form von eindeutigen Tieridentifikationen über alle Verbände hinweg.

Der Projektteil „Zusammenführung und Konsolidierung der Datengrundlage“ zum genetischen Monitoring konnte für alle geforderten Rassen sehr erfolgreich durchgeführt werden. Zugleich ist darauf hinzuweisen, dass auf diesem Gebiet auch in Zukunft kontinuierlich weitergearbeitet werden muss, um die entsprechende Datengrundlage für wiederholte Monitorings aktuell und korrekt zu halten.

Bis zum Zwischenbericht des Projektes (Juli 2011) wurden die Auswertungsmethodik und die Programmabläufe, die in den Grundzügen aus dem entsprechenden BLE-Projekt zum genetischen Monitoring für Rinderrassen übernommen wurden, weiterentwickelt und angepasst. Vorläufige Berichte zum genetischen Monitoring und Datenbestände für 5 Schafrassen wurden dem Projektgeber ebenfalls mit dem Zwischenbericht übermittelt.

Im zweiten Projektjahr wurden die genetisch statistischen Auswertungen auf nun weiter konsolidierten Datengrundlagen für alle geforderten Schaf- und Ziegenrassen durchgeführt. Für alle Rassen wurden Monitoring-Berichte erstellt und mit dem Schlussbericht dem Projektgeber zugestellt. Diese Berichte enthalten Aussagen und Beschreibungen zu Zuchtgeschichte, Zuchtprogramm und Zuchtziel, Zuchtorganisation und Verbreitung der Rassen, sowie Datengrundlage und Ergebnissen der Auswertungen zum genetischen Monitoring. Die jeweiligen Berichte schließen mit einer Bewertung der Monitoring-Ergebnisse und Empfehlungen für zukünftige Zuchtprogramme.

Das Monitoring wurde für 21 Schaf- und 4 Ziegenrassen durchgeführt:

Schafe:
Alpines Steinschaf, Bentheimer Landschaf, Braunes Bergschaf, Brillenschaf, Coburger Fuchsschaf, Graue Gehörnte Heidschnucke, Krainer Steinschaf, Leineschaf (alte und neue Zuchtrichtung), Merinofleischschaf, Merinolandschaf, Merinolangwollschaf, Ostfriesisches Milchschaf, Rauhwolliges Pommersches Landschaf, Rhönschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf, Skudde, Waldschaf, Weiße gehörnte Heidschnucke, Weiße Hornlose Heidschnucke, Weißes Bergschaf, Weißköpfiges Fleischschaf

Ziegen:
Bunte Deutsche Edelziege, Harzer Ziege, Thüringer Wald Ziege, Weiße Deutsche Edelziege

Inhaltliche Aspekte des Monitorings und Interpretation

Die in den Monitoringberichten dargestellten Ergebnisse zur genetischen Diversität beziehen sich bei allen Rassen auf den Datenstand Frühjahr 2012 im HB-System Serv.it-OviCap des vit. Für alle Rassen wurden zunächst die noch lebenden Elterntiere, geboren 2004 – 2011, identifiziert. Ausgehend von diesen Tieren, repräsentativ für die aktuelle aktive Zuchtpopulation, wurden alle geforderten Parameter zur Beschreibung der genetischen Diversität berechnet bzw. abgeleitet.

Diese Parameter bzw. Kennzahlen sind:

- Pedigreevollständigkeitsindex
- Mittlere Fremdgenanteile in der aktiven Zuchtpopulation
- Mittlere Inzuchtentwicklung über die Geburtsjahre
- Mittleres Generationsintervall in den 4 Selektionspfaden

- Effektive Populationsgröße (N_e) abgeleitet aus der relativen Inzuchtentwicklung
- Anzahl effektiver Foundertiere (f_e)
- Anzahl effektiver Ahnen mit signifikanten Genbeiträgen in der aktiven Zuchtpopulation (Hinweise auf BottleNecks)
- Mittlere Verwandtschaft innerhalb der aktiven Zuchtpopulation
- Verwandtschaft von lebenden Vatertieren zu den verbleibenden Muttertieren

Im Schlussbericht sind alle verwendeten Auswertungsmethoden mit Literaturhinweisen beschrieben. Außerdem liegt dem Schlussbericht als Anlage eine Prozessdokumentation zur Beschreibung des vollständigen Monitoringablaufs bei. Das Verfahren ist von der Datenbereitstellung über die Datenprüfung und Auswertung bis hin zur Berichterstellung weitestgehend automatisiert.

Generell konnten für alle Rassen (außer Harzer Ziege) die Auswertungen durchgeführt und entsprechende Empfehlungen zu weiteren züchterischen Maßnahmen abgeleitet werden. Bei der Harzer Ziege gibt es nur 4 aktive Elterntiere mit ausreichender bekannter Pedigreetiefe, daher waren die Analysen nicht möglich. Aufgrund der allgemein nicht sehr tiefen Pedigreeinformationen und der Datenstruktur in der Schaf- und Ziegenzucht sind aber nicht alle Auswertungsmethoden zur Beschreibung der noch vorhandenen genetischen Diversität in einer Rasse bzw. Population geeignet. Die Methodik zur Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) liefert in der Regel keine befriedigenden bzw. aussagefähigen Ergebnisse. Die entsprechenden Kriterien abgeleitet über effektive Gründertiere und effektive Ahnen ist durchgehend zielführender. In der angehängten Tabelle sind die wichtigsten aussagefähigen Ergebnisse des genetischen Monitorings und die daraus abgeleiteten Empfehlungen für alle analysierten Rassen zusammengefasst.

Hingewiesen sei darauf, dass nunmehr als positiver Effekt des Monitoringprojektes die aufbereiteten und bereinigten Daten der untersuchten Schaf- und Ziegenrassen u.a. eine wertvolle und einmalige Grundlage für darauf aufbauende züchterische Auswertungen darstellt. Gerade bei den seltenen Rassen ist eine gemeinsame

Datengrundlage und Herdbuchführung von elementarer Bedeutung.

Wie in der Projektausschreibung gefordert und anlässlich des Zwischenberichtes bereits für 5 Rassen praktiziert, können auf Anforderung die Einzeltierdaten, die Grundlage dieses Monitorings sind, an den Projektgeber BLE mit definierten Schnittstellen als EXCEL-Files (csv) in anonymisierter Form in Abstimmung mit dem Projektnehmer geliefert werden. Diese Lieferung anonymisierter Daten fand bereits für alle Rassen statt.

Eine Wiederholung der Auswertungen zum genetischen Monitoring ist auf Anforderung jederzeit möglich und bietet sich in einem regelmäßigen Turnus insbesondere bei Rassen mit bereits eingeschränkter genetischer Diversität an. Eine Schätzung des Aufwands und der Kosten sind Bestandteil des Endberichts.

Zum Abschluss des Projektes ist nach Abnahme des Schlussberichts durch den Projektgeber ein Workshop geplant, bei dem den Züchtervereinigungen die Ergebnisse des Monitorings präsentiert werden. Zugleich sollen die Ergebnisse hinsichtlich ihrer Relevanz für die Zuchtprogramme der Rassen interpretiert und erklärt werden.

Tabelle: Zusammengefasste Ergebnisse und Empfehlungen für alle untersuchten Rassen

(Summarized results and recommendations for all analyzed breeds)

Rasse / Breed	**Pop. C* V / M**	**Pop. C** Gesamt**	**f_e / f_a*** **	**Status**** (Vorschlag)**	**Empfehlung**
Alpines Steinschaf	12/120	349	12 / 7	PERH	Zuchttierimport
Bentheimer Landschaf	76/1441	4286	65 / 56	BEO	
Braunes Bergschaf	30/341	1258	45 / 32	ERH	Erh.-ZP
Brillenschaf	10/138	580	34 / 26	ERH	Erh.-ZP
Coburger Fuchsschaf	130/1446	5256	131 /72	BEO	
Graue Gehörnte Heidschnucke	117/1497	5733	186 / 74	BEO	
Krainer Steinschaf	22/157	501	22 / 18	PERH	Zuchttierimport
Leineschaf	56/1325	4000	72 / 56	BEO	
Merinofleischschaf	95/1907	6527	228 / 71	NG	
Merinolandschaf	207/7609	25319	179 / 83	NG	
Merinolangwollschaf	40/3038	8273	101 / 56	NG	
Ostfriesisches Milchschaf	175/1545	6542	186 /113	BEO/NG	
Rauhwolliges Pommersches Landschaf	115/1757	5277	72 / 65	BEO	
Rhönschaf	87/1757	5916	156 / 104	BEO	
Schwarzköpfiges Fleischschaf	185/5655	20725	297 / 184	NG	
Skudde	132/1088	3730	116 / 70	BEO	
Waldschaf	28/479	1336	25 / 20	ERH	Erh.-ZP
Weiße Gehörnte Heidschnucke	44/487	1495	35 / 22	ERH	Erh.-ZP
Weiße Hornlose Heidschnucke	69/1312	4489	71 / 40	BEO	
Weißes Bergschaf	31/591	2255	78 / 37	ERH	Erh.-ZP
Weißköpfiges Fleischschaf	91/766	3571	108 / 67	BEO	
Weiße Deutsche Edelziege	45/670	3342	127 / 81	BEO/NG	
Bunte Deutsche Edelziege	87/452	2778	161 / 61	BEO/NG	
Thüringer Wald Ziege	83/660	1810	41 / 33	ERH	Erh.-ZP
Harzer Ziege	2/2	31		PERH	??

Erh.-ZP = Erhaltungs-Zuchtprogramm

*) Aktive Eltern der Population mit PCI > 0,70 **) Aktive Eltern (PCI > 0,70) und deren Ahnen

***) f_e = effektive Foundertiere, f_a = effektive Ahnen

****) ERH = Gefährdete Erhaltungspopulation
PERH = stark geschrumpfte, nur phänotypisch zu erhaltende Population
BEO = noch relativ große, aber intensiv zu beobachtende Population
NG = nicht gefährdete Population

8 Summary

The revision of the German law for animal breeding assigns a monitoring of genetic diversity within certain breeds for all farm animal species. The animal breeding associations are committed to provide results to Federal Office for Agriculture and Food (BLE) useful for description and evaluation of the available resp. remaining genetic diversity within their supervised breeds. In order to realize this aim, the project donor (BLE) initiated the project "Monitoring of genetic resources in Germany: Sheep/Goat" (Project ID: 514-06.01-2808BE001). This project was initialized and financed by the Federal Ministry of Food, Agriculture and Consumer Protection (BMELV).

The umbrella organizations of the German Sheep Breeding Associations (VDL) and of the German Goat Breeding Associations (BDZ) applied for the project and got the award. VDL/BDZ appointed the breeding associations as subcontractors for data delivery and “United Data Systems for Animal Production”
(vit) for the technical execution of the project, the hosting and analysis of the collected herdbook data.

Project start was contracted by December 2009, but was delayed by approx. six months, since contractual improvements concerning data access and data security were necessary. The necessary changes were harmonized by BLE, BMELV and VDL/BDZ. The time delay was partly compensated by the successful cooperation of the project partners.

The **breeding associations** were in charge of

- providing necessary herdbook data using defined data interfaces,
- data consolidation in cooperation with vit,
- mutual harmonization with other breeding associations to achieve unique animal identifications for all living animals and their ancestors across associations and breeds, and
- providing additional information, i.e. about the history and applied breeding program of a population, as supplement for the monitoring report.

Vit was in charge of

- definition of the necessary interfaces for data transfer into the joint herdbook data base,
- collection and combination of data from different herdbook systems,
- data consolidation in coordination with the breeding associations,
- technical organisation and execution of data consolidation,
- analysis of the required parameters to monitor the actual genetic diversity of a population,
- compiling the monitoring reports for all breeds, and
- transmission of the monitoring data base (individual records) to BLE.

The vit department “IT Services for Herdbook Keeping” was responsible for data collection and consolidation and the department “Biometrics and Genetic Evaluation” was responsible for the ensuing genetic analyses.

Pedigree information of several different herdbook systems of breeding associations was combined into the common database serv.it OVICAP in the first step. In a second iterative step jointly executed by vit and breeding associations pedigree information was harmonized across the different herdbook systems in order to get i.e. unique identifications for all living animals and their ancestors. This consolidation of pedigree data was time consuming, but a very important part of the project previous to the statistical analyses. During the project the necessary database was significantly improved concerning data completeness and data quality means.

The analyses to quantify the remaining genetic diversity within populations were conducted for 21 sheep breeds and 4 goat breeds (see attached table). The monitoring parameters were estimated on the base of currently alive parents, born 2004 – 2011 and having a (Pedigree Completeness Index over 4 generations) PCI > 0.70, and their ancestors.

The following parameters were calculated:

- Pedigree Completeness Index (PCI)
- Average percent of foreign blood within the actual breeding population

- Average increase of inbreeding over birth years
- Average generation interval within the four selection paths
- Effective population size derived from relative increase of inbreeding and generation interval
- Number of effective founders (f_e)
- Number of effective ancestors (f_a) with marginal genetic contributions to the actual breeding population (used as predictors for bottle necks)
- Average relationship between the available parents of the actual breeding population
- Relationship between alive sires and alive dams

Statistical methods, programs and job stream originating from a similar BLE project for cattle breeds were refined and adapted to sheep and goat data during the first year. Methods, programs and job stream were already documented in the intermediate report (July 2011). Preliminary monitoring reports for 5 sheep breeds were part of this report.

In the second project year methods and programs were further improved and applied on the consolidated data base for the monitoring of all 21 requested sheep breeds and 3 goat breeds. Only for the goat breed “Harzer Ziege” the analyses were not feasible because of an insufficient data base. For all breeds monitoring reports are conducted. The reports contain descriptions about breed history, breeding goals and breeding programs, breed organization and location and results about remaining genetic diversity of the active breeding population. In the end of the reports interpretation of the monitoring results including recommendations for future breeding plans are given.

Monitoring analyses are conducted for all requested sheep and goat breeds. Caused by incomplete pedigree information and pedigree structure not all planned methods were appropriate to answer the question of remaining genetic diversity within breeds. Whereas the effective population size (N_e) derived by the relative increasing of inbreeding did not lead to reasonable results, the estimation of effective founders and effective ancestors results in plausible figures. The main results and the derived recommendations are summarized in the attached table.

All used methods are documented in the final report including cited literature. Detailed documentation of the process flow is given in the appendix. The whole monitoring process, starting with data export from the database, data preparation, plausibility checks, statistical analyses and composing of the monitoring report is automated by a large extend.

As requested in the project call and already practiced in 2011 vit is able to provide individual data of monitored breeds to BLE using the agreed data interface (csv-files). This data delivery is already conducted for all breeds.

Repeated monitoring investigations by request will be possible and reasonable within a regular time span mainly for populations with already limited genetic variability. An estimation of expenditure of time and costs is given in the final report, too.

A final workshop of the project is scheduled to present the monitoring results to breeding associations and public administration units. Interpretation and derived recommendations concerning future breeding programs of the single breeds will be additional items of the agenda.

9 Danksagung

Der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. und dem Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. ist es ein besonderes Anliegen, all denjenigen ganz herzlich zu danken, die zur Beantragung und Durchführung sowie zur Erstellung des Abschlussberichtes des Projektes „Monitoring tiergenetischer Ressourcen in Deutschland: Schaf/Ziege“ maßgeblich beigetragen haben. Ohne das engagierte und verständnisvolle Miteinander sowohl während der Zeit der Nachbesserung der vertraglichen Inhalte, wie insbesondere auch der konkreten Durchführung dieses Projektes, wäre diese Maßnahme in der geplanten – wenn auch leicht überschrittenen – Zeit nicht durchzuführen gewesen. Schließlich handelt es sich um ein Aufgabenfeld, bei dem keiner vorab exakt einschätzen konnte, welcher Arbeitsaufwand für die Datenzusammenführung und insbesondere die Datenkonsolidierung anfallen würde.

VDL und BDZ danken daher ausdrücklich im Namen des Vorsitzenden Carl Lauenstein (VDL) sowie der stellvertretenden Vorsitzenden Hedwig Eusterwiemann und Karl-Heinz Frank (BDZ):

- den Vertretern der BLE für die Arbeiten und das Verständnis in Zusammenhang mit der Vertragsentwicklung, -festlegung und -nachbesserung,
- dem Vertreter des BMELV insbesondere für die Hilfestellung bei den vertraglichen Nachbesserungen,
- den BMELV- Fachbeirat „Tiergenetische Ressourcen“ für das Interesse an diesem Projekt,
- allen Züchterinnen und Züchtern der untersuchten Schaf- und Ziegenrassen für die zur Verfügungstellung der Daten gegenüber den Züchtervereinigungen,
- den Vorsitzenden, Geschäftsführern, Zuchtleitern und Fachberatern der Schaf- sowie Ziegenzüchtervereinigungen für die Lieferung der Daten, die Übermittlung über die Schnittstellen und insbesondere für die Hilfen bei der Datenkonsolidierung und den inhaltlichen Hinweisen und Textlieferungen für die jeweiligen Rassen. Besonders sind hier die Zuchtleiter und Fachberater zu

benennen, die koordinierende Aufgaben für die jeweiligen Rassen übernommen haben.

- Ein besonderer Dank gilt vit (Verden), nicht nur für die Übernahme der technischen Arbeiten insbesondere bei der Datenauswertung, sondern auch für die Lieferung der Schnittstellen, die EDV- unterstützte Hilfe bei der Datenkonsolidierung und auch für die maßgebliche Arbeit bei der Erstellung des Zwischen- und Abschlussberichtes.

Die Schaf- und Ziegenhaltung basierte bislang auf einer gut strukturierten und organisierten sowie gesetzlich verankerten Zuchtbasis. Um zukünftig weiterhin diese vielfältigen bislang erbrachten Leistungen sicherzustellen, sollte es weiterhin im Interesse der Politik sein, dass die Zucht zukünftig nicht nur von wirtschaftlich relevanten Parametern und Zuchtstrategien bestimmt wird, sondern auch von der Zielsetzung des Erhaltes genetischen Vielfalt und damit der Sicherheit, sich nicht züchterisch einzuengen oder gar wertvolle Rassen und genetische Veranlagungen zu verlieren.

10 Erklärung

Für die Nutzung der Daten hat der Auftragnehmer das Einverständnis der Dateneigner eingeholt.

Mit 'Dateneigner' sind hier die Landesverbände als Eigentümer der Ausgangsdaten gemeint.

Berlin, 18.10.2012

Carl Lauenstein	Hedwig Eusterwiemann	Karl-Heinz Frank
- VDL-Vorsitzender -	- stellv. BDZ-Vorsitzende -	- stellv. BDZ-Vorsitzender -

11 Anhang

Prozess-Ablauf-Dokumentation

Rasseberichte

Anhang

Prozess-Ablauf-Dokumentation

MONITORING TIERGENETISCHER

RESSOURCEN IN DEUTSCHLAND

TIERART: SCHAF / ZIEGE

Erstellt Friedrich Reinhardt, Dr. Jens Wilkens (vit)

Stand: August 2012

Inhaltsverzeichnis

1 AUFGABENSTELLUNG 3

2 DATENBASIS 4

3 PLAUSIBILITÄTSPRÜFUNGEN 6

4 PROGRAMMABLAUF 8

Verzeichnisse 8

5 EINZELPROGRAMMBESCHREIBUNG 13

Job 1: Selektion aller geborenen Tiere einer Rasse 13

Job 2: Hashen der Ahnen aller Tiere der Rasse geboren ab (Aktuelles Jahr – 10) 15

Job 3: Finales Hashen der Ahnen der Monitoring-Ausgangspopulation 17

Job 4: Berechnung des Pedigree-Completeness-Index (PCI) 19

Job 5: Berechnung der Inzuchtkoeffizienten und Herkunftsgenanteile 21

Job 6: Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Selektionspfaden 22

Job 7: Analyse der Gründertiere (Founder, f_e) 23

Job 8: Berechnung der effektiven Populationsgröße (N_e) 24

Job 9: Analyse der effektiven Ahnen und Ahnenbeiträge (f_a) 25

Job 10: Verwandtschaft zwischen noch verfügbaren Vater- und Muttertieren 26

6 BERICHTERSTELLUNG 27

Ablauf 27

Bescheibung der Programme 28

Liste der Programme in bin/ 28

Liste aus misc/ 30

7 BEREITSTELLUNG VON EINZELTIERDATEN AN AUFTRAGGEBER 33

1 Aufgabenstellung

Für die Durchführung des Monitorings sind die Partialdaten der einzelnen Züchtervereinigungen in einer von der VDL bei vit-Verden betreuten Herdbuchdatenbank zu übertragen. Dort werden diese Daten, die zuerst in Partialdatenbanken geführt werden, in eine gemeinsame Herdbuch-Datenbank der VDL übertragen; getrennt für Schafe und Ziegen.

Diese im vit (Verden) vorhandenen Abstammungsdaten bilden nach Datenabgleichen und Datenprüfungen (Konsolidierung) die Grundlage für tierindividuelle Berechnungen (z. B. Inzucht, Vollständigkeit des Pedigrees,...) und populationsbezogene Auswertungen (z. B. mittlere Generationsintervalle, effektive Populationsgröße, ...).

Die geforderten Analysen sind in der Projektbeschreibung aufgeführt und bezüglich des fachlichen Hintergrunds in der Produktdokumentation beschrieben. Als Ergebnis der Datenaufbereitung und Prüfung ist die komplette tierindividuelle Datengrundlage für das Monitoring einer Rasse in einem File mit vorgegebener Schnittstelle (Datenformat) zur Übergabe an den Projektgeber BLE zu erstellen. Die Ergebnisse der populationsbezogenen Auswertungen sind in einem umfassenden Bericht für den Auftraggeber zusammenzustellen und bezüglich Rechen- bzw. Auswertungs-verfahren zu erklären.

In den folgenden Abschnitten des vorliegenden Dokuments sind sämtliche Schritte der Datenbereitstellung, Datenergänzung, Datenprüfung, Datenauswertung und Ergebnisbereitstellung beschrieben. Die Beschreibung bezieht sich in erster Linie auf den EDV-technischen Ablauf und ist damit die Grundlage und Anleitung für den Arbeitsablauf des genetischen Monitorings für Schaf- und Ziegenrassen bzw. Populationen.

2 Datenbasis

Verwendet werden die eingegangenen Abstammungsinformationen in die OviCap-Datenbank angesiedelt bei vit (Verden) zum Datenstand bei Start des jeweiligen Monitorings. Die Daten werden auf Anforderung von der Abteilung Herdbuch-SchaZi komplett aus der OviCap-Datenbank abgezogen, bereitgestellt und auf den Linux-Cluster des GB „Biometrie & ZWS“ transferiert. Dort werden die Daten geprüft und für die eigentlichen Monitoring-Verfahren aufbereitet.

vit-File: */data/SCHAFGM/export_genmon_gesamt.txt*

Vom **vit** sind folgende 21 Schaf-Rassen

- Alpines Steinschaf
- Krainer Steinschaf
- Brillenschaf
- Leineschaf, inkl. Ursprünglicher Typ
- Merinolangwollschaf)
- Weiße gehörnte Heidschnucke
- Weißes Bergschaf, inkl. Geschecktes Bergschaf
- Bentheimer Landschaf
- Braunes Bergschaf
- Coburger Fuchsschaf
- Graue gehörnte Heidschnucke
- Merinofleischschaf
- Ostfriesisches Milchschaf
- Rauhwolliges Pommersches Landschaf
- Rhönschaf
- Skudde
- Waldschaf
- Weiße hornlose Heidschnucke

- Weißköpfiges Fleischschaf
- Merinolandschaf
- Schwarzköpfiges Fleischschaf

und folgende 4 Ziegenrassen

- Bunte Deutsche Edelziege
- Harzer Ziege
- Thüringer Wald Ziege
- Weiße Deutsche Edelziege

auszuwerten.

Das eigentliche genetische Monitoring bezieht sich jeweils auf alle aktuell lebenden Elterntiere einer vorgegebenen Rasse im Alter von 2 bis 7 Jahren, die in Deutschland geboren sind, und deren Ahnen – soweit sie in der OviCap-Herdbuch-Datenbank des vit (Verden) gespeichert sind und die relevanten Informationen plausibel sind.

3 Plausibilitätsprüfungen

Der aus OVICAP bereitgestellte Gesamtfile

/data/SCHAFGM/export_genmon_gesamt.txt

wird mit dem Programmskript/SAS-Programm

/usr/local/zws/SCHAFGM/jobs/run_sascheck
/usr/local/zws/SCHAFGM/source/sascheck_$TART.sas

geprüft und auf die für das Monitoring wesentlichen und relevanten Informationen reduziert. Außerdem werden die entsprechenden Informationsfelder eingekürzt und linksbündig ausgegeben. Das Programm läuft für Schafrassen und Ziegenrassen getrennt (im Jobscript **$TART** (S oder Z) angeben).

ACHTUNG: Im Programm Max. Geburtsdatum setzen!

- GJ = 0 oder GJ > 1899
- Geb.-Dat. < Akt.Dat

Folgende Umcodierungen der Rasseangaben erfolgen:

- Rasse = 0 ➔ Rasse = 3 (Merinolandschaf
- Rasse = . ➔ Rasse = 0 (Unbekannte Rasse)
- Rasse = 29 ➔ Rasse = 10 (Leineschaf)
- Rasse = 61,62 ➔ Rasse = 60 (Ostfriesisches Milchschaf)

Folgende Prüfungen / Edits werden in späteren Programmen ausgeführt:

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

- gültige und eindeutige Identifizierung des Tieres (nach VVVO mit Ländercode),
- dem vorgegebenen Rassecode entsprechen,
- gültiges, vollständiges Geburtsdatum.

Von diesen Tieren werden alle Ahnen aus den Abstammungsdaten 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,
- bei Ahnen mit anderer Rasse (nicht Ausgangsrasse) läuft das Pedigree aus.

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

Protokollfiles:

/data/LOG/SCHAFGM/saschec_$TARTk.log
/data/LOG/SCHAFGM/sascheck_$TART.lis

4 Programmablauf

Verzeichnisse

Der gesamte **Produktionsablauf** findet unter dem Verzeichnis

/usr/local/zws/SCHAFGM

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	Compilierte, ausführbare Programme

Die Daten (orig. Abstammungsfiles, inklusive des mit SAS aufbereiteten Abstammungsfiles) werden im Verzeichnis

/data/SCHAFGM

gespeichert. Für jede zu bearbeitende Rasse ist dann darunter ein Unterverzeichnis reserviert bzw. muss bereits angelegt sein(siehe dazu Abk. der jeweiligen Rasse in der Rassetabelle), das individuell in den Skripten über die Rasseangabe angesteuert werden kann.

/data/SCHAFGM/$RASSE

Die Formatbeschreibungen sämtlicher Files sind in

> **n:/zws/GM Schafe/Doku/Format_beschreibung.doc** <

Sämtliche Protokolle und Logfiles der Programme werden in

/data/LOG/SCHAFGM/$RASSE

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

Programmablauf, Masterskript: run_GM

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

- ⇨ **Aktuelles Datum: $YYMM**
- ⇨ **Tierart (Schaf/Ziege) $TART**
- ⇨ **Zu bearbeitende Rasse: $RASSE**
- ⇨ **VDL-Rasseschlüssel der Rasse: $RASC**

Diese global definierten Variablen steuern, welche Rasse ausgewertet werden soll.

Die Angaben für die Rassen sind aus der folgenden Tabelle ersichtlich:

RASSE (Name)	Rasse TGRDEU	$RASC	$RASSE
Schafe:			
Alpines Steinschaf	396	52	AST
Krainer Steinschaf	395	51	KST
Brillenschaf	56	40	BRI
Leineschaf (+ urspr. Typ)	136/391	10+29	LES
Merinolangwollschaf	150	2	MLW
Weiße Gehörnte Heidschnucke	237	31	WGH
Weißes Bergschaf	239	36	WBS
Bentheimer Landschaf	42	33	BLS
Braunes Bergschaf	53	37	BBS
Coburger Fuchsschaf	66	35	COF
Graue Gehörnte Heidschnucke	106	30	GGH
Merinofleischschaf	148	1	MFS
Ostfriesisches Milchschaf	256	60,61,62	OMF
Rauhwolliges Pommersches Landschaf	178	42	RPL
Rhönschaf	181	34	RHO
Skudde	205	41	SKU
Waldschaf	229	58	WAD
Weiße Hornlose Heidschnucke	238	32	WHH
Weißköpfiges Fleischschaf	240	6	WKF
Merinolandschaf	149	0➔3*	MLS
Schwarzköpfiges Fleischschaf	196	5	SKF
Ziegen:			
Bunte Deutsche Edelziege		204	BDE
Harzer Ziege		210	HZZ
Thüringer Wald Ziege		218	TWZ
Weiße Deutsche Edelziege		219	WDE

Die relevanten Datenverzeichnisse werden automatisch definiert:

$DATDIR1	/data/SCHAFGM
$DATDIR2	/data/SCHAFGM/$RASSE
$WORKDAT	/ld4/SCHAFGM/$RASSE (auf Node 3)
$LOG	/data/LOG/SCHAFGM/$RASSE

Über das Masterskript können sämtliche Jobs für die Datenaufbereitung, Datenprüfung und Auswertung einzeln oder in einem fortlaufenden Jobstream gestartet werden. Das Masterskript ruft die entsprechenden Jobskripte auf, die im selben Verzeichnis liegen. Müssen die Daten vorher sortiert werden, erfolgt dies via Linux-Sort im entsprechenden Jobskript. Folgende Jobs können aktiviert bzw. ausgeführt werden:

Datenaufbereitung und Prüfung:

Job 1:	run_selras	Selektion aller geborenen Tiere der Rasse
Job 2:	run_findabst	Dazu holen aller bekannten/relevanten Ahnen
Job 3:	run_finalped	Finales Hashen / Codieren des Pedigree-Files

(In JOB3 wird die Anzahl Tiere, die für die dynamische Dimensionierung der Arrays in den folgenden Programmen benötigt wird in den File

"/usr/local/zws/SCHAFGM/incl/anztiere.$RASSE" geschrieben.

Datenauswertung:

(Einzeltierbezogen)

Job 4:	run_pcindex	Pedigree-Completeness-Index
Job 5	run_genanti	Berechnung Inzuchtkoeffizient und Rasseanteile

(Populationsbezogen)

Job 6:	run_interval	Generationsintervalle in den 4 Selektionspfaden
Job 7:	run_founder	Analyse der wichtigsten effektiven Founder (f_e)
Job 8	run_neffpop	Berechnung effektive Populationsgröße (N_e)
Job 9	run_effahnen	Analyse der wichtigsten effektiven Ahnen (f_a)
Job 10	run_verwandt	Verwandtschaft noch verfügbarer Elterntiere

Die Jobs sind im folgenden Kapitel (5) einzeln beschrieben.

>>>>>Das Masterskript ist auf NODE 3 zu starten! <<<<<

5 Einzelprogrammbeschreibung

Job 1: Selektion aller geborenen Tiere einer Rasse

- **Selektion aller in Deutschland seit 1950 geborenen Tiere der vorgegebenen Rasse, mit gültiger DB-ID, Sex, JG**
- **Auszählungen: (JG x Geschl.), Bes.-Verband und (JG x Bes.-Verband)**

Script: run_selras

Fortran: selras.f

Incl: $INCL/verband_tabelle (Tabelle mit Züchter-/Besitzerverbänden)

Daten:

IN: $DATDIR1/genmon_gesamt_$TART.dat
(aktuell bereit gestellter Pedigreefile)

SORT: $DATDIR1/genmon_gesamt_$TART.sort (1. Step im Skript)

OUT: $DATDIR2/alle_tiere.$RASSE
(Ausgangspopulation der vorgegebenen Rasse)
Info: Tier-DB-ID, Rasse, GJ, Sex, VB-Code, VB-Abk.

LOG: $LOG/selras.prot

Auswertung:

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

Prüfen: (im Protokollfile)

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

Bemerkungen:

Folgende Besitzerverbände werden umcodiert:

- **6100564 ➔ 225**
- **7490610 ➔ 226**
- **7496621 ➔ 227**
- **9022502 ➔ 228**
- **9023494 ➔ 229**

Dann werden alle Besitzerverbandscodes umgewandelt**: ivb =ivb - 200**

Job 2: Hashen der Ahnen aller Tiere der Rasse geboren ab (Aktuelles Jahr – 10)

Script: run_findabst

Source: findabst.f

Incl: findabst.pf

IN: $DATDIR2/alle_tiere.$RASSE
$DATDIR1/genmon_gesamt.sort

OUT: $DATDIR2/abstammung.$RASSE

LOG: $LOG/findabst.prot

Arbeitsschritte:

1. Einlesen und Hashen der Tiere der letzten 10 aktiven GJ (minaktj) aus *SELRAS*.

2. Ahnen dieser vorgegebenen Tiere suchen und hashen.

    a. Wobei die Eltern nur gehasht werden, wenn das Geburtsjahr des Tieres bekannt ist. Nur Ahnen bis einschließlich Jahrgang 1950 werden gehasht (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 (angelehnt an Verfahren beim Rind: siehe dazu Protokoll Kassel, 16.10.2008)

ACHTUNG: Hier müssen Ausnahmen gemacht werden, z. B. wenn Rassen zusammen dem Monitoring unterzogen werden, oder wenn eine Rasse aus einer anderen Rasse entsteht bzw. eine Subpopulation ist.

Beispiele:

3. Setzen von Kennzeichen:
   - Vergabe des Kennzeichens Ausgangstier aus SELRAS (1 = ml, 2 = wbl Tier).
   - Vergabe des Kennzeichens 1, wenn das Tier selbst wieder Elter wurde
   - Generation setzen: Jüngste Tiere = 0 / Älteste Tiere = n

4. Mitziehen von Zusatzinfo wie Besitzerverband, Abg.-Datum, Abg.-Grund

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

Ausgabe für Monitoring-Bericht

Keine Auswertungsergebnisse für den Monitoring-Bericht der Rasse im Protokollfile.

Prüfen: Anzahl Ausgangstiere (SELRAS), Anzahl Tiere gesamt

Job 3: Finales Hashen der Ahnen der Monitoring-Ausgangspopulation

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 Tier-DB-ID aufsteigend sortiert (Umsortierung).

2. Abschließendes Hashen/Codieren des Pedigree-Files nach Alter aufsteigend. Tiere mit Rasse = 0 werden nicht mehr gehasht.

3. Setzten des Zeitraums (6 Jahre) für Ausgangstiere (jga=(aktja-7), jge=(aktja-2))

4. Ausgabe wie viele Ausgangstiere (Stichprobe A) + Ahnen dieser Tiere im Monitoring-Verfahren 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: 4 Generationen für Ausgangstiere <<<<

d.h. ein vollständiges Pedigree mit 4 Ahnengenerationen hat den PCI = 1.00

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

lebende ml & wbl. Elterntiere (Generation 1)

der vorgegebenen Rasse

(Akt. Jahr – 7) < GJ < (Akt. Jahr – 2)

mit PCI > 0,7

+

deren Ahnen

➔ **Datensatz C**

Arbeitsschritte:

1. Sortierung nach Geburtsjahr bzw. RC(Tier) aufsteigend
2. Einlesen des fertigen Pedigree-Files (bereits gehasht)
3. Beim Einlesen werden die Ahnen je Generation ausgezählt.
4. Berechnen des „Pedigree-Completeness-Index“ (PCI) nach MacCluer (1983).
5. Auswertungen: Mittlerer PCI nach JG x Geschlecht (nur für Tiere, die Eltern sind)
6. Zurückspuren und Kennzeichnen aller Ahnen der (Ausgangstiere mit PCI > 0,7)

Auswertungen und Ausgabe für den Monitoring-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 5: Berechnung der Inzuchtkoeffizienten und Herkunftsgenanteile

Script: run_genanti

Source: genanti.f

Incl: $INCL/anztiere.$RASSE

IN: $DATDIR2/monitoring.$RASSE

OUT: $DATDIR2/inzgenant.$RASSE

LOG: $LOG/genanti.prot

Arbeitsschritte:

1. Einlesen des fertigen Pedigree-Files, bereits gehasht
2. Sortierung : Nach Geburtsjahr bzw. ID-Tier aufsteigend
3. Berechnung der Inzuchtkoeffizienten (Methode B. Tier)
4. Berechnung der Herkunftsgenanteile.
5. Die Herkunftscodes werden vorerst (vereinfacht) für alle Rassen nach demselben Schema definiert: 1 = $RASC, 2 = Sonstige Rassen, 3 = Unbekannt

Auswertungen und Ausgabe für den Monitoring - Bericht:

B1: Mittlere Inzuchtkoeffizienten alle Tiere (Inzuchtklassen)

B2: Mittlere Inzuchtkoeffizienten und Herkunfts-Genanteile der männlichen Tiere der Monitoring - Ausgangspopulation, bei Geburtsjahr

B3: Mittlere Inzuchtkoeffizienten und Herkunfts-Genanteile der weiblichen Tiere der Monitoring - Ausgangspopulation

Job 6: Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Selektionspfaden

Script: run_interval

Source: interval.f

IN: $DATDIR2/abstammung_final.$RASSE

LOG: $LOG/interval.prot

Arbeitsschritte:

1. Einlesen des Pedigreefiles
   Sortierung : Geburtsjahr-Tier > Geburtsjahr-Vater (T) > Geburtsjahr-Mutter (T)
2. Aufsummieren PCI und Alter der Eltern innerhalb der Jahrgänge 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 Monitoring-Population und der Elterngeneration 1
4. Mittleres Generationsintervall über alle 4 Pfad, gewichtet und ungewichtet

Auswertungen und Ausgabe für den Monitoring - Bericht:

B1: Mittlere Generationsintervalle in den Selektionspfaden, und zusammengefasstes **mittleres Generationsintervall** für Berechnung der effekt. Populationsgröße (N_e)

Letzteres wird auch als letzte Zeile in den File

>>>> $INCL/anztiere.$RASSE <<<<< geschrieben.

Job 7: Analyse der Gründertiere (Founder, f_e)

Script: run_founder

Source: founder.f

IN: $DATDIR2/abstammung_final.$RASSE

OUT: $DATDIR2/founder.$RASSE

Arbeitsschritte:

1. Einlesen des fertigen Pedigree-Files (bereits gehashed).
2. Sortierung: Geburtsjahr bzw. RC (T) absteigend.
3. Beim Einlesen werden die Nachkommen nach Generationen ausgezählt.
4. Auswertung dieser Nachkommen-Auszählung.
5. Berechnung der relativen Genbeiträge der Gründertiere (Founder) in der aktiven Zuchtpopulation (= lebende Elterngeneration 1)

Auswertungen und Ausgabe für den Monitoring - Bericht:

B1: Wichtigste Gründertiere mit Genanteil in aktiver Elternpopulation und Anzahl Nachkommen

B2: Anzahl effektiver Gründertiere (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 Pedigree-Files (bereits gehashed).
4. Berechnung von N_e via Regression (nach Wooliams)
5. Ausgabe der Ergebnisse in das Protokollfile

Auswertungen und Ausgabe für den Monitoring - Bericht:

B1: Effektive Populationsgröße (bei gegebenem PCI und Generationsintervall)

B2: Mittlere Inzuchtentwicklung, 1980 – 2009 (männliche, weibliche, gesamt)

Job 9: Analyse der effektiven Ahnen und Ahnenbeiträge (f_a)

Script: run_effahnen

Source: effahnen.f

IN: $DATDIR2/abstammung_final.$RASSE

LOG: $LOG/effahnen.$RASSE

Arbeitsschritte:

1. Einlesen des fertigen Pedigree-Files (bereits gehasht). Sortierung: 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.

B2: Ausgabe der Anzahl effektiver Ahnen (f_a) und der absoluten Anzahl Ahnen mit marginalen Genbeiträgen.

Job 10: Verwandtschaft zwischen noch verfügbaren Vater- und Muttertieren

Script: run_verwandt

Source: verwandt.f

IN: $DATDIR2/abstammung_final.$RASSE

OUT: $DATDIR2/verwandtschaft_vaeter.$RASSE

LOG: $LOG/verwandt.$RASSE

Arbeitsschritte:

1. Einlesen des fertigen Pedigree-Files (bereits gehasht). Sortierung: Geburtsjahr bzw. RC (T) absteigend.
2. Komplette Information in Arrays abspeichern
3. Aufstellen der kompletten Verwandtschaftsmatrix
4. Berechnen
    a. Der mittleren Verwandtschaft der Väter
    b. Der mittleren Verwandtschaft der Mütter
    c. Der mittleren Verwandtschaft der Väter mit den Müttern
    d. Der Verwandtschaft jedes Vaters zu den Müttern

Auswertungen/Ausgabe für Bericht:

B1: Mittlere Verwandtschaft der Väter und Mütter.

B2: Mittlere, minimale und maximale Verwandtschaft jedes Vatertieres zu den noch verfügbaren Muttertieren

6 Berichterstellung

Ablauf

Für jede Rasse im genetischen Monitoring werden die Ergebnisse in rassespezifischen Berichten aufbereitet und zusammengestellt. Die Berichte enthalten Informationen zur Zuchtgeschichte, Zuchtprogramm, Zuchtzielen sowie der Entwicklung der Zucht - soweit diese aus dem Herdbuchsystem ermittelt werden kann. Im Kapitel Populationsanalyse werden Ergebnisse der genetischen Analysen dargestellt und beschrieben.
Der Bericht wird aus Textbausteinen und Auswertungsteilen über eine rassespezifische Rasterdatei generisch als Latex-Datei erstellt, aus der eine pdf-Datei erzeugt wird. Die Berichte wurden zur optimalen Zusammenarbeit mit den Verbänden in OviCap laufend zur Verfügung bereitgestellt.

Der gesamte Produktionsablauf findet unter

/projekte/genetisches_monitoring_schaf_ziege/berichterstellung

statt.

bin: Skripte für die Erstellung von Statistiken aus serv.it OVICAP, Bausteinen (z.B. Tabellen) und den Gesamtbericht. Gesteuert wird die Berichterstellung je Rasse.

misc: Textbausteine, Berichtgerüste je Rasse und Steuerungsdateien für den Gesamtablauf

tmp: fertige pdf-Berichte und Zwischendateien

Soweit möglich wurden die Informationen zur Beschreibung der Entwicklung der Zucht einer Rasse direkt aus dem gemeinsamen Herdbuchprogramm von VDL/BDZ ermittelt. Lediglich für die Verbände Schafe SH und Ziegen BW und Bayern war dies

nicht möglich. Für die Ziegen aus Westfalen und Rheinland nur bedingt, da keine vollständigen tagesaktuellen Herdbuchinformationen vorlagen. Beide letztgenannten Verbände haben mittelfristig einen Einstieg in OviCap als Herdbuchführungsprogramm geplant.

Daten für die genetische Populationsanalyse

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

/data/LOG/SCHAFGM/$RASSE

geschrieben werden, zu entnehmen. Für jede zu bearbeitende Rasse ist ein Unterverzeichnis mit dem Rassekürzel $RASSE (offizielle Kurzbezeichnung von VDL/BDZ z.B. AST) reserviert.

Bescheibung der Programme

bin/erstelle_monitoring_bericht_fuer_eine_rasse: wird mit dem Parameter Rasse (vollständige offizielle Bezeichnung von VDL/BDZ z.B. Weißköpfiges Fleischschaf) aufgerufen.

erstelle_monitoring_bericht_ueber_steuerdatei: kann über eine Steuerdatei die Berichterstellung für mehrere oder alle geforderten Rassen aufgerufen werden.

Liste der Programme in bin/

- erstelle_abkuerzungsverzeichnis
- erstelle_aus_effahnen_tabelle_wichtige_ahnen

- erstelle_aus_effahnen_textbaustein_anzahl_effektiver_ahnen
- erstelle_aus_finalped_tabelle_eltern_generation_eins_der_letzten_10_jahre
- erstelle_aus_finalped_tabelle_verteilung_ausgangstiere_auf_jahrgang
- erstelle_aus_founder_tabelle_kennzahlen_founder
- erstelle_aus_founder_tabelle_wichtige_foundertiere
- 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_aus_neffpop_grafik_vergleich_alle_tiere_und_tiere_mit_min_pci_auf_geburtsjahrgaenge
- erstelle_aus_neffpop_textbaustein_effektive_populationsgroesse
- erstelle_aus_pcindex_grafik_entwicklung_pedigree_completnes_index
- erstelle_aus_pcindex_tabelle_mittlerer_pedigree_completnes_index_auf_jahrgaenge
- erstelle_aus_pcindex_tabelle_tiere_ausgangspopulation
- erstelle_aus_pcindex_tabelle_tiere_gesamtpopulation
- erstelle_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_aus_verwandt_tabelle_verwandschaft_boecke_mit_muttertieren
- erstelle_aus_verwandt_textbaustein_mittlerer_verwandschaftsgrad
- erstelle_bericht_pdf_dokument
- erstelle_danksagung
- erstelle_deutschland_karte_mit_verteilung_tiere_aus_svg_quelle
- erstelle_monitoring_bericht_fuer_eine_rasse
- erstelle_monitoring_bericht_ueber_steuerdatei
- erstelle_tabelle_anzahl_aktive_herden_je_rasse
- erstelle_tabelle_anzahl_herden_nach_groessenklasse
- erstelle_tabelle_anzahl_tiere_in_zuchtpruefungen_je_jahr_fuer_eine_rasse
- erstelle_tabelle_entwicklung_scrapie_ergebnisse_je_rasse
- erstelle_tabelle_entwicklung_scrapie_genotyp_frequenzen
- erstelle_tabelle_entwicklung_stationspruefungen_je_rasse
- erstelle_tabelle_gesamtuebersicht_aus_finalped
- erstelle_tabelle_gesamtuebersicht_inzucht_aus_genanti
- erstelle_tabelle_kennzahle_der_zucht_in_schleswig_holstein

- erstelle_tabelle_leistungen_zuchtziele
- erstelle_tabelle_tiere_mit_milchleistungspruefungen
- erstelle_tabelle_verbaende_einer_rasse
- erstelle_tabelle_verteilung_elterntiere_auf_verband
- erstelle_tabelle_verteilung_herden_auf_postleitzahlbezirke
- erstelle_tabelle_verteilung_tiere_auf_postleitzahlbezirke
- erstelle_titelseite_bericht
- hole_beschreibung_aus_zuchtziele
- hole_bilder_aus_zuchtziele_in_servit_ovicap
- hole_groessen_ziegen_aus_zuchtziele
- hole_leistungstext_aus_zuchtziele
- hole_zuchtziel_aus_zuchtziele
- setze_besondere_formulierungen_von_fritz_um
- setze_tausender_trennzeichen_in_bis_zu_fuenf_stelligen_zahlen
- stelle_aus_effahnen_wichtige_ahnen_heraus
- stelle_aus_founder_wichtige_founder_tiere_zusammen
- stelle_label_eintraege_aus_tex_datei
- umsetzen_stationsstatistik_grosskreutz_auf_idener_format
- umsetzen_stationsstatistik_grub_auf_idener_format
- umsetzen_stationsstatistik_koellitsch_auf_idener_format
- umsetzen_stationsstatistik_marbach_auf_idener_format
- umsetzen_stationsstatistik_neumuehle_auf_idener_format
- umsetzen_stationsstatistik_rohrsen_auf_idener_format
- umsetzen_stationsstatistik_schoendorf_auf_idener_format

Liste aus misc/

- abschnitt_anerkannte_zuechtervereinigungen
- abschnitt_bewertung_1
- abschnitt_cae_programm
- abschnitt_effektive_gruendertiere_1
- abschnitt_effektive_gruendertiere_2

- abschnitt_generationsintervall_1
- abschnitt_herdenstruktur
- abschnitt_informationen_aus_dem_herdbuch
- abschnitt_inzuchtentwicklung_und_effektive_populationsgroesse_1
- abschnitt_kennzahlen_zucht
- abschnitt_maedi_programm
- abschnitt_milchleistungspruefung
- abschnitt_mittlere_genanteile_1
- abschnitt_pedigreevollstaendigkeit_1
- abschnitt_rassevereinigungen
- abschnitt_uebersicht_datengrundlage_1
- abschnitt_uebersicht_datengrundlage_2
- abschnitt_verteilung_regionen
- abschnitt_verwandschaft_1
- abschnitt_zuchtprogramm_allgemein_schaf
- abschnitt_zuchtprogramm_allgemein_ziegen
- bericht_geruest_alpinessteinschaf
- bericht_geruest_bentheimerlandschaf
- bericht_geruest_braunesbergschaf
- bericht_geruest_brillenschaf
- bericht_geruest_buntedeutscheedelziege
- bericht_geruest_coburgerfuchsschaf
- bericht_geruest_grauegehoernteheidschnucke
- bericht_geruest_harzerziege
- bericht_geruest_krainersteinschafe
- bericht_geruest_leineschaf
- bericht_geruest_merinofleischschaf
- bericht_geruest_merinolandschaf
- bericht_geruest_merinolangwollschaf
- bericht_geruest_ohne_individuelle_texte
- bericht_geruest_ostfriesischesmilchschaf
- bericht_geruest_rauhwolligespommerscheslandschaf
- bericht_geruest_rhoenschaf

- bericht_geruest_schwarzkoepfigesfleischschaf
- bericht_geruest_skudde
- bericht_geruest_thueringerwaldziege
- bericht_geruest_waldschaf
- bericht_geruest_weissedeutscheedelziege
- bericht_geruest_weissegehoernteheidschnucke
- bericht_geruest_weissehornloseheidschnucke
- bericht_geruest_weissesbergschaf
- bericht_geruest_weisskoepfigesfleischschaf
- bericht_kopf
- e_zu_umlaut_converter
- karte_deutschland.svg
- kennzahlen_zur_zucht_aus_schleswig_holstein.csv
- original_stationspruefung_gross_kreutz.csv
- original_stationspruefung_grub.csv
- original_stationspruefung_koellitsch.csv
- original_stationspruefung_laage_elp.csv
- original_stationspruefung_laage_nkp.csv
- original_stationspruefung_marbach.csv
- original_stationspruefung_neumuehle.csv
- original_stationspruefung_rohrsen.csv
- original_stationspruefung_schoendorf.csv
- stationspruefung_gross_kreutz.csv
- stationspruefung_grub.csv
- stationspruefung_iden.csv
- stationspruefung_koellitsch.csv
- stationspruefung_laage.csv
- stationspruefung_marbach.csv
- stationspruefung_neumuehle.csv
- stationspruefung_rohrsen.csv
- stationspruefung_schoendorf.csv
- steuerung_monitoringberichte_fuer_mehrere_rassen
- umlaut_zu_e_converter

7 Bereitstellung von Einzeltierdaten an Auftraggeber

Laut Vertrag fordert der Projektgeber BLE die Bereitstellung von Einzeltierdaten für alle Rassen, für die ein Monitoring durchzuführen ist. Abweichend zu dieser Vorgabe wurde bei einer Besprechung aller am Projekt beteiligten Partner (BLE, VDL, vit) auf der Grundlage der vertraglichen Nachbesserung durch den Projektgeber (BLE) vereinbart, dass zum Schutz der Dateneigentümer und der Zuchtarbeit eine Datenbereitstellung ausschließlich in anonymisierter Form erfolgen kann.

Aus diesem Grunde erfolgt die Datenbereitstellung für jede Rasse separat in Form eines CSV-Files, in dem alle Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (derzeit lebende Elterntiere) und deren Ahnen enthalten sind. Für jedes Tier wird ein Rekord mit der entsprechenden Information (Anhang B „Datenstruktur“) ausgegeben.

Die Zusammenführung der geforderten Informationen, der Abgleich mit den für das Monitoring relevanten Tieren in der entsprechenden Rasse, die Umkodierung von Rasse- und Verbandscodes auf TGRDEU-Schlüssel sowie die Ausgabeaufbereitung der Daten erfolgt in einem eigenen SAS-Job, der im Folgenden beschrieben ist.

An den so bereitgestellten Daten können alle im Genetischen Monitoring berechneten Auswertungen und Kenngrößen nachvollzogen werden.

Job-Script: /usr/local/zws/SCHAFGM/jobs/run_blefile
SAS-Code: /usr/local/zws/SCHAFGM/source/blefile.sas
Includes: /usr/local/zws/SCHAFGM/incl/rasse_tabelle
/usr/local/zws/SCHAFGM/incl/verband_tabelle_schafe

Input-Files: /data/SCHAFGM/ export_genmon_gesamt.txt
/data/SCHAFGM/export_besitzerdaten.csv
/data/SCHAFGM/$RASC/monitoring.$RASC

Output-File: /data/SCHAFGM/$RASC/blefile.$RASC.csv

Protokollfiles: /data/LOG/SCHAFGM/$RASC/blefile.$RASC.log
/data/LOG/SCHAFGM/$RASC/blefile.$RASC.lis

Eingabeparameter im Job-Script (lt. vorangestellter Tabelle im Job-Script):

- $RASC (Rasseabkürzung, Beispiel: SKU)
- $RC (OVICAP Rassecode, Beispiel: 41)
- $TGRDEU (TGRDEU-Rassecode, Beispiel: 205)
- $RASNAM (Rassebezeichnung, Beispiel: Skudden)
- $YYMM (Datenschnitt-Datum, Jahr/Monat)

Übersichtsauswertungen zur Kontrolle im Protokollfile:

- Verteilungen der bereitgestellten Tiere nach Verband, Geschlecht, GJ

Anhang

Rasseberichte

MONITORING TIERGENETISCHER

RESSOURCEN IN DEUTSCHLAND

TIERART: SCHAF / ZIEGE

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- ALPINES STEINSCHAF -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

Service & Daten aus einer Quelle

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **6**

2.1 Leistungsprüfungen 6

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 6

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 9

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 9

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 9

2.3 Zuchtwertschätzung 10

2.4 Selektion 10

3 Rassebeschreibung **11**

3.1 Zuchtziel 12

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **12**

5 Rassedachverbände oder Vereine **13**

6 Informationen aus dem Herdbuch **14**

6.1 Verteilung auf Verbände 14

6.2 Herdenstruktur 15

6.3 Kennzahlen der Zucht 16

7 Populationsanalyse **18**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 18

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 20

7.3 Genanteile 24

7.4 Mittleres Generationsintervall 25

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 26

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 30

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 32

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 33

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 15

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 23
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 28
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Alpines Steinschaf) 29

Tabellenverzeichnis

1 Leistungsspektrum 11
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände 14
3 Verteilung der Tiere auf Regionen 14
4 Anzahl Herden in den Verbänden 15
5 Verteilung der Herden auf Regionen 15
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 16
7 Entwicklung der Zucht 16
8 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 17
9 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 18
10 Verteilung auf Verbände 19
11 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 20
12 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 22
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (349 Tiere) 22
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (132 Tiere) 24
15 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 25
16 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 25
17 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 26
18 Kennzahlen zu Foundertieren 30
19 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 31
20 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 32
21 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 32

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(Christian Mendel, 2012)

Das Alpine Steinschaf ist die historische Ausgangsrasse der Bergschafzucht im Ostalpenraum. Heute gehört diese Rasse zu den am stärksten vom Aussterben bedrohten, deutschen Schafrassen.

Zu Beginn des 20. Jahrhunderts kam das Steinschaf noch in folgenden Gebieten vor: In Bayern konnte man es hauptsächlich in Berchtesgaden finden, in großen Teilen der Umgebung Traunsteins und südöstlich von Rosenheim. In Österreich war das Steinschaf in Salzburg am stärksten vertreten und hielt sich noch in Reinzucht im Oberpinzgau und Teilen des restlichen Pinzgaues sowie in den Arltälern, in Geißau, und teilweise noch im Tennengebirge. In Nord- und Osttirol waren bereits damals alle Steinschafe mit Ausnahme des Gebietes der nördlichen Hänge der Kitzbühler Alpen eingekreuzt, und in Kärnten hatte es sich auf den obersten Teil des Mölltals zurückgezogen. In Südtirol war das Steinschaf noch im Obervinschgau, Eisack-, Passeier- und oberen Pustertal beschrieben worden; 1964 war dieser Bestand auf weniger als 1 000 Stück reduziert.

Zwei neuere wissenschaftlichen Arbeiten, die sich mit der Abstammung der Bergschafrassen beschäftigten, ergaben folgende Schlussfolgerungen: WASSMUTH UND MITARBEITER (2000) stellten mit Hilfe von stichprobenartigen Blutuntersuchungen verschiedener Bergschafrassen fest, dass das Steinschaf trotz unterschiedlicher Einkreuzungen auf das neolithische Torfschaf zurückgeht. Die genetische Differenzierung der Schafrassen im Ostalpenraum untersuchte BAUMUNG (2003) anhand von 25 Microsatelliten-Loci. Das Alpine Steinschaf zeigte deutliche genetische Distanzen zu den drei anderen Rassen der Steinschafgruppe – dem Montafoner, Krainer und Tiroler Steinschaf. Alle regionalen Steinschafrassen konnten eindeutig als eigenständige Rassen eingestuft werden.

In Bayern begann die Herdbuchzucht mit der Initiative der Züchter Dr. Gerhard Burkl und Christian Haarpaintner, die seit 1985 bei ihren ungezählten Fahrten noch dem ursprünglichen Typ entsprechende Einzeltiere aus Berchtesgaden, Garmisch, Nauders und Weerberg (Tirol) zukauften. Dr. Reiner Seibold brachte in einer Rettungsaktion die letzten reinrassigen Tieren aus Nauders nach Bayern und überließ sie Dr. Christian Mendel. Der Zuchtbetrieb von Josef Aschauer, Ramsau hatte schon immer Alpine Steinschafe gehalten, die dann 1997 ins Herdbuch eingetragen wurden.

Im Rahmen eines ersten Zusammentreffens von Alpinen Steinschafzüchtern aus Bayern und Österreich am 23. Februar 2000 in Rohrdorf wurde für die Rasse eine einheitliche Rassebeschreibung und -bezeichnung festgelegt. In den folgenden Jahren intensivierte sich der Kontakt unter den Züchtern. Im Rahmen einer Prämierung auf der Glentleiten wurde am 9. Oktober 2004 die Arbeitsgemeinschaft der Alpinen Steinschafzüchter gegründet. Zur Sprecherin wurde Renate Aschauer gewählt.

Die Züchterinnen Renate Aschauer und Nathalie Ketterle erstellten eine Projektidee zur Wollvermarktung. Mit verschiedenen Partnern werden seitdem typische Wollprodukte, wie zum Beispiel Troyer, Zopfjacken und –westen, Mützen, Handschuhe und Socken aus Garn sowie aus Filz Einlagesohlen, Taschen und Rücksäcke hergestellt. Ab 2007 schloss sich Birgit Kessler-Prusko als dritte Steinschafzüchterin dem Wollprojekt aktiv an.

Jedes Jahr treffen sich nun die Züchter und Freunde dieser Rasse auf einem Zuchtbetrieb in Bayern oder Österreich. Dort werden aktuelle Themen besprochen, eine Wollsammlung durchgeführt und die jeweiligen Betriebe besichtigt. Die angelieferte Schweißwolle wird

gemeinsam begutachtet, sie ist handverlesen, rein schwarze Wolle wird gesondert sortiert.

Mit der Ernennung zur Rasse des Jahres 2009 durch die Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen in Deutschland wurde diese Rasse auch einem größeren Publikum vorgestellt.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung er-

folgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)

- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht
- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an

die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt. Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssystem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw.

Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Es ist ein feingliedriges, kleines bis mittelgroßes Schaf, mit breitem und tiefem Körper. Das Kopfprofil ist gerade und das Nasenbein leicht gebogen, die Ohren stehen leicht hängend ab. Die Böcke tragen häufig einfach gebogene oder schneckenartige Hörner, bei Mutterschafen sind gelegentlich Knaupen oder einfach gebogene Hörner anzutreffen. Der lange bewollte Schwanz reicht bis zum Sprunggelenk, das Ende ist häufig geknickt. Das Gesichtsfeld, der Bauch und die Füße sind in der Regel unbewollt. Das Vlies ist mischwollig und es kommen alle Wollfarben und Farbzeichnungen vor, vor allem auch graue Wollen. Die Brunst ist asaisonal, eine zweimalige Lammung je Jahr ist möglich. Wegen der Frühreife kann die Erstzulassung im Alter von 7 bis 8 Monaten erfolgen. Aufgrund seiner Zutraulichkeit gut geeignet für die Haltung in kleinen Beständen.

Tabelle 1: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	60-75	3,5		73-80	
Jährlinge	40-60	2,0			
Lammböcke		3,0			
Mutterschaf	45-60	3,0	170-200	65-70	
Zuchtlämmer					

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Schlachtlämmern im Bereich von 200 - 250 g, das handelsübliche Lebendgewicht bei rund 35 bis 40 kg.

3.1 Zuchtziel

Züchtung eines anpassungsfähigen, widerstandsfähigen, robusten Schafes für die rauen Lagen des Hochgebirges, mit ausgezeichneter Trittsicherheit, besten Muttereigenschaften, Langlebigkeit sowie hoher Fruchtbarkeits- und Aufzuchtleistung.

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Alpines Steinschaf:

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.
Haydnstraße 11
80336 München
Tel.: 089 / 53 62 27
Email: bhg-schafzucht@t-online.de
www.bhg-schafzucht.de

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
Kölnische Str. 48 - 50
34117 Kassel
Tel.: 0561/16984
Email:
www.schafe-hessen.de

Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 0711/16655-40
Email: Wohlfarth@schaf-bw.de
www.schaf-bw.de

Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.
Peter-Klöckner Str. 3
56073 Koblenz
Tel.: 0261/91593231
Email: rainer.wulff@lwk-rlp.de

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

Arbeitsgruppe der Alpinen Steinschafzüchter e. V.
83586 Ramsau
Email:info@alpines-steinschaf.de
www.alpines-steinschaf.de

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Die Zucht in Deutschland ist wesentlich bestimmt durch eine organisatorische und räumliche Verteilung der Zuchttiere. In Tabelle 2 wird deutlich, dass die Elterntiere der Population zum Grossteil ihren Ursprung in der BHG haben. Dies spiegelt sich auch in der räumliche Verteilung der Tiere wider (siehe Tabelle 3). In Abbildung 1 wird der bayrische Schwerpunkt der Zucht unterstrichen, wobei deutlich wird, dass das Hauptzuchtgebiet im direkten Alpinen Raum (Postleitzahlbezirk 8) zu finden ist. Dass sich auch weitere Zuchtgebiete entwickeln, ist aus seuchenhygienischen Gründen positiv zu bewerten ist.

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
BHG	20	343
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	0	3
LSV Baden-Württemberg e.V.	4	22
Hessen	1	5
Gesamt(Alle Verbände)	25	373

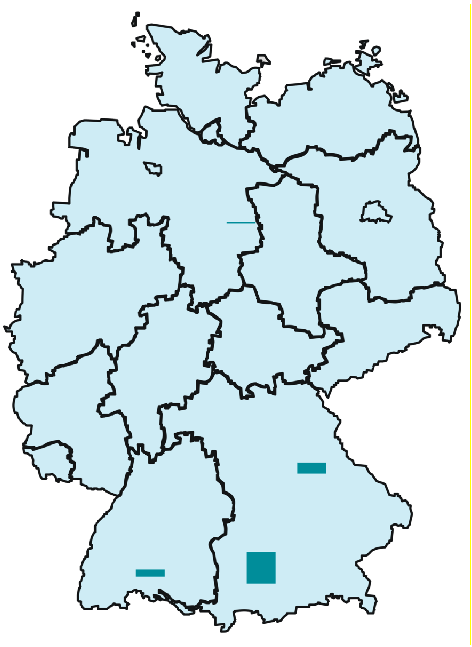
[a]für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
12	3
59	7
183	8
73	9

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



6.2 Herdenstruktur

Für die Zuchtarbeit ist die Herdenstruktur ein beeinflussender Faktor. In Tabelle 4 sind Anzahlen der aktiven Zuchtherden in den Verbänden aufgeführt. Wie aus den Abschnitt 10 zu erwarten wird der bayrische Schwerpunkt mit der regionalen Verteilung (vergl. Tabelle 5) der Zucht unterstrichen.

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	Hessen
6	LSV Baden-Württemberg e.V
22	BHG
29	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
1	3
6	7
15	8
7	9
29	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

In Tabelle 6 ist die Verteilung der Zuchtherden nach Herdengrössen dargestellt. Die Zucht des Alpinen Steinschafes erfolgt vornehmlich in Beständen unter 20 Mutterschafen.

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
6	1 bis 9
20	10 bis 19
1	20 bis 29
1	30 bis 39
1	40 bis 49

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

Eine tragfähige Zuchtarbeit kann an der Entwicklung der Zucht beurteilt werden. In Tabelle 7 sind Kennzahlen über die Jahre vor dem Hintergrund der einzelnen Selektionsstufen im Zuchtprogramm dargestellt. Für das laufende Jahr 2012 sind noch nicht alle Erfassungen bzw. Massnahmen abgeschlossen. Seit Beginn diese Jahrtausends zeigt sich ein kontinuierlicher Anstieg der Zahlen. Besonders in den letzten 6 Jahren ist es zu einer Verdoppelung der Ablammungen und damit der geborenen Lämmern gekommen. Der Erhöhte Bedarf an Remonten wird zu dem auch in einem Anstieg der Körungen und Herdbuchaufnahmen deutlich. Ab 2010 scheint der Wachstumstrend der Zucht zum erliegen zu kommen. Ob sich das Niveau einpendelt kann zur Zeit nicht beurteilt werden. Die Leistungsprüfung im Feld auf Gewichtszunahmen spielt in der Zuchtarbeit eine untergeordnete Rolle.

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	75	106	10	3	12
2001	84	115	23		21
2002	89	124	17		48
2003	88	120	16	4	28
2004	121	159	28	3	45
2005	138	183	10	5	38
2006	140	188	22	3	50
2007	185	254	39	5	63
2008	208	290	58	8	123
2009	285	417	113	16	85
2010	349	529	121	13	134
2011	346	511	86	18	121
2012	163	273	4	24	99

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Auch im Rahmen des Programms zur TSE-Resistenzucht wurde einige Untersuchungen beim Alpinen Steinschaf durchgeführt. Eine Übersicht zu den Ergebnissen bei ausgwählten Genotypausprägungen ist in Tabelle 8 zu finden.

Tabelle 8: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	19	10.5	2	21.1	4	-	-	-	-	5.3	1	10.5	2
2001	18	11.1	2	38.9	7	5.6	1	-	-	-	-	5.6	1
2002	21	9.5	2	19.0	4	19.0	4	-	-	-	-	23.8	5
2003	21	33.3	7	14.3	3	4.8	1	-	-	4.8	1	4.8	1
2004	19	5.3	1	21.1	4	5.3	1	5.3	1	-	-	5.3	1
2005	24	33.3	8	16.7	4	8.3	2	-	-	-	-	8.3	2
2006	21	28.6	6	38.1	8	9.5	2	14.3	3	-	-	-	-
2007	3	33.3	1	33.3	1	-	-	-	-	-	-	33.3	1
2011	3	33.3	1	66.7	2	-	-	-	-	-	-	-	-
2012	7	42.9	3	42.9	3	-	-	-	-	-	-	14.3	1

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 9 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 10 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die geborenen und registrierten Tiere der Rasse „Alpines Steinschaf“ nehmen über die Geburtsjahre kontinuierlich zu. Es ist davon auszugehen, dass erst ab den Jahren 2009 weitestgehend alle geborenen Tiere in den Herdbuchbetrieben im Datenmaterial verfügbar sind. Das Verhältnis der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 9 – vor allem in den letzten Geburtsjahre – ist ebenfalls ein Hinweis, dass aktuell alle geborenen Lämmer in Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden.

Aus Tabelle 10 ist eine Verteilung über alle Regionen in Deutschland ersichtlich. Die Rasse wird im süddeutschen Bereich, und hier fast ausschließlich in Bayern, gehalten.

Tabelle 9: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	6	10
1991	6	10
1992	9	11
1993	9	24
1994	20	32
1995	21	22
1996	33	36
1997	30	37
1998	33	51
1999	43	56
2000	49	70
2001	64	78
2002	68	75
2003	71	60
2004	66	105
2005	88	113
2006	91	111
2007	127	156
2008	150	157
2009	221	209
2010	261	269
2011	203	247

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 11 ist er-

sichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 11 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet. Laut Tabelle 11 leben von 56 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 29 und von 294 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 246.

29 noch lebende Schafböcke und 246 noch lebende Mutterschafe der Geburtsjahrgänge 2005 – 2010 bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring des Alpinen Steinschafes.

Tabelle 10: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	41
LSV Baden-Württemberg e.V.	75
SZV NRW e.V.	1
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	9
BHG	2.926

Tabelle 11: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	88	113	7	33	0	22
2006	91	111	6	27	4	20
2007	127	156	13	68	6	60
2008	150	157	11	68	6	53
2009	221	209	13	80	7	73
2010	261	269	6	18	6	18
Gesamt	938	1.015	56	294	29	246

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 12 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 13 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 12 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 13 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 14 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 14 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 12 von 29 Böcken (=41%) und 120 von 246 Mutterschafen (=49%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Die Pedigreevollständigkeit ist daher als sehr schlecht zu beurteilen. Die verbleibende Monitoring Population C des Alpinen Steinschafes umfasst dann noch 349 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Mit den verbleibenden Tieren sind die nachfolgenden Auswertungen zum genetischen Monitoring kaum mehr vernünftig durchzuführen.

Im Maximum sind bis zu 18 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert, in der Regel aber nur sehr wenige Ahnengenerationen verfügbar.

Tabelle 12: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1987	0	0.00	1	0.00
1990	0	0.00	2	0.00
1991	0	0.00	1	0.00
1993	1	0.00	2	0.00
1994	0	0.00	3	0.00
1995	1	0.00	5	0.00
1996	0	0.00	5	0.00
1997	2	0.32	2	0.13
1998	2	0.35	6	0.25
1999	3	0.48	11	0.30
2000	0	0.00	16	0.32
2001	3	0.46	15	0.19
2002	4	0.53	14	0.43
2003	4	0.27	14	0.65
2004	3	0.63	20	0.56
2005	6	0.51	26	0.70
2006	4	0.79	23	0.73
2007	11	0.59	36	0.77
2008	6	0.68	30	0.83
2009	4	0.78	44	0.85
2010	4	0.82	15	0.84

Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (349 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	12	0.81	120	0.86
2	21	0.58	85	0.61
3	11	0.58	51	0.28
4	9	0.32	20	0.26
5	3	0.40	8	0.24
6	1	0.00	5	0.05
7	1	0.00	1	0.00
8	0	0.00	1	0.00
Gesamt	58		291	

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

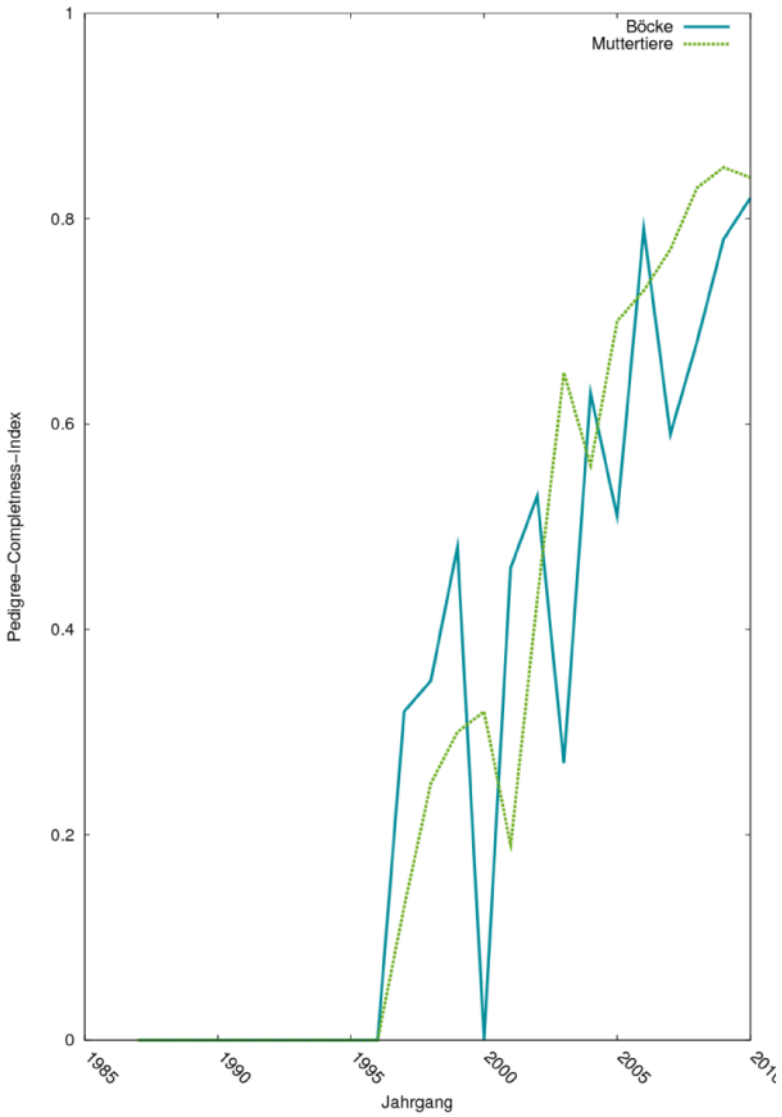


Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (132 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	0	0.00	10	0.82
2006	2	0.84	9	0.83
2007	2	0.81	25	0.87
2008	1	0.72	21	0.90
2009	3	0.82	40	0.87
2010	4	0.82	15	0.84
Gesamt	12		120	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 15 und die Muttertiere (Tabelle 16) ausgewiesen. Da so gut wie keine fremdrassigen Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern des Alpinen Steinschafes registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) kein Fremdgenanteil festzustellen

Tabelle 15: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Alpines Steinschaf	sonstige	unbekannt
2006	2	12.70	100.00	0.00	0.00
2007	2	14.84	100.00	0.00	0.00
2008	1	0.00	100.00	0.00	0.00
2009	3	13.45	100.00	0.00	0.00
2010	4	3.56	100.00	0.00	0.00
Ges.	12	9.14	100.00	0.00	0.00

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Alpines Steinschaf	sonstige	unbekannt
2005	10	18.48	100.00	0.00	0.00
2006	9	14.16	100.00	0.00	0.00
2007	25	10.95	100.00	0.00	0.00
2008	21	11.55	100.00	0.00	0.00
2009	40	11.71	100.00	0.00	0.00
2010	15	5.64	100.00	0.00	0.00
Ges.	120	11.51	100.00	0.00	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),

4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 17 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Auf der Vaterseite ist das Generationsintervall über ein Jahr kürzer als auf der Mutterseite, dies gilt für die Väter der Böcke und der Mutterschafe. Insgesamt ergibt sich für das Alpine Steinschaf ein mittleres Generationsintervall von 3,07 Jahre. Damit liegt das mittlere Generationsintervall erheblich unter dem Mittel über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre). Vor allem die Väter sind wesentlich jünger als in anderen Rassen.

Tabelle 17: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	12	2.34
Mutter auf Vater	12	3.77
Vater auf Mutter	120	2.54
Mutter auf Mutter	120	3.63

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.07 Jahre

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

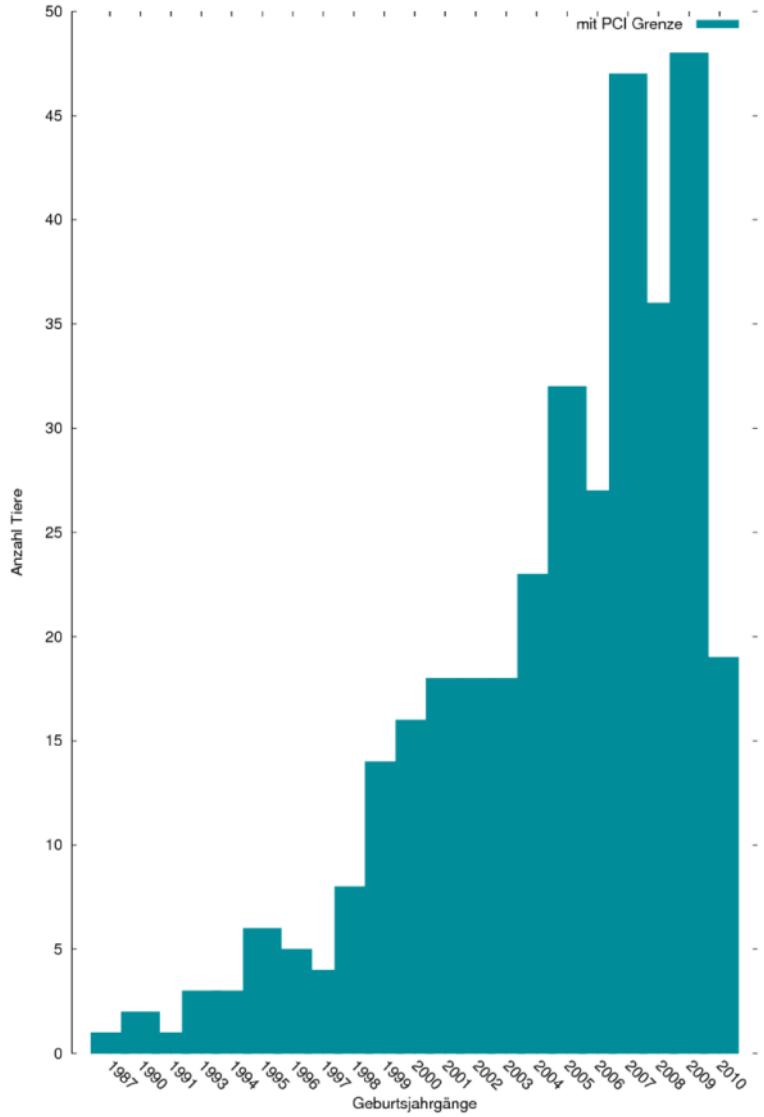
Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $> 0{,}70$ unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $> 0{,}70$ der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen Tierzahlen und der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen bei den verbleibenden Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann beim Alpinen Steinschaf auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht abgeleitet werden. Daher resultiert ein weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von $N_e = 295$, also größer als die absolut noch verfügbare Ausgangseltern- bzw. Zuchtpopulation. Aufgrund der unzulänglichen Daten ist die beschriebene Methodik bei der vorliegen-

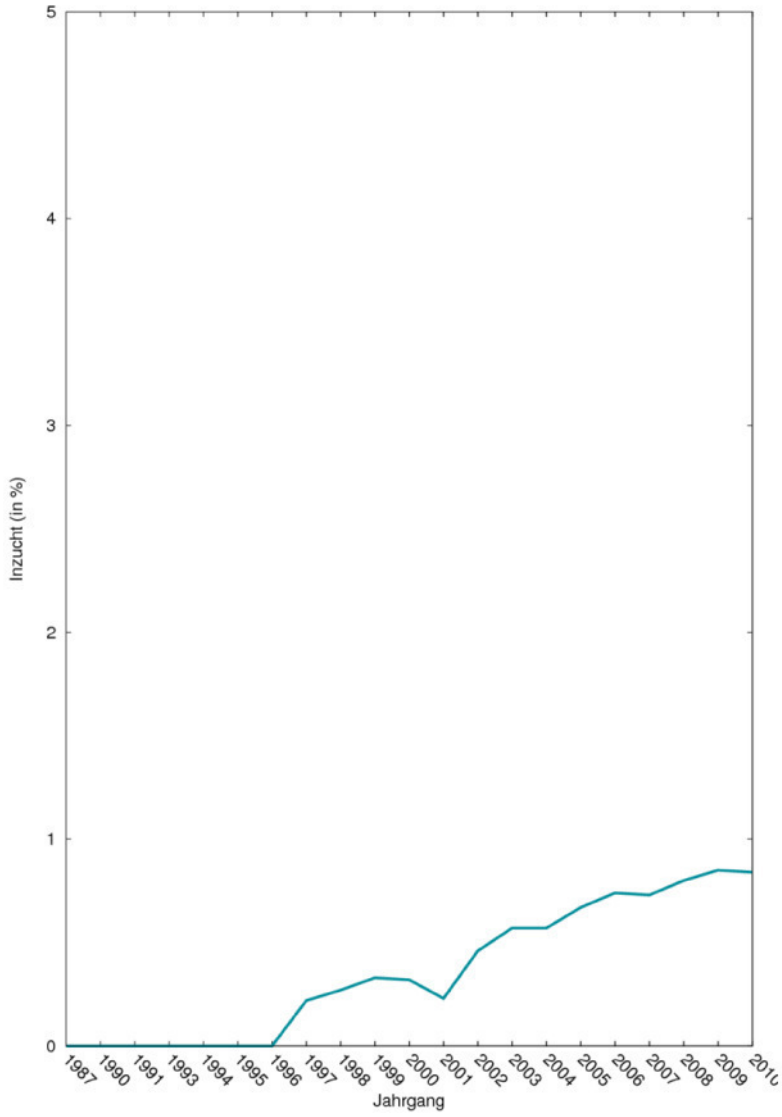
Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation



den Population bzw. Datengrundlage nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Mittl. Generationsintervall : 3.07 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 295.54

Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Alpines Steinschaf)



7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 18 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 19 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 12, berechnet aus 42 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 18, dürfte aufgrund der vorliegenden Datenstruktur der Realität wesentlich näher kommen, bzw. eine stichhaltigere Maßzahl sein, um die genetische Diversität in der Rasse zu beschreiben. Lt. Tabelle 19 haben 12 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation, einige weibliche Founder haben dabei einen sehr hohen Einfluß.

Tabelle 18: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	42	3	9
Anzahl effektive Foundertiere	12		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 20 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, $f_a = 6$, weist noch viel deutlicher auf die erheblich eingeschränkte genetische Diversität in der noch verbleibenden aktiven Zuchtpopulation hin. 10 dominante Ahnen (>2% Genanteil) sind in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 20). Ein 1998 geborener Bock hat dabei einen Genanteil von über 30% in der aktiven Zuchtpopulation. Allein dieses Tier, aber auch die folgenden wichtigsten Ahnen, verursachen einen erheblichen „Bottle Neck“ – Effekt.

Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen auf eine erheblich eingeschränkte bzw. kaum mehr vorhandene genetische Variabilität in der Rasse hin.

Tabelle 19: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
091510008	15.02.1993	weiblich	20.15
091510020	19.03.1996	weiblich	9.94
091450053	15.12.1994	weiblich	9.32
091450031	21.05.1993	männlich	7.17
091100013	15.02.2000	weiblich	7.09
091450056	15.10.1995	männlich	5.36
091510013	15.02.1995	weiblich	4.38
091100016	15.09.2000	weiblich	4.16
091450011	15.10.1987	weiblich	3.58
091450016	23.04.1990	weiblich	3.58
30703019335	01.09.1997	weiblich	3.13
30703027204	24.09.2002	männlich	3.13
307030315451	01.05.1998	weiblich	1.47
091100027	05.05.2002	weiblich	1.21
091370054	06.02.1999	weiblich	1.14
0898393643	02.03.2007	männlich	1.14
091370053	01.10.1996	weiblich	1.09
307030938151	18.11.2001	männlich	1.04
307030346651	28.03.2003	männlich	0.95
091510011	15.12.1995	weiblich	0.73

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
091510085	16.10.1999	weiblich	0.71
091450055	15.12.1994	weiblich	0.63
091320104	25.01.2001	weiblich	0.57
307030958551	13.02.2001	weiblich	0.52

Tabelle 20: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
091510039	07.10.1998	männlich	34.0
091450053	15.12.1994	weiblich	9.4
091510029	08.09.1997	männlich	8.2
091100013	15.02.2000	weiblich	7.3
30703028317	11.05.2004	männlich	6.0
091450056	15.10.1995	männlich	5.1
091510008	15.02.1993	weiblich	3.3
091100025	19.01.2002	männlich	3.3
091510030	17.09.1997	männlich	2.7
307030306161	15.03.2005	männlich	2.1

Anzahl effektiver Ahnen : 6

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 21 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (4,37%) der 29 Vatertiere zu den 246 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation zeigen ebenfalls die enge Blutführung auf.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 4.37 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 29
Anzahl verfügbare Mütter: 246

Tabelle 21: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
BW220013631	6.25	10.39	62.50	172	35

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
BW220013644	6.25	10.36	50.00	172	35
091230262	6.25	9.29	62.50	172	23
095440035	3.13	7.66	53.13	178	10
09GN1800	0.00	7.54	47.07	172	18
091100070	0.00	7.48	63.62	180	17
095440036	3.13	7.43	40.72	172	14
0898393643	0.00	7.11	54.79	172	7
08983913644	0.00	6.55	34.38	172	3
091530183	0.00	5.01	50.00	189	22
DE010991100010	0.00	4.85	25.00	188	1
091510125	12.50	4.19	38.77	177	21
DE010800433022	0.00	4.10	25.00	186	2
091100101	0.00	4.03	31.25	178	5
097470001	0.00	3.96	28.13	172	2
092310154	0.00	3.95	53.13	181	8
091530161	0.00	3.71	50.00	52	23
097330040	0.00	3.45	59.38	179	9
DE010991530016	3.13	3.15	34.38	181	7
DE010991510002	0.00	3.05	25.00	172	2
091530173	0.00	2.69	25.00	30	24
307030294310	0.00	1.65	50.00	30	2
091050090	0.00	0.98	25.00	32	3
DE010991230011	0.00	0.41	25.00	5	3
DE010991230011	0.00	0.41	25.00	5	3
AT26.282.951	0.00	0.05	12.50	1	0
M93	0.00	0.00	0.00	0	0
DE010971066271	0.00	0.00	0.00	0	0

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die Anzahl Tiere und die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist kaum mehr ausreichend für fundierte genetisch statistische Auswertungen, vor allem nicht für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e). Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt bzw. nicht real.

- Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen entspricht besser der Realität und weist auf eine kaum noch vorhandene genetische Diversität in der Rasse hin.

- Nach diesen Zahlen ist ein Erhaltungszuchtprogramm für die Rasse unbedingt vorzusehen und schnellstmöglich umzusetzen.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- BENTHEIMER LANDSCHAF -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

Service & Daten aus einer Quelle

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

1.1 Guter Landschaftspfleger 5

1.2 Förderung von Zucht und Vermarktung 6

1.3 Linien 7

2 Zuchtprogramm **7**

2.1 Leistungsprüfungen 7

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 7

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 10

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 10

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 11

2.3 Zuchtwertschätzung 11

2.4 Selektion 12

3 Rassebeschreibung **12**

3.1 Zuchtziel 13

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **13**

5 Rassedachverbände oder Vereine **15**

6 Informationen aus dem Herdbuch **15**

6.1 Verteilung auf Verbände 16

6.2 Herdenstruktur 17

6.3 Kennzahlen der Zucht 18

7 Populationsanalyse **21**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 21

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 23

7.3 Genanteile 27

7.4 Mittleres Generationsintervall 28

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 29

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 33

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 36

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 37

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 17
2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 26
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 31
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Bentheimer Landschaf) 32

Tabellenverzeichnis

1 Stammväter von Linien 7
2 Leistungsspektrum 13
3 Verteilung Elterntiere auf Verbände 16
4 Verteilung der Tiere auf Regionen 16
5 Anzahl Herden in den Verbänden 17
6 Verteilung der Herden auf Regionen 18
7 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 18
8 Entwicklung der Zucht 19
9 Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein 19
10 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 20
11 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 22
12 Verteilung auf Verbände 22
13 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 23
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 25
15 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (4286 Tiere) 27
16 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1517 Tiere) 27
17 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 28
18 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 28
19 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 29
20 Kennzahlen zu Foundertieren 33
21 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 34
22 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 35
23 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 36

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(nach Klaus Gerdes 2002 und Tobias Böckermann 2011 - Foto: Tobias Böckermann)

Während in Niedersachsen in den reinen Heidegebieten ohne Grünland fast ausschließlich Heidschnucken verbreitet waren, konnte sich in der Grafschaft Bentheim, im benachbarten Emsland und in der niederländischen Provinz Drenthe ein etwas anspruchsvolleres Schaf entwickeln. Ein „Bentheimer Schaaf“wurde erstmals 1864 in einer Beschreibung der Landwirtschaft in der Grafschaft Bentheim und des Herzogtums Arenberg-Meppen erwähnt. Hervorgehoben wurde schon damals die im Vergleich zu Heidschnucken außerordentliche Leistung der Tiere. Es ist davon auszugehen, dass das Bentheimer Schaf mit dem Schoonebeeker Schaf in den benachbarten Niederlanden eine ursprünglich fast identische Schwesterrasse besitzt und dass beide durch Kreuzung bodenständiger Heideschafrassen, die auf beiden Seiten der Grenze existierten, in einer gemeinsamen Ursprungsregion entstanden sind.

Die züchterische Bearbeitung des Bentheimer Schafes erfolgte seit 1934. Man hatte frühzeitig erkannt, dass das Bentheimer Landschaf seine volle Leistungsfähigkeit erst dann erbringt, wenn ihm neben Heide- und Moorflächen auch qualitativ besseres Futter angeboten wird. Auch im Winter fütterte man deshalb nicht nur Stroh, sondern man gab den Schafen auch etwas Heu und in der Region Neuenhaus in der Grafschaft Bentheim auch Leinkuchen. Die so erzeugten Schlachtkörper waren auch im benachbarten Ausland begehrt. So wurden schon im Jahr 1867 5000 Bentheimer Schafe nach Frankreich verkauft. Viele Schafe wurden auch jährlich über den Markt in Lingen an der Ems verkauft. Weiterentwickelt wurde das Bentheimer Landschaf vor allem in einigen größeren Stammherden, wie z. B. den damaligen Krupp´schen Betrieben im Emsland. Diese bewirtschafteten die riesigen landwirtschaftlichen und Heideflächen eines Schießplatzes.

1952 machte das Bentheimer Landschaf 3,2 Prozent des Schafbestandes aus, was in etwa 20-25.000 Tieren entsprochen haben dürfte. Schon kurze Zeit später ging aber die Schafzucht im Allgemeinen stark zurück und die zunehmende Kultivierung der Heiden und Moore ließ den Bestand des Bentheimer Landschafes 1970 auf 400 Tiere einbrechen. Es gab nur noch drei Herdbuchbetriebe, die allesamt im Emsland beheimatet waren.

Erfreulicherweise hat sich die Zahl der Herdbuchbetriebe im Weser-Ems Gebiet seitdem wieder erhöht. Im Jahr 1985 waren es bereits 11 Betriebe mit 205 Herdbuchtieren, im Jahr 1991 wurden von 21 Betrieben 389 Tiere gezählt und zum Jahreswechsel 2001/02 waren es bereits 1050 eingetragene Tiere in 32 Beständen. Doch trotz steigender Bestandszahlen war es nicht möglich, das Bentheimer Landschaf aus eigener Kraft zu erhalten. Zu eng waren die auf wenige Blutlinien reduzierten Zuchtmöglichkeiten geworden. Deshalb wurde Ende der 1980er Jahre die Zuchtbasis erweitert durch den Einsatz von Böcken der Rasse Causses du Lot. Neben diesen Pyrenäenschafen aus dem südwestfranzösischen Departement Lot wurden zur Blutauffrischung vereinzelt auch Tiere der Rasse Rhönschaf und Schoonebeeker Schaf aus den Niederlanden eingesetzt, so dass die heutige Bentheimer Zucht auf insgesamt neun Blutlinien zurückgeht.

1.1 Guter Landschaftspfleger

Der jüngste Auftrieb in der Bestandsentwicklung der Bentheimer Landschafe beruht vor allem auf die Eignung zur Landschaftspflege. Aufgrund fehlender eigener Rassen mußten Schäfereien der neuen Bundesländer nach der Wiedervereinigung geeignete „Landschaftspfleger“ importieren. Hier fiel gleich mehrfach die Entscheidung zugunsten der Benthei-

mer, so dass diese Rasse jetzt in Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg und in Sachsen zu finden ist. Im Bundesland Sachsen wird das über 2000 ha große Naturschutzgebiet der Gohrischheide gepflegt. Hier verbeißen die Bentheimer u. a. Landreitgras, Besenginster und Birkenjungwuchs und sorgen für die gewünschte offene Landschaft, die ohne Schafbeweidung rasch verbuschen würde. Aber auch im Emsland und in der Grafschaft Bentheim, dem Ursprungsgebiet, und in der Diepholzer Moorniederung werden Bentheimer Landschafe im Rahmen von Pflegeverträgen zwischen Schäfern und Naturschutzbehörden erfolgreich zur Landschaftspflege eingesetzt. Hierbei kommen ihnen die Anpassungsfähigkeit und die gute Futterverwertung bei großem Pansenvolumen zur Aufnahme großer Mengen rohfaserreichen Futters zugute. Bei der Zuchtwertermittlung für das Bentheimer Landschaf wird deshalb neben der Fleischleistung, Fruchtbarkeit und Wollqualität vor allem auch auf die Marschfähigkeit und Eignung zur Landschaftspflege geachtet.

1.2 Förderung von Zucht und Vermarktung

Die finanzielle Förderung der Zucht seltener Rassen hat sich sicherlich positiv auf die Bestandsentwicklung in der Herdbuchzucht des Bentheimer Landschafes ausgewirkt. Bei der GEH (Gesellschaft zur Erhaltung alter und bedrohter Haustierrassen e.V.) jedenfalls wird die Rasse nach wie vor in der Rubrik „stark gefährdet“ geführt. Das Bentheimer Landschaf wurde bei der GEH zur Rasse des Jahres 2005 erklärt und es gibt in Zusammenarbeit mit den Schafzuchtverbänden zahlreiche Aktivitäten und Veranstaltungen, wo auf die Qualitäten und Vorzüge dieser Rasse aufmerksam gemacht wird. Auch die Biologische Schutzgemeinschaft Hunte Weser-Ems (BSH) machte jüngst auf die immer noch kritische Bestandssituation aufmerksam und ernannte das Bentheimer Landschaf zum Haustier des Jahres 2002.

Der Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V. führt jährlich am letzten Sonnabend im Juli in Uelsen (Bentheim) eine Kör- und Absatzveranstaltung für Böcke der Rasse Bentheimer Landschaf durch. Die Veranstaltung in Uelsen wird derzeit regelmäßig von Züchtern aus allen deutschen Zuchtverbänden beschickt. Neuerdings werden im Interesse von Neueinsteigern in die Bentheimer Zucht auch ausgewählte weibliche Jungschafe aufgetrieben und zur Versteigung angeboten.

Im Jahr 2007 wurde der Verein zur Förderung der alten Nutztierrassen der Grafschaft Bentheim *Bentheimer Landtiere e.V.* gegründet und aus der reinen Schafkörung und Auktion wurde der Bentheimer Haus- und Nutztiertag. Am Veranstaltungstag werden Freunde und Förderer des Vereins sowie Ehrengäste zum Lammessen eingeladen. Der Verein gewährt den Käufern von Zuchtböcken eine Ankaufbeihilfe und unterstützt die Züchter bei der Aufzucht von Jährlingsböcken. Auch die Pflege der Wacholderheiden der Grafschaft Bentheim mit Bentheimer Landschafen wird unterstützt. Dazu wurde der Grafschafter Wacholderlikör entwickelt. Von jeder verkauften Flasche erhält die Naturschutzstiftung der Grafschaft Bentheim einen fixen Betrag, der der Landschaftspflege zu Gute kommt.

Festzuhalten bleibt: Das Bentheimer Landschaft gehört zum Kulturgut der norddeutschen Moor- und Heidelandschaften. Die Erhaltung der Rasse dient der Bereicherung der deutschen Schafzucht und der genetischen Vielfalt in der Tierzucht. Die Rasse liefert marktfähige Schlachtkörper und steht gleichzeitig für die wichtigen Aufgaben in der Landschaftspflege zur Verfügung.

1.3 Linien

Tabelle 1: Stammväter von Linien

Linie	Gründer	Herdbuchnr.	Geburtsdat.	Herkunft
D	Didier	5567	22.09.1986	Causse du Lot, Frankreich
F	Franz	5565	07.09.1987	Causse du Lot, Frankreich
H	Holder	5402	10.02.1982	Schonebeeker Heideschaap, Holland
I	Holzer	5564	14.11.1986	Schonebeeker Heideschaap, Holland
L	Polo	5266	10.01.1979	Ursprungszucht
O	Oranier	5477	01.01.1982	Schonebeeker Heideschaap, Holland
P	Pole	5297	23.02.1980	Ursprungszucht
R	Purzel	5692	24.04.1988	Ursprungszucht
S	Lewin	5686	17.12.1987	Rhönschaf, Hessen

Derzeit werden noch 7 Blutlinien züchterisch bearbeitet: D, H, I, L, O, P und R. Die Linien S (Rhönschaf) und F (Causses du Lot) existieren wohl nicht mehr.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der

Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht

- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt. Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssys-

tem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 8 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Das Bentheimer Landschaf, aus der Kreuzung von schlichtwolligem Marschschaf mit Heideschaf entstanden, ist ursprünglich in Niedersachsen verbreitet. Es ist ein großrahmiges, hochbeiniges Schaf mit schwarzen Zeichen um die Augen und mit langen, großen Ohren mit meist dunklen Spitzen. Der Kopf ist schmal und länglich, unbewollt und besonders bei Böcken geramst. Bentheimer Landschafe sind hornlos. Neben der schwarzen Zeichnung ist vor allem der lange, bewollte Schwanz, der beinahe die Erde berührt, kennzeichnend für diese Rasse. Die schlichte Wolle des Bentheimer Landschafes ist rein weiß, hat ein Sortiment von D - DE (37 bis 38 Mikron). Mähnenbildung ist möglich.

Tabelle 2: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	85-105	4,0-5,0		75-80	
Jährlinge	60-85				
Lammböcke					
Mutterschaf	60-85	3,0-4,0	130-180	68-75	
Zuchtlämmer					

3.1 Zuchtziel

Züchtung eines anspruchslosen, marschfähigen und widerstandsfähigen Landschafes. Eine verlängerte Brunstsaison ist bei den Bentheimern stark ausgeprägt. Eine Erstzulassung ab sieben Monaten ist möglich.

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Bentheimer Landschaf:

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.
Haydnstraße 11
80336 München
Tel.: 089 / 53 62 27
Email: bhg-schafzucht@t-online.de
www.bhg-schafzucht.de

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/329777
Email: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de
schafzucht-niedersachsen.de

Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.
Mars-la-Tour-Str. 6
26121 Oldenburg
Tel.: 04 41-8 21 23
Email: LSV@LWK-Niedersachsen.de
www.schafzuchtverband-weser-ems.de

Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.
Dillinger Str. 67
66822 Lebach
Tel.: 06881/928-201
Email: anton.schmitt@lwk-saarland.de

Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.
Peter-Klöckner Str.
56073 Koblenz
Tel.: 0261/91593231
Email: rainer.wulff@lwk-rlp.de

Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431/332608
Email: info@schafzucht-kiel.de
www.schafzucht-kiel.de

Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.
Bleichstr. 41
33102 Paderborn
Tel.: 05251-32561
Email: schafzuchtverband@lwk.nrw.de
www.schafzucht-nrw.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

Arbeitsgemeinschaft Bentheimer Landschafe
26121 Oldenburg
Email: info@schafzuchtverband-weser-ems.de
www.schafzuchtverband-weser-ems.de

Literatur und Links im Internet

Hier eine Auswahl ohne Anspruch auf Vollständigkeit

- Bücher
  - Das Bentheimer Landschaf, Tobias Böckermann (2011)
- im Netz
  - www.bentheimer-landschaf.de

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände

nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Das Bentheimer Landschaf hat seinen Ursprung im Emsland, einer Region des Landeschafzuchtverbandes Weser-Ems. In Tabelle 3 wird deutlich, dass ca. 50% der Elterntiere in Weser-Ems gefunden werden. Daneben sind weitere Schwerpunkte in den Verbänden Berlin-Brandenburg, SZV NRW e.V. und LSV Niedersachsen. Diese organsitorische Verteilung spiegelt sich auch in der räumlichen Verteilung der Zuchttiere wider (siehe Tabelle 1 und Abbildung 1). Abbildung 1 verdeutlicht den Schwerpunkt der Zucht im Norden der Republik mit einer Verteilung von West nach Ost.

Tabelle 3: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
SZV NRW e.V.	13	262
Berlin-Brandenburg	35	433
LSV Niedersachsen	8	466
SH-S	1	6
BHG	1	22
Weser-Ems	37	1269
Saarland	4	15
Gesamt(Alle Verbände)	99	2473

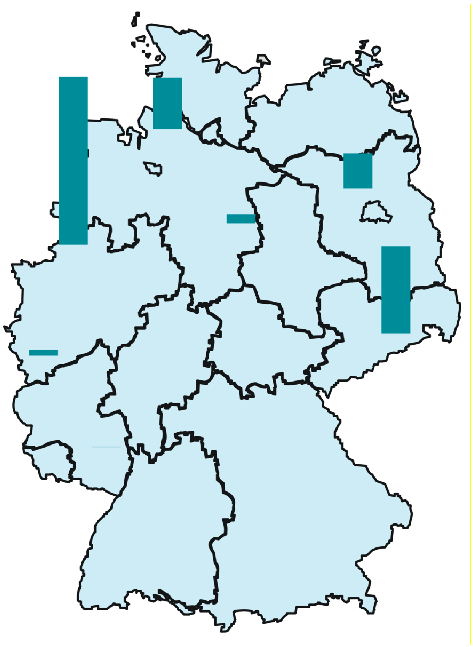
[a] für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Tabelle 4: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
513	0
232	1
310	2
51	3
961	4
37	5
3	6
1	9

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



6.2 Herdenstruktur

Tabelle 5 zeigt, dass die Zuchtherden vornehmlich in den Verbänden Weser-Ems uns SZV NRW e.V. betreut werden. In Tabelle 6 wird der regionale Schwerpunkt der Herden in den westliche Postleitzahlbezirken deutlich.

Tabelle 5: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	Saarland
6	Berlin-Brandenburg
7	LSV Niedersachsen
9	SH-S
11	SZV NRW e.V.
24	Weser-Ems
58	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 6: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
1	0
2	1
16	2
5	3
28	4
4	5
1	6
57	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Ein Grossteil der Zuchtherden sind mit bis zu 20 Mutterschafen bestückt, wobei es auch eine Reihe grösserer Herden gibt. 3 Herden haben sogar über 100 Tiere (siehe Tabelle 7).

Tabelle 7: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
21	1 bis 9
20	10 bis 19
6	20 bis 29
3	30 bis 39
2	40 bis 49
1	60 bis 69
1	70 bis 79
4	100 und mehr

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

Eine tragfähige Zuchtarbeit kann an der Entwicklung der Zucht beurteilt werden. In Tabelle 8 sind Kennzahlen über die Jahre vor dem Hintergrund der einzelnen Selektionsstufen im Zuchtprogramm dargestellt. Zusätzlich sind für das Bentheimer Landschaf die Kennzahlen aus der schleswig-holsteinischen Zuchtgebiet aufgeführt, da dort ein eigenständiges Herdbuchsystem genutzt wird. Mit ca 1.700 bis 1.900 Ablammungen pro Jahr kann von einer relativ stabilen Zucht bis zum Jahr 2009 ausgegangen werden. Ab 2010 deutet sich eine leichte Verringerung der Zuchtaktivitäten an, welches wohl dem allgemeinen Rückgang in der Schafzucht geschuldet ist. Die Feldprüfung zur Gewichtsentwicklung spielt keine Rolle, wie aus der geringen Anzahl an geprüften Tieren ersichtlich.

Tabelle 8: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	1754	2421	12	76	242
2001	1873	2500	9	66	712
2002	1992	2517	7	80	325
2003	1954	2063	9	68	487
2004	1855	2250	12	53	329
2005	1740	2178	12	54	441
2006	1763	2505	9	66	462
2007	1778	2504	7	86	357
2008	1476	2041	1	87	533
2009	1834	2630	18	68	538
2010	1410	2284	52	52	520
2011	1320	2143	59	37	276
2012	1410	2189		46	286

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 9: Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein

	Anzahl			
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2006				5
2007	5	8	4	8
2008	11	15	3	6
2009	17	26		23
2010	31	41		5
2011	34	61	4	4

Von jeweils über 300 Tieren aus den Geburtsjahren 2003 bis 2006 liegen Scrapie-Untersuchungsergebnisse vor (siehe Tabelle 10). In den jüngeren Jahrgängen ist ein starker Rückgang der Untersuchungsdichte zu verzeichnen. Ein Grund für den Rückgang ist sicherlich in der erfolgreichen Umsetzung des TSE-Resistenzuchtprogramms zu sehen (vergl. Abschnitt 2.2 auf Seite 11)

Tabelle 10: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	132	1.5	2	17.4	23	1.5	2	-	-	3.0	4	40.2	53
2002	217	4.1	9	23.0	50	4.1	9	3.7	8	4.6	10	31.3	68
2003	362	5.5	20	29.6	107	4.4	16	1.1	4	6.6	24	21.0	76
2004	323	5.9	19	35.6	115	5.6	18	1.9	6	7.1	23	20.4	66
2005	384	9.4	36	35.9	138	8.6	33	2.1	8	6.0	23	15.4	59
2006	334	18.3	61	36.8	123	8.7	29	0.3	1	6.3	21	15.6	52
2007	216	18.1	39	42.1	91	6.9	15	0.5	1	3.7	8	7.4	16
2008	164	23.2	38	38.4	63	6.7	11	1.2	2	3.7	6	11.0	18
2009	121	23.1	28	29.8	36	9.1	11	1.7	2	-	-	11.6	14
2010	84	26.2	22	33.3	28	4.8	4	1.2	1	6.0	5	14.3	12
2011	79	21.5	17	26.6	21	3.8	3	1.3	1	1.3	1	16.5	13
2012	14	35.7	5	35.7	5	-	-	-	-	-	-	14.3	2

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 11 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 12 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die Anzahl geborener und registrierter Tiere der Rasse „Bentheimer Landschaf“ ist seit 1990 ziemlich konstant ansteigend bis ca. 2000. Danach sind die Tierzahlen wieder etwas rückläufig. Ab 2004 ist die Anzahl registrierter Lämmer zwar schwankend, aber auf etwa demselben Niveau. Aufgrund des Verhältnisses der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 11 ist davon auszugehen, dass nicht alle geborenen männlichen Lämmer in den Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden (ca. 10% weniger). Laut Tabelle 12 wird die Rasse vor allem in Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen gehalten, eine kleinere Population ist auch in Brandenburg zu finden.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 13 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 13 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Aus Tabelle 13 ist ersichtlich, dass von 127 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 83 und von 1.799 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 1.606 leben. 83 noch lebende Schafböcke und 1.606 noch lebende Mutterschafe, geboren 2005 – 2010, bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring des Bentheimer Landschafes.

Tabelle 11: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	207	448
1991	347	555
1992	533	708
1993	571	744
1994	675	926
1995	839	1.179
1996	814	1.220
1997	1.063	1.545
1998	1.084	1.557
1999	1.304	1.789
2000	1.293	1.513
2001	1.265	1.589
2002	1.273	1.366
2003	949	1.148
2004	1.053	1.200
2005	1.023	1.175
2006	1.181	1.339
2007	1.184	1.349
2008	906	1.179
2009	1.223	1.461
2010	1.074	1.231
2011	963	1.026

Tabelle 12: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
LSV Niedersachsen	3.040
Weser-Ems	11.670
Berlin-Brandenburg	1.353
SZV NRW e.V.	3.320
Saarland	121
SH-S	32
BHG	357

Tabelle 13: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	1.023	1.175	25	342	12	244
2006	1.181	1.339	29	377	14	326
2007	1.184	1.349	32	357	19	331
2008	906	1.179	20	423	17	411
2009	1.223	1.461	18	254	18	248
2010	1.074	1.231	3	46	3	46
Gesamt	6.591	7.734	127	1.799	83	1.606

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 14 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 15 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 14 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 15 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 16 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 16 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 76 von 83 Böcken (=92%) und 1.441 von 1.606 Mutterschafen (=90%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Dieser Anteil an Tieren mit ausreichenden Abstammungsinformationen für das Monitoring ist im Vergleich zu anderen Schafrassen auf der männlichen Seite und auf der weiblichen Seite überdurchschnittlich. Die verbleibende Monitoring Population C des Bentheimer Landschafes umfasst dann 4.286 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Im Maximum sind bis zu 10 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert. Im Regelfall aber wesentlich weniger.

Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	1	0.00	3	0.00
1981	0	0.00	7	0.00
1982	1	0.00	5	0.00
1983	2	0.00	11	0.00
1984	0	0.00	9	0.04
1985	1	0.00	20	0.00
1986	3	0.00	15	0.00
1987	6	0.00	38	0.00
1988	10	0.12	49	0.05
1989	7	0.21	72	0.13
1990	8	0.14	87	0.14
1991	10	0.27	64	0.26
1992	17	0.30	59	0.35
1993	13	0.47	68	0.38
1994	15	0.43	101	0.40
1995	19	0.51	120	0.46
1996	25	0.46	128	0.58
1997	27	0.60	159	0.51
1998	22	0.66	168	0.66
1999	21	0.69	170	0.73
2000	18	0.71	153	0.73
2001	17	0.67	152	0.73
2002	28	0.81	204	0.79
2003	24	0.80	205	0.82
2004	19	0.86	146	0.86
2005	29	0.87	297	0.91
2006	27	0.91	357	0.92
2007	29	0.93	346	0.90
2008	16	0.96	369	0.91
2009	17	0.98	226	0.95
2010	3	1.00	35	0.96

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

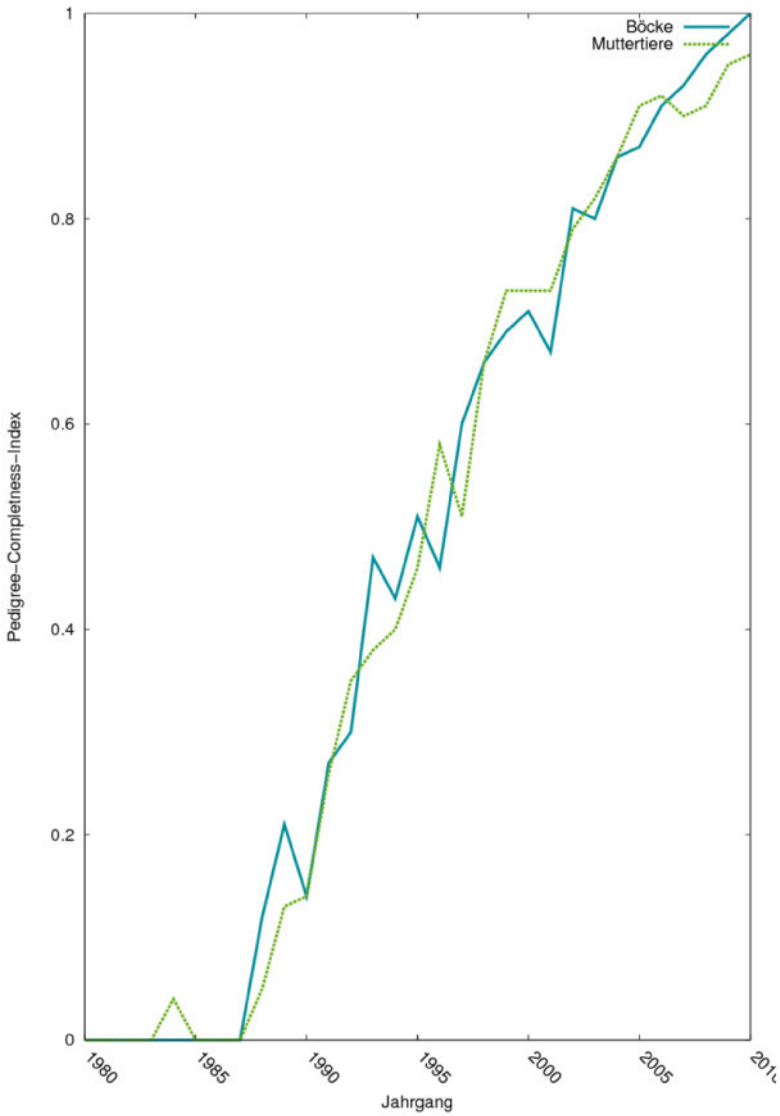


Tabelle 15: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (4286 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	76	0.95	1441	0.92
2	111	0.83	936	0.81
3	103	0.65	645	0.61
4	70	0.49	419	0.43
5	44	0.32	239	0.27
6	21	0.25	111	0.13
7	8	0.07	39	0.09
8	6	0.00	13	0.00
9	0	0.00	3	0.11
10	0	0.00	1	0.00
Gesamt	439		3847	

Tabelle 16: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1517 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	11	0.91	215	0.92
2006	13	0.93	300	0.92
2007	17	0.93	305	0.91
2008	16	0.96	362	0.91
2009	16	0.98	224	0.95
2010	3	1.00	35	0.96
Gesamt	76		1441	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Her-

kunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 17 und die Muttertiere (Tabelle 18) ausgewiesen. Da keine fremdrassigen Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern des Bentheimer Landschafes registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) kein Fremdgenanteil festzustellen.

Tabelle 17: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Bentheimer Landschaf	sonstige	unbekannt
2005	11	2.29	100.00	0.00	0.00
2006	13	2.24	100.00	0.00	0.00
2007	17	2.60	100.00	0.00	0.00
2008	16	2.29	100.00	0.00	0.00
2009	16	2.58	100.00	0.00	0.00
2010	3	2.57	100.00	0.00	0.00
Ges.	76	2.42	100.00	0.00	0.00

Tabelle 18: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Bentheimer Landschaf	sonstige	unbekannt
2005	215	2.67	100.00	0.00	0.00
2006	300	3.29	100.00	0.00	0.00
2007	305	1.87	100.00	0.00	0.00
2008	362	1.97	100.00	0.00	0.00
2009	224	2.18	100.00	0.00	0.00
2010	35	3.23	100.00	0.00	0.00
Ges.	1441	2.39	100.00	0.00	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter

- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 19 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Abgeleitet aus dem Alter der Eltern der Monitoring-Ausgangspopulation C sind die Väter der Böcke und der Muttertiere etwa gleich alt. Die Mütter der Böcke sind etwas jünger als die Mütter der Mutterschafe. Insgesamt liegt das mittlere Generationsintervall mit 3.65 Jahren ziemlich genau im Mittel über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre).

Tabelle 19: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	76	3.16
Mutter auf Vater	76	4.01
Vater auf Mutter	1.441	3.10
Mutter auf Mutter	1.441	4.32

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.65 Jahre

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und

vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße** ($\mathbf{N_e}$) ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

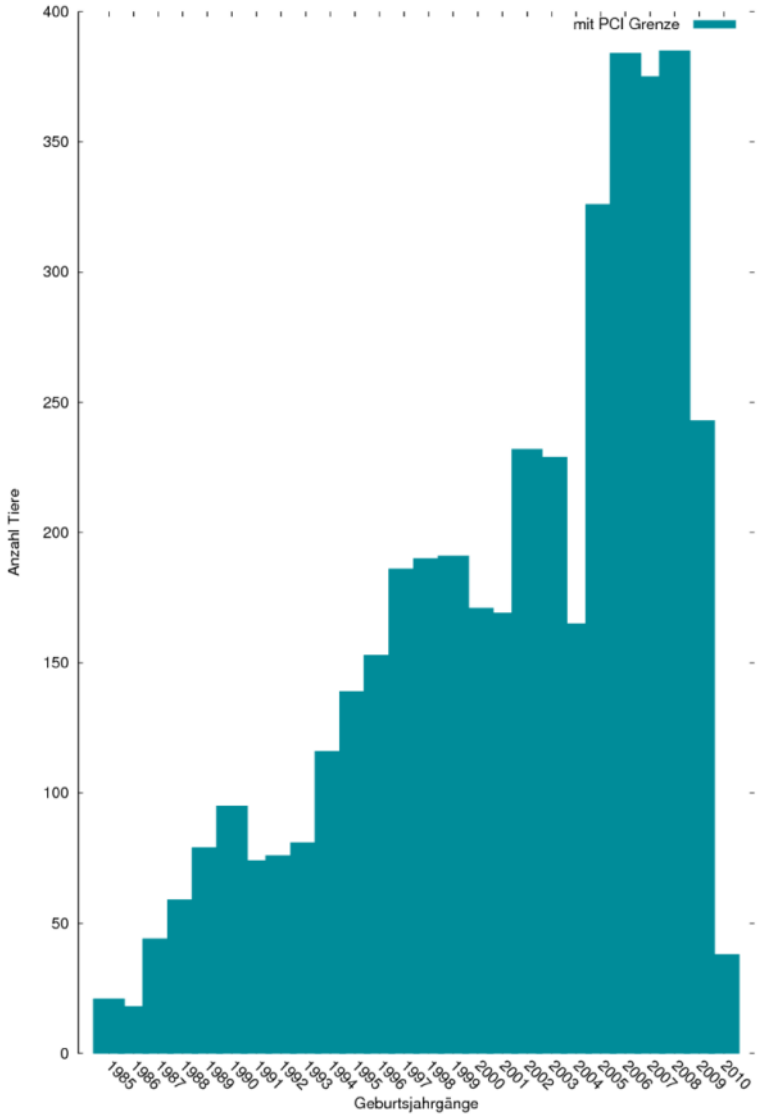
Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $>$ 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen

Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation

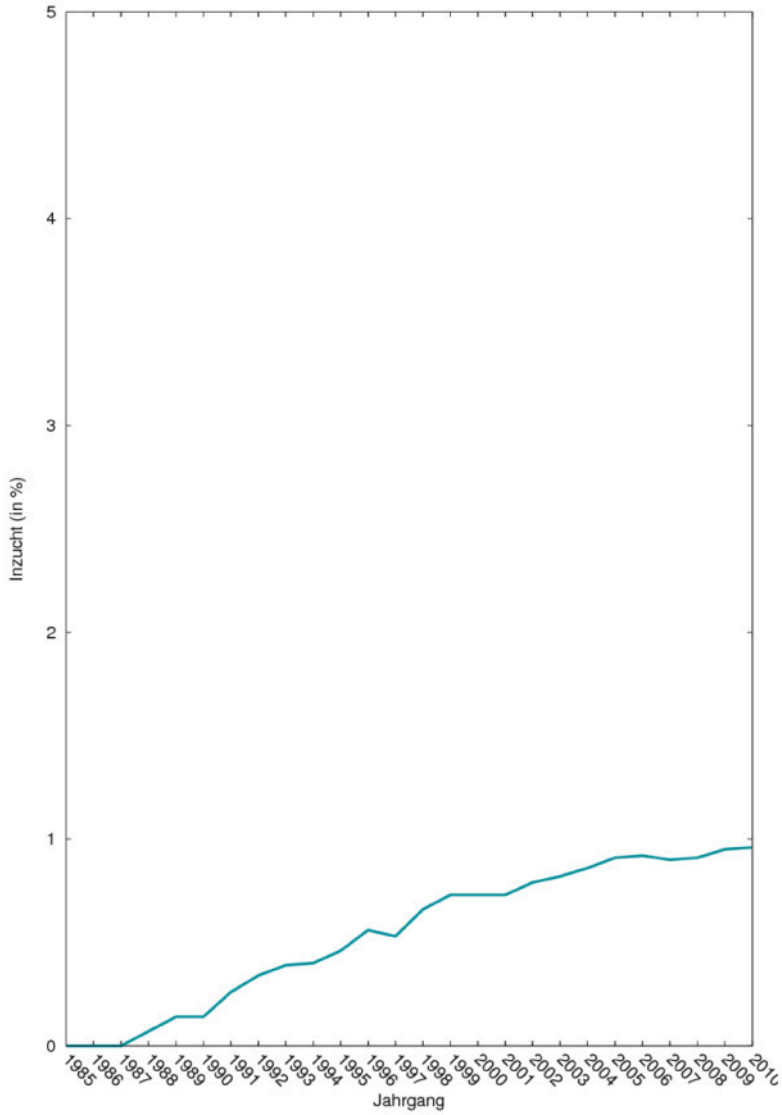


Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $> 0{,}70$ der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Aufgrund der geringen Tierzahlen, der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen und der Zucht innerhalb Herden, besteht kaum die Chance die reale Inzucht korrekt festzustellen bzw. zu berechnen. Bei den Bentheimer Landschafen kann daher auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden. Daher resultiert ein weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von $N_e = 343$. Aufgrund der teilweise unzulänglichen Daten ist die beschriebene Methodik bei dieser Rasse nicht geeignet zur Quantifizierung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Mittl. Generationsintervall : 3.65 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 342.97

Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Bentheimer Landschaf)



7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 20 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 21 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 65, berechnet aus 186 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 20, weist auf eine wesentlich engere Blutführung und genetische Variabilität hin als der Wert der effektiven Populationsgröße. Lt. Tabelle 21 haben 12 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation. Es ist aber kein dominanter Founder mit einem Genanteil $>$ 5% zu finden.

Tabelle 20: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	186	187	150
Anzahl effektive Foundertiere	65		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 22 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, f_a = 55 weist noch deutlicher auf die Überschätzung von Ne hin. Es sind 11 wichtige Ahnen (>2% Genanteil), in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 22). Der wichtigste Ahne, ein 2005 geborener und in Brandenburg registrierter Bock, hat einen Genanteil von 5%. Ein „Bottle Neck“ Effekt auf die Gesamtpopulation kann auf diesen Ahnen nicht zurückgeführt werden, allerdings hat er einen sehr starken Einfluss auf die Teilpopulation in Brandenburg. Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen damit auf eine eingeschränkte genetische Variabilität in der Rasse hin, die aber noch nicht dramatisch ist.

Tabelle 21: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
WE33/5402	10.02.1982	männlich	4.64
WE33/5647	10.03.1988	männlich	3.56
WE33/5567	22.09.1986	männlich	3.42
WE33/10969	14.03.1987	weiblich	3.25
WE33/5795	01.03.1989	männlich	3.10
WE33/10771	13.02.1984	weiblich	3.06
WE33/10859	15.06.1987	weiblich	3.04
NI33004010665	01.01.1981	weiblich	2.44
NI33001005582	24.02.1987	männlich	2.44
RH33/17	03.03.1989	weiblich	2.12
WE006585	24.12.2002	männlich	2.06
NI33006009343	26.01.1993	männlich	2.00
WE33/5625	28.12.1987	männlich	1.95
BB33004205018	24.04.2005	männlich	1.53
NI33001000076	12.02.1990	männlich	1.47
WE33/5620	04.03.1987	männlich	1.41
WE33/5408	02.02.1983	männlich	1.20
WE33/5692	27.04.1988	männlich	1.20
WE33/15772	19.12.1992	weiblich	1.19
NI33003087702	01.01.1987	weiblich	1.14
NI330086206	22.02.1994	männlich	1.13
WE33/5981	11.01.1992	männlich	1.12

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
WE33/10871	17.02.1986	weiblich	1.09
WE33/5565	07.09.1987	männlich	1.09
WE33/15541	08.03.1991	weiblich	1.07
WE33/5190	01.02.1977	männlich	1.06
WE33/10770	16.02.1984	weiblich	1.02
WE33/6009	01.03.1992	männlich	1.02
WE33/15082	09.03.1988	weiblich	1.00
WE33/10815	25.03.1985	weiblich	0.97
WE33/10864	22.01.1986	weiblich	0.88
WE33/15289	15.05.1989	weiblich	0.88
WE33/5840	16.01.1990	männlich	0.81
WE33/10950	01.02.1987	weiblich	0.79
WE33/5712	22.01.1989	männlich	0.78
NI33001015017	29.03.1988	weiblich	0.74
WE33/15421	21.01.1990	weiblich	0.73
WE33/5629	15.01.1988	männlich	0.73
WE33/5564	14.11.1986	männlich	0.72
WF003179	13.02.2004	männlich	0.69
WE33/10599	01.01.1982	weiblich	0.65
WE33/10812	07.02.1985	weiblich	0.63
WE33/15290	25.02.1989	weiblich	0.63
NI33004010677	01.01.1981	weiblich	0.63
RH33/05848	22.12.1990	männlich	0.62
WE33/10609	10.01.1982	weiblich	0.60
WE33/15239	12.01.1989	weiblich	0.60
BB33001020001	13.01.2000	männlich	0.58
NI33004010699	01.01.1983	weiblich	0.57
NI33001015008	27.02.1988	weiblich	0.56
WE33/5573	25.12.1986	männlich	0.51
WE33/15185	15.03.1989	weiblich	0.50

Anzahl effektiver Ahnen : 55

Tabelle 22: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
BB33001200128//1/05	21.01.2005	männlich	5.5
WE33/5402	10.02.1982	männlich	4.4
WE33/6683	02.02.2002	männlich	4.0
WE33/6605	16.03.2000	männlich	4.0
WF33/B1300	15.01.2001	männlich	3.9
WE33/5567	22.09.1986	männlich	3.0
WE33/10969	14.03.1987	weiblich	2.9
WE33/6231	09.12.1995	männlich	2.8
NI33001009681	08.02.1996	männlich	2.6
WE33/6288	21.01.1996	männlich	2.5
WE33/10859	15.06.1987	weiblich	2.3

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 23 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (2,33%) der 83 noch lebenden Vatertiere zu den 1.606 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation (Ausgangselternpopulation B) zeigt ebenfalls einen leichten Trend zu einer Blutlinienverengung.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 2.33 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 83
Anzahl verfügbare Mütter: 1606

Tabelle 23: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE011210054146	4.19	5.16	53.59	1545	69
DE011210001393	5.60	4.11	32.97	1545	1
DE011210054181	0.80	4.02	32.58	1545	19
DE011210054145	0.77	3.86	38.38	1545	23
DE010310276249	0.12	3.23	28.74	1544	18
DE010310456118	4.11	3.01	54.11	1542	11
DE011210076640	15.65	2.98	65.65	1536	29
DE011210096505	2.73	2.89	36.29	1545	22
DE010310002495	0.39	2.85	50.64	1537	60
DE010310512424	0.17	2.78	50.72	1543	58
DE010310245092	0.17	2.78	50.72	1543	58
DE010310268308	0.35	2.76	30.17	1535	12
DE011210054147	1.05	2.70	51.17	1545	18
DE010310512340	0.32	2.66	50.32	1535	59
DE010310100022	0.33	2.65	58.39	1526	16
DE010310585295	0.05	2.63	50.44	1545	35
DE010310100024	0.03	2.61	34.40	1544	12
DE010310511732	1.17	2.55	53.13	1532	5
DE010310456088	3.56	2.55	53.58	1544	9
DE010310505808	0.79	2.46	29.19	1545	13
DE010310732231	0.00	2.44	50.79	1538	13
DE010310276259	1.08	2.43	50.68	1544	22
DE010310099989	0.04	2.43	53.20	1544	15
DE010510340563	0.62	2.41	50.65	1544	10

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE010310099990	0.04	2.41	35.30	1544	15
DE010510130694	0.09	2.32	50.09	1544	13
DE010310245095	0.00	2.29	32.91	1541	30
DE010510130567	1.56	2.15	55.49	1531	16
DE010310505826	0.45	2.14	50.50	1545	12

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Tiere betrifft, ist relativ über alle Schafrassen gesehen zwar überdurchschnittlich, aber für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) immer noch suboptimal. Da zu wenig Ahnen bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher weit überschätzt.

- Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen entspricht eher der Realität und weist auf eine eingeschränkte genetische Varianz in der Rasse hin.

- Nach diesen Zahlen wären kurzfristig züchterischen Maßnahmen einzuplanen, um die genetische Variabilität in der Rasse gezielt zu erhalten. Diese sind in erster Linie über den gezielten Einsatz und Austausch von Vatertieren über Herden bzw. Regionen zu sehen. Die Vatertiere sollten zu den Muttertieren der Zielherden möglichst gering verwandt sein.

- Mittelfristig ist die weitere Entwicklung der Daten für eine fundiertere Analyse der Bewertungskriterien zu prüfen.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- BRAUNES BERGSCHAF -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

Service & Daten aus einer Quelle

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **5**

2.1 Leistungsprüfungen 6

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 6

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 9

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 9

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 9

2.3 Zuchtwertschätzung 10

2.4 Selektion 10

3 Rassebeschreibung **11**

3.1 Zuchtziel 11

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **11**

5 Rassedachverbände oder Vereine **14**

6 Informationen aus dem Herdbuch **14**

6.1 Verteilung auf Verbände 14

6.2 Herdenstruktur 16

6.3 Kennzahlen der Zucht 17

7 Populationsanalyse **20**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 20

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 22

7.3 Genanteile 26

7.4 Mittleres Generationsintervall 27

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 28

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 32

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 35

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 36

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 16

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 25
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 30
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Braunes Bergschaf) 31

Tabellenverzeichnis

1 Leistungsspektrum 11
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände 15
3 Verteilung der Tiere auf Regionen 15
4 Anzahl Herden in den Verbänden 16
5 Verteilung der Herden auf Regionen 17
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 17
7 Entwicklung der Zucht 18
8 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 19
9 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 21
10 Verteilung auf Verbände 21
11 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 22
12 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 24
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (1258 Tiere) 26
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (371 Tiere) 26
15 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 27
16 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 27
17 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 28
18 Kennzahlen zu Foundertieren 33
19 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 33
20 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 35
21 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 35

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(Christian Mendel, 2012)

Anfang des 17. Jahrhundert war das Zaupel- oder Steinschaf im bayerischen Teil der Alpen vorherrschend. Bis Ende der 30er Jahre des vorigen Jahrhunderts waren in Bayern vier verschiedene Bergschafrassen, nämlich das Stein-, Goggel-, Kärntner- und Bergamaskerschaf bekannt. Als Goggelschaf wurden alle Tiere bezeichnet, die nicht eindeutig einer der drei anderen Rassen zuzuordnen waren. Sämtliche vier Rassen tragen Schlichthaarwolle im C-CD-Charakter von großer Länge und meist seidigem Glanz. Bei allen Rassen sind melierte, braune und tiefschwarze Vliese zu finden.

Diese Rassenvielfalt widersprach der damaligen Bestrebung nach Rassenbereinigung und behinderte eine zielgerechte züchterische Arbeit in der gesamten deutschen Bergschafhaltung. Aus diesem Grund entschloss man sich im Jahre 1939 auf Anregung Bayerns (Dr. H. O. Diener, München), für das gesamte Bergschafzuchtgebiet einheitliche Zuchtziele und Zuchtverfahren aufzustellen. Über die bisherigen Lokaltypen und –schläge hinweg hat man sich dahin geeinigt, das größte und wirtschaftlichste Bergschaf im Typ des früheren Bergamasker-/Kärntnerschafes als anzustrebende Rasse zu züchten und dieses als „Deutsches Bergschaf“ zu bezeichnen.

Die beiden Rassen „Steinschaf“ und „Bergamaskerschaf“ bildeten die Ausgangsrassen für alle heutigen Bergschafrassen. Im geringen Umfang hat auch noch das Paduanerschaf die Bergschafrassen, vor allem das Kärntnerschaf, beeinflusst. Typisch für das Paduanerschaf waren die Brillenzeichnung und die schwarzen Ohrenspitzen.

Die ursprüngliche Rassenvielfalt in den Gebirgsregionen konnte in den letzten 30 Jahren aus kleinen Restbeständen wieder aufgebaut werden. Das „Braune Bergschaf“ ist ein ganzfarbig braunes Schaf im Typ des Weißen Bergschafes. Braune Schafe wurden vor allem für die Herstellung des naturfarbenen Lodens gehalten. Das Braune Bergschaf war in Bayern fast ausgerottet. Erst in den 70-er Jahren züchteten wieder einige Schafhalter diese Rasse. Als Hauptzuchtgebiet kristallisierte sich der Landkreis Miesbach heraus. Auf Antrag der Schafhaltervereinigung Tegernseer Tal wurde im Herbst 1977 das Braune Bergschaf als Rasse anerkannt und ins Bayerische Herdbuch aufgenommen.

1989 wurden mit unterschiedlichem Erfolg Braune Bergschafböcke aus Südtirol importiert. Die Braunen Bergschafzüchter schlossen sich 1992 zu einer Arbeitsgemeinschaft Braune Bergschafe (seit 2006 Schwarze und Braune Bergschafe) zusammen. Dem langjährigen Vorsitzenden Josef Grasegger, Partenkirchen, ist es zu verdanken, dass diese Rasse heute wieder einen festen Platz in der bayerischen Schafzucht einnimmt.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten

Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende

- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht
- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt.

Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssystem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Muster-

zuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Das Braune Bergschaf ist ein mittelgroßes bis großes, ganzfarbig braunes Landschaf der Alpenregion. Der schmale Kopf ist ramsnasig, hornlos und trägt breite, hängende Ohren. Das Vlies besteht aus einer cognacfarbenen bis sattbraunen Schlichtwolle in einer Feinheit von 32 bis 36 Mikron. Zweimal jährlich Schur. Das Brunstverhalten ist ausgeprägt asaisonal. Erstzulassung ist mit 8 Monaten möglich.

Leistungen

Tabelle 1: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	85-110	6,0-8,0		80-85	
Jährlinge	70-80	5,0-6,0			
Lammböcke					
Mutterschaf	70-80	4,0-6,0	180-200	72-80	
Zuchtlämmer					

3.1 Zuchtziel

Züchtung eines an raue Hochgebirgsbedingungen anpassungsfähigen, frühreifen Schafes mit hoher Fruchtbarkeit, Langlebigkeit und besten Muttereigenschaften.

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisatio-

nen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Braunes Bergschaf:

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.
Haydnstraße 11
80336 München
Tel.: 089 / 53 62 27
Email: bhg-schafzucht@t-online.de
www.bhg-schafzucht.de

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
Kölnische Str. 48 - 50
34117 Kassel
Tel.: 0561/16984
Email:
www.schafe-hessen.de

Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.
Karow, Zarchliner Str. 7
19395 Plau
Tel.: 038738/73071
Email: schafzucht@rinderzucht-mv.de
www.schafzucht-mv.de

Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 0711/16655-40
Email: Wohlfarth@schaf-bw.de
www.schaf-bw.de

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/329777
Email: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de
schafzucht-niedersachsen.de

Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.
Peter-Klöckner Str. 3
56073 Koblenz
Tel.: 0261/91593231
Email: rainer.wulff@lwk-rlp.de

Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.
Am Johannishof 3
99085 Erfurt
Tel.: 0361/7498070
Email: lv@thueringer-schafzucht.de
www.thueringer-schafzucht.de

Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.
Ostende 5
04288 Leipzig
Tel.: 034297/919651
Email: sszv leipzig@sszv.de
www.sszv.de

Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.
Bleichstr. 41
33102 Paderborn
Tel.: 05251-32561
Email: schafzuchtverband@lwk.nrw.de
www.schafzucht-nrw.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Das Braune Bergschaf hat seinen züchterischen Ursprung eindeutig in Bayern. Aber es haben sich auch vereinzelt in anderen Regionen Deutschlands Zuchtgebiete gebildet (vergl. Tabelle 2 und Tabelle 3 sowie Abbilung 1)

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
BHG	41	896
SSZV (Sachsen)	1	32
Berlin-Brandenburg	2	2
Hessen	2	46
LSV Niedersachsen	0	5
LSV Baden-Württemberg e.V.	13	69
SZV NRW e.V.	1	19
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	1	10
LV Thür. Schafzüchter e.V.	3	6
Gesamt(Alle Verbände)	64	1085

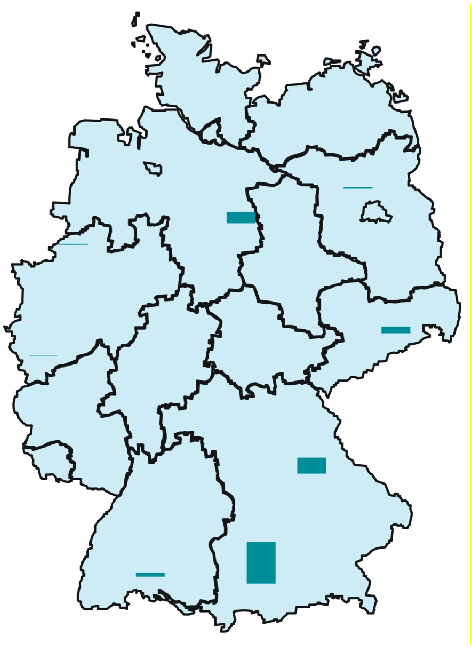
[a]für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
37	0
14	1
68	3
7	4
3	5
23	7
251	8
91	9

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



6.2 Herdenstruktur

Für die Zuchtarbeit ist die Herdenstruktur ein beeinflussender Faktor. In Tabelle 4 sind Anzahlen der aktiven Zuchtherden in den Verbänden aufgeführt. Wie aus den Abschnitt 10 zu erwarten wird der bayrische Schwerpunkt mit der regionalen Verteilung (vergl. Tabelle 5) der Zucht unterstrichen.

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	Berlin-Brandenburg
1	LSZV MV
1	LV Thür. Schafzüchter e.V.
1	SSZV (Sachsen)
1	SZV NRW e.V.
1	Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz
2	LSV Niedersachsen
3	Hessen
3	LSV Baden-Württemberg e.V.
29	BHG
43	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
2	0
2	1
5	3
1	4
1	5
2	7
25	8
5	9
43	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

In Tabelle 6 ist die Verteilung der Zuchtherden nach Herdengrössen dargestellt. Die Zucht des Braunen Bergschafes erfolgt vornehmlich in Beständen unter 20 Mutterschafen.

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
19	1 bis 9
14	10 bis 19
4	20 bis 29
4	30 bis 39
2	40 bis 49

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

Nach einer längere Phase mit ca 1.000 Ablammungen pro Jahr, verringert sich die Anzahl Ablamunngen in den letzten Jahren. Dies ist wohl dem allgemeinen Rückgang in der Schafzucht geschuldet. Der relativ hohe Anteil an feldgeprüften Tieren für eine Landrasse erklärt sich aus dem gesonderten Verfahren in Bayern, bei dem die Züchter selbst die Gewichte erfassen (siehe Tabelle 7)

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	779	1255	205	11	249
2001	922	1518	324	15	261
2002	1009	1650	268	22	386
2003	1094	1763	341	17	244
2004	1074	1716	275	16	266
2005	919	1449	266	9	190
2006	950	1459	239	16	223
2007	1172	1808	239	10	225
2008	1029	1603	229	22	222
2009	977	1548	209	27	140
2010	841	1328	201	11	172
2011	806	1313	124	8	179
2012	288	482	28	24	47

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Beim Braunen Bergschaf ist ein starker Rückgang bei den Scrapie-Untersuchungen festzustellen (siehe Tabelle 8). Ein Grund für den Rückgang ist sicherlich in der erfolgreichen Umsetzung des TSE-Resistenzuchtprogramms zu sehen (vergl. Abschnitt 2.2 auf Seite 9)

Tabelle 8: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	123	0.8	1	20.3	25	4.9	6	1.6	2	6.5	8	58.5	72
2001	166	3.0	5	26.5	44	-	-	-	-	5.4	9	56.0	93
2002	201	7.5	15	28.9	58	5.0	10	-	-	3.0	6	47.8	96
2003	239	9.2	22	39.7	95	2.9	7	0.4	1	6.7	16	36.4	87
2004	123	8.1	10	36.6	45	3.3	4	-	-	4.1	5	45.5	56
2005	101	17.8	18	37.6	38	9.9	10	-	-	4.0	4	29.7	30
2006	45	17.8	8	48.9	22	2.2	1	-	-	2.2	1	24.4	11
2007	32	25.0	8	43.8	14	-	-	-	-	6.3	2	21.9	7
2009	18	11.1	2	50.0	9	-	-	-	-	5.6	1	33.3	6
2010	24	12.5	3	29.2	7	8.3	2	-	-	-	-	50.0	12

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 9 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 10 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die geborenen und registrierten Tiere der Rasse „Braunes Bergschaf“ nehmen über die Geburtsjahre kontinuierlich zu. Es ist davon auszugehen, dass erst ab etwa dem Jahr 2000 weitestgehend alle geborenen Tiere in den dt. Herdbuchbetrieben im Datenmaterial verfügbar sind. Die registrierte Anzahl geborener Lämmer nimmt bis ca. Jahr 2003 zu und ist seither wieder leicht rückläufig. Das Verhältnis der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 9 ist ein Hinweis, dass nicht alle geborenen männlichen Lämmer in Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden.

Aus Tabelle 10 ist eine Verteilung über alle Regionen in Deutschland ersichtlich. Die Rasse wird in Deutschland fast ausschließlich in Bayern gehalten. In anderen Regionen sind lediglich kleinere Tierzahlen zu finden.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 11 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 11 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Laut Tabelle 11 leben von 82 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 43 und von 782 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 597.

43 noch lebende Schafböcke und 597 noch lebende Mutterschafe der Geburtsjahrgänge 2005 – 2010 bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring des Braunen Bergschafes.

Tabelle 9: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	147	189
1991	119	200
1992	157	182
1993	176	289
1994	212	278
1995	287	402
1996	279	367
1997	371	473
1998	495	623
1999	544	621
2000	607	725
2001	721	882
2002	820	922
2003	821	1.034
2004	844	947
2005	715	786
2006	694	809
2007	900	973
2008	801	849
2009	752	830
2010	634	709
2011	515	643

Tabelle 10: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	179
LSZV MV	18
LSV Baden-Württemberg e.V.	308
LSV Niedersachsen	29
LV Thür. Schafzüchter e.V.	6
SSZV (Sachsen)	156
Berlin-Brandenburg	15
SZV NRW e.V.	226
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	11
BHG	22.571

Tabelle 11: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	715	786	20	172	8	92
2006	694	809	9	176	3	122
2007	900	973	21	137	9	106
2008	801	849	18	163	11	147
2009	752	830	11	98	9	95
2010	634	709	3	36	3	35
Gesamt	4.496	4.956	82	782	43	597

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 12 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 13 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 12 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 13 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 14 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 14 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 30 von 43 Böcken (=70%) und 341 von 597 Mutterschafen (=57%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Die Pedigreevollständigkeit ist damit zumindest auf der weiblichen Seite suboptimal zu beurteilen. Die verbleibende Monitoring Population C des Braunen Bergschafes umfasst dann noch 1258 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Mit den verbleibenden Tieren sind Teile der nachfolgenden Auswertungen zum genetischen Monitoring nur noch bedingt durchzuführen bzw. zu interpretieren.

Im Maximum sind bis zu 10 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert, in der Regel aber nur sehr wenige Ahnengenerationen verfügbar.

Tabelle 12: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	4	0.21	2	0.17
1981	1	0.00	2	0.17
1983	0	0.00	4	0.28
1984	3	0.43	2	0.25
1985	1	0.00	7	0.05
1986	0	0.00	8	0.04
1987	2	0.34	11	0.17
1988	4	0.00	17	0.06
1989	2	0.38	10	0.18
1990	3	0.30	14	0.21
1991	1	0.36	16	0.28
1992	7	0.35	7	0.20
1993	8	0.46	35	0.32
1994	8	0.47	25	0.31
1995	6	0.64	33	0.46
1996	10	0.62	37	0.48
1997	13	0.57	33	0.61
1998	10	0.67	46	0.64
1999	9	0.71	35	0.59
2000	11	0.53	50	0.72
2001	12	0.66	56	0.65
2002	15	0.59	55	0.66
2003	14	0.81	66	0.60
2004	7	0.73	45	0.65
2005	17	0.77	69	0.76
2006	8	0.71	94	0.84
2007	13	0.84	67	0.85
2008	17	0.80	98	0.89
2009	7	0.82	52	0.87
2010	3	0.92	28	0.90

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

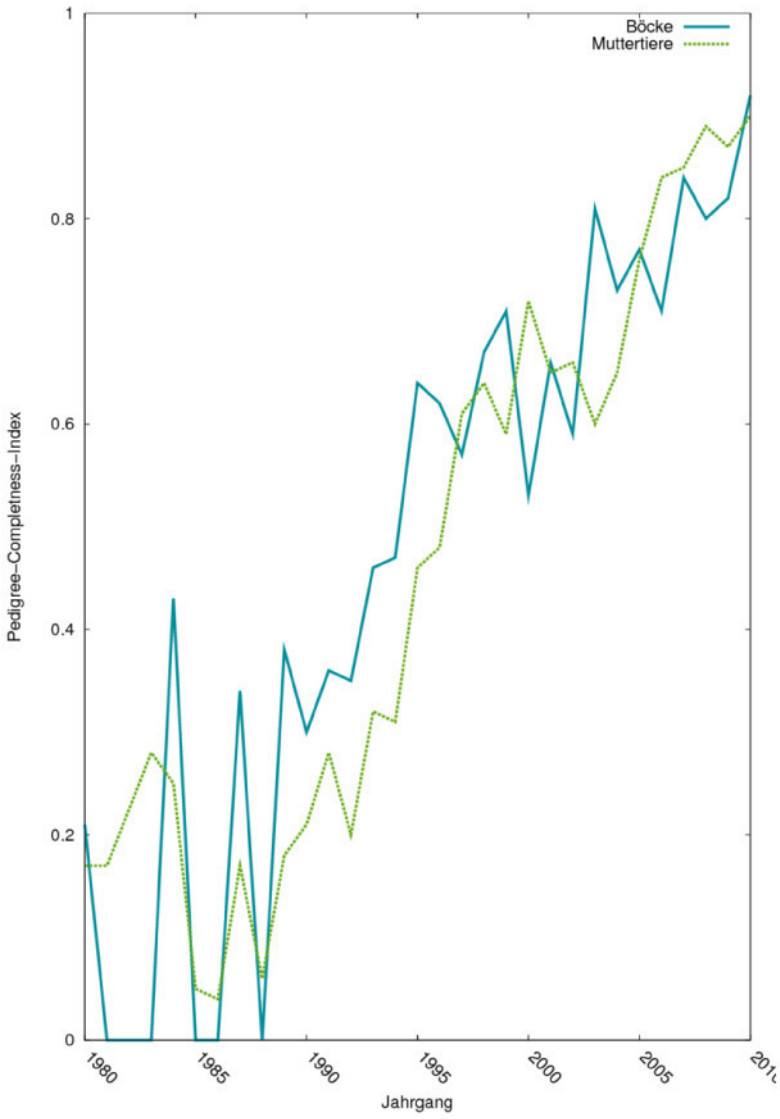


Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (1258 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	30	0.89	341	0.90
2	55	0.79	231	0.68
3	46	0.62	176	0.54
4	36	0.49	131	0.46
5	32	0.46	73	0.35
6	12	0.34	47	0.19
7	3	0.31	20	0.24
8	3	0.25	13	0.05
9	3	0.08	5	0.05
10	0	0.00	1	0.00
Gesamt	220		1038	

Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (371 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	5	0.88	37	0.92
2006	1	1.00	70	0.91
2007	5	0.95	59	0.89
2008	10	0.85	96	0.89
2009	6	0.86	51	0.89
2010	3	0.92	28	0.90
Gesamt	30		341	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Her-

kunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 15 und die Muttertiere (Tabelle 16) ausgewiesen. Da kaum fremdrassige Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern des Braunen Bergschafes registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) lediglich ein Fremdgenanteil $< 1\%$, bei den Böcken und Mutterschafen in gleicher Höhe, festzustellen. Die Fremdgene kommen von Ahnen anderer alpiner Schafrassen wie z.B. dem Weißen Bergschaf.

Tabelle 15: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Braunes Bergschaf	sonstige	unbekannt
2005	5	12.30	99.05	0.95	0.00
2006	1	18.34	99.24	0.76	0.00
2007	5	7.04	99.42	0.58	0.00
2008	10	3.70	99.55	0.45	0.00
2009	6	1.69	99.30	0.70	0.00
2010	3	4.31	99.46	0.54	0.00
Ges.	30	5.83	99.38	0.63	0.00

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Braunes Bergschaf	sonstige	unbekannt
2005	37	3.90	98.66	1.34	0.00
2006	70	6.17	99.14	0.86	0.00
2007	59	4.51	99.38	0.62	0.00
2008	96	3.48	99.29	0.71	0.00
2009	51	2.98	99.45	0.55	0.00
2010	28	3.54	99.47	0.53	0.00
Ges.	341	4.19	99.24	0.76	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter

- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 17 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Auf der Vaterseite ist das Generationsintervall ein volles Jahr kürzer als auf der Mutterseite, dies gilt für die Väter der Böcke und der Mutterschafe. Insgesamt ergibt sich für das Braune Bergschaf ein mittleres Generationsintervall von 3,58 Jahre. Damit liegt das mittlere Generationsintervall im Mittel über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre).

Tabelle 17: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	30	2.87
Mutter auf Vater	30	4.11
Vater auf Mutter	341	3.18
Mutter auf Mutter	341	4.14

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.58 Jahre

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten,

dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße** ($\mathbf{N_e}$) ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

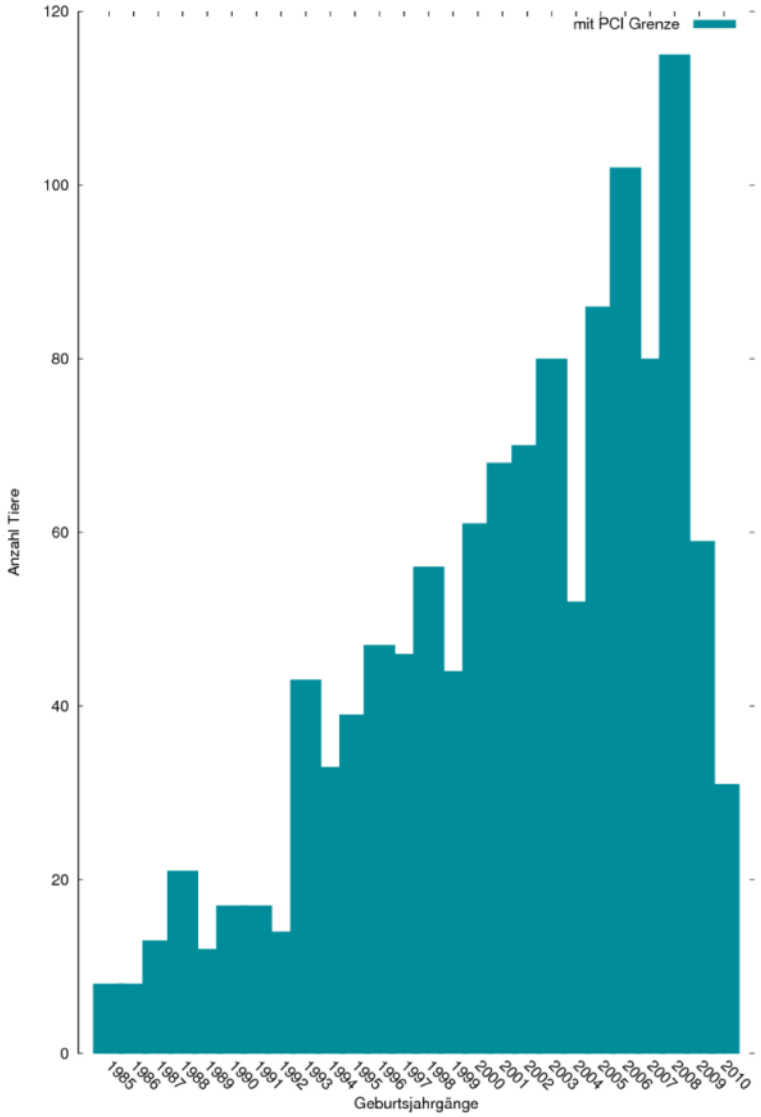
Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße ($\mathrm{N_e}$) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $>$ 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte

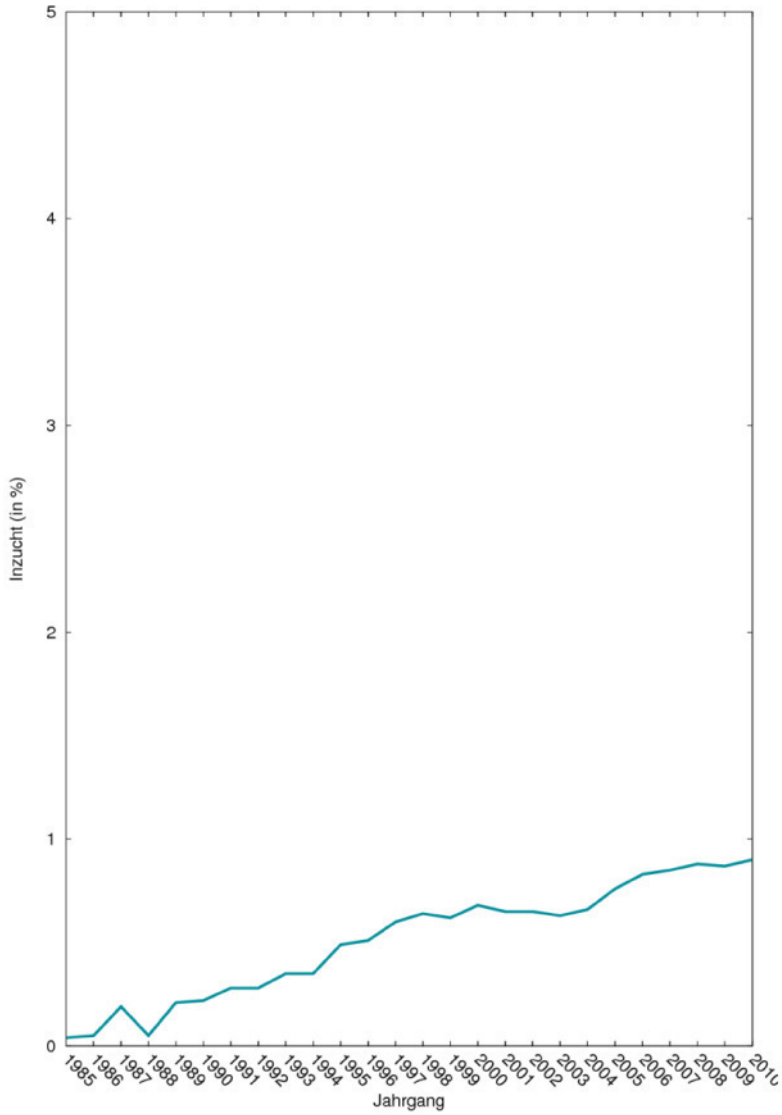
Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation



Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $> 0{,}70$ der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen Tierzahlen und der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen bei den verbleibenden Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann beim Braunen Bergschaf auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht abgeleitet werden. Daher resultiert ein weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von $N_e = 459$, also größer als die absolut noch verfügbare Ausgangseltern- bzw. Zuchtpopulation. Aufgrund der unzulänglichen Daten ist die beschriebene Methodik bei der vorliegenden Population bzw. Datengrundlage nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Braunes Bergschaf)



Mittl. Generationsintervall : 3.58 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 458.84

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 18 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 19 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet.Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 45, berechnet aus 134 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 18, dürfte aufgrund der vorliegenden Datenstruktur der Realität näher kommen, bzw. eine stichhaltigere Maßzahl sein, um die genetische Diversität in der Rasse zu beschreiben. Diese Zahl dürfte aber aufgrund der geringen Datengrundlage immer noch leicht überschätzt sein. Lt. Tabelle 19 haben 11 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation Ein Founder-Bock hat dabei einen Genanteil von über 6%. Sonst gibt es keine dominanten Foundertiere.

Tabelle 18: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	134	16	36
Anzahl effektive Foundertiere	45		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 20 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, $f_a = 32$, weist noch deutlicher auf die erheblich eingeschränkte verfügbare genetische Diversität in der noch verbleibenden aktiven Zuchtpopulation hin. 11 dominante Ahnen (>2% Genanteil) sind in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 20). Drei Böcke (1990, 1994 und 2002 geboren) haben einen Genanteil von über 7% in der aktiven Zuchtpopulation. Diese Ahnen und deren Nachkommen bewirken eine zusätzliche Blutverengung bzw. einen Bottle Neck Effekt.

Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen auf eine erheblich eingeschränkte bzw. geringe genetische Variabilität in der Rasse hin.

Tabelle 19: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
090910080	01.10.1988	männlich	6.59
090960080	31.12.1985	männlich	4.60
090990001	09.11.1987	männlich	4.53
090960003	15.01.1985	weiblich	4.50
090960010	15.09.1988	weiblich	3.92
0970055070	15.11.1993	männlich	3.85
090930080	01.06.1988	männlich	3.20
090960024	15.12.1986	weiblich	2.33
090990017	01.06.1988	weiblich	2.27

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
090950050	11.12.1988	männlich	2.22
090850064	15.12.1993	weiblich	2.16
090930028	15.02.1981	männlich	1.81
090860104	22.03.2001	männlich	1.79
090960022	15.02.1988	weiblich	1.79
090960005	15.01.1985	weiblich	1.73
226015251018	21.10.2004	männlich	1.65
090880050	12.02.1990	weiblich	1.52
090840006	15.12.1978	männlich	1.51
090960016	15.12.1986	weiblich	1.46
09700511055	01.04.2002	männlich	1.40
090950010	15.08.1986	weiblich	1.36
090910052	15.06.1980	weiblich	1.35
090880055	15.05.1990	weiblich	1.33
346016412557	01.12.2002	weiblich	1.30
090940360	15.02.2001	weiblich	1.20
090800002	27.06.1978	weiblich	0.98
090930094	15.03.1988	weiblich	0.96
090910067	15.03.1983	weiblich	0.91
090930041	03.02.1983	weiblich	0.91
090930084	15.12.1988	weiblich	0.89
090880057	02.10.1989	weiblich	0.89
090560021	10.04.1999	weiblich	0.88
090950002	15.02.1986	weiblich	0.87
090980009	15.11.1987	weiblich	0.85
090980031	24.04.1993	weiblich	0.85
090950005	15.10.1986	weiblich	0.85
090950209	28.09.1995	weiblich	0.84
0970059855	15.10.2000	männlich	0.84
3070056086	03.10.1998	weiblich	0.83
3070059176	20.10.2000	männlich	0.83
090840054	15.10.1995	weiblich	0.79
0910010722	23.09.1971	weiblich	0.75
346016478017	03.03.2001	männlich	0.74
090960006	15.11.1987	weiblich	0.73
RH36/0982240	03.03.1999	männlich	0.71
097005483170	21.02.1994	männlich	0.70
090980150	15.02.1994	weiblich	0.69
090940367	06.11.2002	weiblich	0.66
090950036	15.11.1988	weiblich	0.64
090880051	10.01.1990	weiblich	0.62
090880058	05.10.1990	weiblich	0.59
346016143670	04.12.2000	männlich	0.57
090940351	15.04.1997	weiblich	0.53
090800003	25.07.1978	weiblich	0.53
090560020	15.04.2000	weiblich	0.52

Anzahl effektiver Ahnen : 32

Tabelle 20: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
090850070	11.11.1994	männlich	8.0
090960066	02.04.1990	männlich	7.4
090880250	10.10.2002	männlich	7.2
090960003	15.01.1985	weiblich	4.5
090910080	01.10.1988	männlich	4.0
090930404	25.02.1993	weiblich	3.9
0970055070	15.11.1993	männlich	3.8
090880063	06.01.1992	männlich	3.4
090850080	25.06.1997	männlich	2.7
090960117	15.08.1993	weiblich	2.6
090880064	28.03.1992	männlich	2.1

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 21 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (1,84%) der 43 Vatertiere zu den 597 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation weisen ebenfalls auf eine eingeschränkte verfügbare genetische Variabilität hin.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 1.84 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 43
Anzahl verfügbare Mütter: 597

Tabelle 21: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
090860303	3.59	4.68	54.88	469	28
090660107	0.00	3.69	62.50	470	39
090390087	0.03	3.67	51.32	468	32
090940390	0.00	3.53	62.57	463	37
090390085	0.00	3.49	50.04	480	36
090790183	15.68	3.40	49.03	473	28
090660098	25.34	3.32	62.67	454	13
090720354	0.69	3.16	51.58	469	20

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
090940389	25.00	3.05	37.79	463	12
090720362	0.00	2.95	50.90	469	20
DE010990660001	9.59	2.75	59.59	468	12
090980340	0.00	2.61	50.20	469	22
090940426	0.04	2.41	50.20	468	14
090330137	9.55	2.38	54.78	452	12
090840246	0.11	2.33	39.98	474	14
DE010990880006	0.28	1.98	50.33	471	4
090860344	0.00	1.94	32.42	470	9
090330138	1.00	1.94	36.44	470	7
090860351	0.00	1.93	50.20	480	12
090560269	0.39	1.80	58.99	470	11
090940435	0.00	1.69	50.81	469	7
090880353	2.17	1.69	38.68	468	6
DE010800003511	0.00	1.42	50.00	469	8
BW370053521	0.00	1.39	50.06	464	7
HELWIG181	0.00	1.36	12.89	464	0
DE011400043231	0.00	1.29	50.00	463	12
090960999	0.00	1.18	25.20	454	12
090880284	0.00	1.05	28.13	450	3

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die Anzahl Tiere und die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist nur bedingt ausreichend für fundierte genetisch statistische Auswertungen, vor allem nicht für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e). Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt bzw. nicht real.

- Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen entspricht besser der Realität und weist auf eine eingeschränkte genetische Diversität in der Rasse hin.

- Nach diesen Zahlen ist ein Erhaltungszuchtprogramm für die Rasse unbedingt vorzusehen und umzusetzen.

- Zur Erhaltung der Rasse ist die Möglichkeit des Austauschs von Zuchttieren mit anderen alpinen Subpopulationen zu prüfen.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- BRILLENSCHAF -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **5**

2.1 Leistungsprüfungen 6

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 6

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 9

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 9

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 9

2.3 Zuchtwertschätzung 10

2.4 Selektion 10

3 Rassebeschreibung **11**

3.1 Zuchtziel 11

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **12**

5 Rassedachverbände oder Vereine **13**

6 Informationen aus dem Herdbuch **14**

6.1 Verteilung auf Verbände 14

6.2 Herdenstruktur 15

6.3 Kennzahlen der Zucht 16

7 Populationsanalyse **19**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 19

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 21

7.3 Genanteile 25

7.4 Mittleres Generationsintervall 26

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 27

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 31

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 34

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 35

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 15

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 24
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 29
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Brillenschaf) 30

Tabellenverzeichnis

1 Leistungsspektrum 11
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände 14
3 Verteilung der Tiere auf Regionen 15
4 Anzahl Herden in den Verbänden 16
5 Verteilung der Herden auf Regionen 16
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 16
7 Entwicklung der Zucht 17
8 Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein 17
9 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 18
10 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 20
11 Verteilung auf Verbände 20
12 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 21
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 23
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (580 Tiere) 23
15 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (148 Tiere) 25
16 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 26
17 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 26
18 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 27
19 Kennzahlen zu Foundertieren 31
20 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 32
21 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 34
22 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 34

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(Christian Mendel, 2012)

Anfang des 17. Jahrhundert war das Zaupel- oder Steinschaf im bayerischen Teil der Alpen vorherrschend. Bis Ende der 30er Jahre des vorigen Jahrhunderts waren in Bayern vier verschiedene Bergschafrassen, nämlich das Stein-, Goggel-, Kärntner- und Bergamaskerschaf bekannt. Als Goggelschaf wurden alle Tiere bezeichnet, die nicht eindeutig einer der drei anderen Rassen zuzuordnen waren. Sämtliche vier Rassen tragen Schlichthaarwolle im C-CD-Charakter von großer Länge und meist seidigem Glanz. Bei allen Rassen sind melierte, braune und tiefschwarze Vliese zu finden.

Diese Rassenvielfalt widersprach der damaligen Bestrebung nach Rassenbereinigung und behinderte eine zielgerechte züchterische Arbeit in der gesamten deutschen Bergschafhaltung. Aus diesem Grund entschloss man sich im Jahre 1939 auf Anregung Bayerns (Dr. H. O. Diener, München), für das gesamte Bergschafzuchtgebiet einheitliche Zuchtziele und Zuchtverfahren aufzustellen. Über die bisherigen Lokaltypen und –schläge hinweg hat man sich dahin geeinigt, das größte und wirtschaftlichste Bergschaf im Typ des früheren Bergamasker-/Kärntnerschafes als anzustrebende Rasse zu züchten und dieses als „Deutsches Bergschaf“ zu bezeichnen.

Die beiden Rassen „Steinschaf“ und „Bergamaskerschaf“ bildeten die Ausgangsrassen für alle heutigen Bergschafrassen. Vor allem das Brillenschaf wurde zusätzlich vom Paduanerschaf beienflusst. Typisch für das Paduanerschaf waren die Brillenzeichnung und die schwarzen Ohrenspitzen.

Das „Brillenschaf“ entstand aus der Einkreuzung von Paduaner- und Bergamaskerschaf in das im südlichen Kärnten (Karnische Hauptkette, Karawanken, Steiner Alpen) bodenständige Steinschaf. Zuchtzentrum war der Ort Seeland. Dieses Gebiet fiel 1920 an Slowenien, dort wird die Rasse als Seeländerschaf bezeichnet. Das ehemalige Zuchtgebiet reichte bis in den Altlandkreis Laufen im südostbayerischen Alpengebiet. Traditionell wurden dort seit über 100 Jahren die Brillenschafe zur Sömmerung auf die Kapruner Schafalm gebracht. Charakteristisch für die Rasse ist die typische schwarze Pigmentierung (Brille). Seit 1990 ist das Brillenschaf in Bayern als eigenständige Rasse wieder anerkannt.

Die Arbeitsgemeinschaft Brillenschaf, die 1999 in Saaldorf von zwölf Schafhaltern gegründet worden ist, hat sich die Erhaltung dieser seltenen Rasse zum Ziel gesetzt. Das Anliegen der Schafhalter ist, die Rasse Brillenschafe in ihrem ursprünglichen Verbreitungsgebiet zu erhalten, die Anzahl der Betriebe und Tiere zu steigern, die Vorzüge dieser Landschafrasse bewusster herauszustellen und die Vermarktung der Produkte besser zu erschließen.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten

Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende

- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht
- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt.

Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssystem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Muster-

zuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Der lange, schmale, unbewollte Kopf ist hornlos, ramsnasig und trägt breite, hängende Ohren. Die typische Pigmentierung (Brille) soll das Auge gleichmäßig umgeben und kann zur Nase hin verschoben auftreten. Die unteren ein bis zwei Drittel der Ohren sind schwarz pigmentiert. An der Unterlippe und am Kinn sind geschlossene Pigmentflecken ebenfalls möglich. Das großrahmige Schaf hat ein weißes, schlichtwolliges Vlies mit einer Faserstärke von 32 bis 38 Mikron. Die Brunst ist asaisonal und eine Erstzulassung ist im Alter von 8 bis 10 Monaten möglich.

Tabelle 1: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	80-100	4,0-6,0		75-80	
Jährlinge	50-65	3,5-5,0			
Lammböcke					
Mutterschaf	65-75	3,0-5,0	150-180	72-76	
Zuchtlämmer					

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Schlachtlämmern im Bereich von 230 - 280 g, das handelsübliche Lebendgewicht bei rund 40-42 kg.

3.1 Zuchtziel

Züchtung eines anpassungsfähigen, anspruchslosen Schafes für die Gebirgsregion, dass sich besonders durch Frühreife, Langlebigkeit und Anpassung für niederschlagsreiche Gebiete eignet.

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Brillenschaf:

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.
Haydnstraße 11
80336 München
Tel.: 089 / 53 62 27
Email: bhg-schafzucht@t-online.de
www.bhg-schafzucht.de

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
Kölnische Str. 48 - 50
34117 Kassel
Tel.: 0561/16984
Email:
www.schafe-hessen.de

Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.
Karow, Zarchliner Str. 7
19395 Plau
Tel.: 038738/73071
Email: schafzucht@rinderzucht-mv.de
www.schafzucht-mv.de

Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.
Peter-Klöckner Str. 3
56073 Koblenz
Tel.: 0261/91593231
Email: rainer.wulff@lwk-rlp.de

Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431/332608
Email: info@schafzucht-kiel.de
www.schafzucht-kiel.de

Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.
Bleichstr. 41
33102 Paderborn
Tel.: 05251-32561
Email: schafzuchtverband@lwk.nrw.de
www.schafzucht-nrw.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen

zusammen.

Arbeitsgemeinschaft Brillenschaf
83416 Saaldorf

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Die Brillenschafzucht liegt eindeutig in den Händen der BHG. Vereinzelt sind Zuchttiere in 5 weiteren Verbänden bis in den Norden der Republik zu finden (siehe Tabelle 2 und Tabelle 3 sowie Abbildung 1)

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
Hessen	1	5
BHG	17	355
SH-S	0	1
LSZV MV	1	3
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	0	5
SZV NRW e.V.	2	34
Gesamt(Alle Verbände)	21	403

[a] für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken

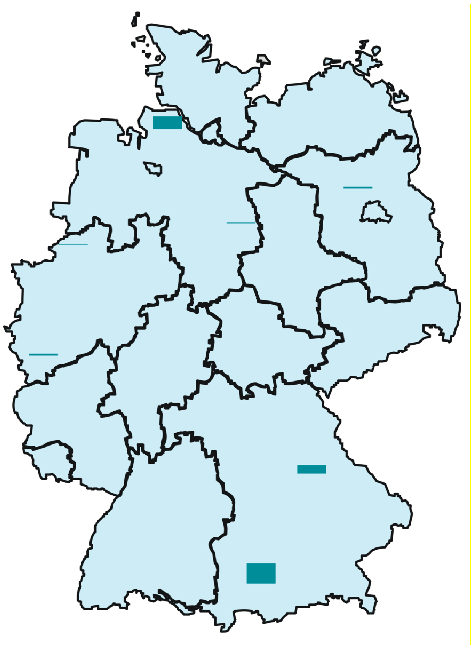


Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
17	1
68	2
7	3
6	4
12	5
121	8
51	9

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.2 Herdenstruktur

Für die Zuchtarbeit ist die Herdenstruktur ein beeinflussender Faktor. In Tabell e 4 sind Anzahlen der aktiven Zuchtherden in den Verbänden aufgeführt. Wie aus den Abschnitt 11 zu erwarten wird der bayrische Schwerpunkt mit der regionalen Verteilung (vergl. Tabelle 5) der Zucht unterstrichen.

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	Berlin-Brandenburg
1	Hessen
1	LSZV MV
1	Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz
2	SH-S
2	SZV NRW e.V.
15	BHG
23	gesamt

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
2	1
2	2
1	3
1	4
2	5
12	8
3	9
23	gesamt

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

In Tabelle 6 ist die Verteilung der Zuchtherden nach Herdengrössen dargestellt. Die Zucht des Brillenschafes erfolgt vornehmlich in Beständen unter 20 Mutterschafen.

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
6	1 bis 9
14	10 bis 19
1	20 bis 29
1	30 bis 39
1	60 bis 69

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

Anhand der Anzahl Ablammungen je Jahr ist eine stabile Zuchtaktivität zu verzeichnen. (siehe Tabelle 7). Die Zahlen aus Schleswig-Holstein sind gesondert ausgewiesen, da die dortige Schafzucht ein eigenständiges Herdbuchsystem nutzt.

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	351	476	90	15	126
2001	381	532	104	3	102
2002	437	589	72	13	142
2003	441	582	86	10	178
2004	472	624	96	10	124
2005	484	655	118	14	99
2006	450	607	94	7	78
2007	442	564	97	11	146
2008	460	571	108	8	154
2009	465	589	101	11	153
2010	434	569	59	11	149
2011	429	543	78	9	97
2012	187	258		7	51

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 8: Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein

	Anzahl			
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2007				19
2008				4
2009				2
2011				3

Beim Brillenschaf ist ein starker Rückgang bei den Scrapie-Untersuchungen festzustellen (siehe Tabelle 9). Ein Grund für den Rückgang ist sicherlich in der erfolgreichen Umsetzung des TSE-Resistenzuchtprogramms zu sehen (vergl. Abschnitt 2.2 auf Seite 9)

Tabelle 9: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	40	2.5	1	15.0	6	7.5	3	10.0	4	7.5	3	15.0	6
2001	46	2.2	1	2.2	1	4.3	2	6.5	3	8.7	4	8.7	4
2002	84	2.4	2	20.2	17	7.1	6	3.6	3	2.4	2	6.0	5
2003	80	3.8	3	13.8	11	7.5	6	-	-	11.3	9	10.0	8
2004	59	10.2	6	11.9	7	8.5	5	1.7	1	5.1	3	8.5	5
2005	40	5.0	2	30.0	12	7.5	3	2.5	1	7.5	3	15.0	6
2006	48	12.5	6	22.9	11	4.2	2	6.3	3	-	-	6.3	3
2007	7	28.6	2	14.3	1	14.3	1	-	-	-	-	14.3	1
2008	4	25.0	1	75.0	3	-	-	-	-	-	-	-	-
2009	8	12.5	1	12.5	1	-	-	12.5	1	12.5	1	37.5	3

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 10 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 11 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die geborenen und registrierten Tiere der Rasse „Brillenschaf“ nehmen über die Geburtsjahre kontinuierlich zu. Es ist davon auszugehen, dass erst ab den Jahren 2000 weitestgehend alle geborenen Tiere in den dt. Herdbuchbetrieben im Datenmaterial verfügbar sind. Das Verhältnis der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 10 ist ein Hinweis, dass aktuell weitestgehend alle geborenen Lämmer (auch männliche) in Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden. Aus Tabelle 11 ist eine Verteilung über alle Regionen in Deutschland ersichtlich. Die Rasse wird in Deutschland fast ausschließlich in Bayern gehalten.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 12 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 12 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Laut Tabelle 12 leben von 44 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 25 und von 448 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 331. 25 noch lebende Schafböcke und 331 noch lebende Mutterschafe der Geburtsjahrgänge 2005 – 2010 bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring des Brillenschafes.

Tabelle 10: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	64	91
1991	78	94
1992	84	97
1993	85	138
1994	119	148
1995	92	171
1996	161	223
1997	184	248
1998	190	240
1999	215	319
2000	246	304
2001	284	306
2002	278	342
2003	306	297
2004	340	304
2005	340	357
2006	274	383
2007	290	299
2008	292	311
2009	272	344
2010	256	291
2011	238	243

Tabelle 11: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	11
LSZV MV	8
LV Thür. Schafzüchter e.V.	1
Berlin-Brandenburg	2
SZV NRW e.V.	396
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	53
SH-S	67
BHG	7.765

Tabelle 12: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	340	357	8	96	2	53
2006	274	383	10	92	6	59
2007	290	299	9	73	5	51
2008	292	311	10	82	7	68
2009	272	344	6	74	4	71
2010	256	291	1	31	1	29
Gesamt	1.724	1.985	44	448	25	331

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 13 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 14 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 13 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 14 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 15 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 15 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 10 von 25 Böcken (=40%) und 138 von 331 Mutterschafen (=42%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Die Pedigreevollständigkeit ist daher als sehr schlecht zu beurteilen. Die verbleibende Monitoring Population C des Brillenschafes umfasst dann noch 580 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Mit den verbleibenden Tieren sind die nachfolgenden Auswertungen zum genetischen Monitoring kaum mehr vernünftig durchzuführen. Im Maximum sind bis zu 10 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert, in der Regel aber nur sehr wenige Ahnengenerationen verfügbar.

Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1984	0	0.00	4	0.00
1985	0	0.00	7	0.00
1986	0	0.00	2	0.00
1987	0	0.00	4	0.00
1988	1	0.00	10	0.00
1989	3	0.00	5	0.00
1990	0	0.00	8	0.20
1991	4	0.30	11	0.18
1992	0	0.00	9	0.27
1993	6	0.42	10	0.28
1994	4	0.29	14	0.12
1995	3	0.36	13	0.33
1996	5	0.43	21	0.15
1997	4	0.35	21	0.34
1998	5	0.58	18	0.32
1999	4	0.22	18	0.31
2000	5	0.37	22	0.24
2001	6	0.56	25	0.37
2002	8	0.48	21	0.46
2003	5	0.65	24	0.48
2004	13	0.59	20	0.52
2005	7	0.46	39	0.69
2006	8	0.71	34	0.72
2007	5	0.57	28	0.74
2008	3	0.72	29	0.73
2009	1	0.79	45	0.87
2010	1	0.83	17	0.82

Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (580 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	10	0.82	138	0.84
2	25	0.63	97	0.55
3	26	0.48	95	0.29
4	16	0.38	67	0.26
5	13	0.25	42	0.26
6	8	0.35	23	0.09
7	2	0.00	11	0.10
8	1	0.00	4	0.08
9	0	0.00	1	0.00
10	0	0.00	1	0.00
Gesamt	101		479	

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

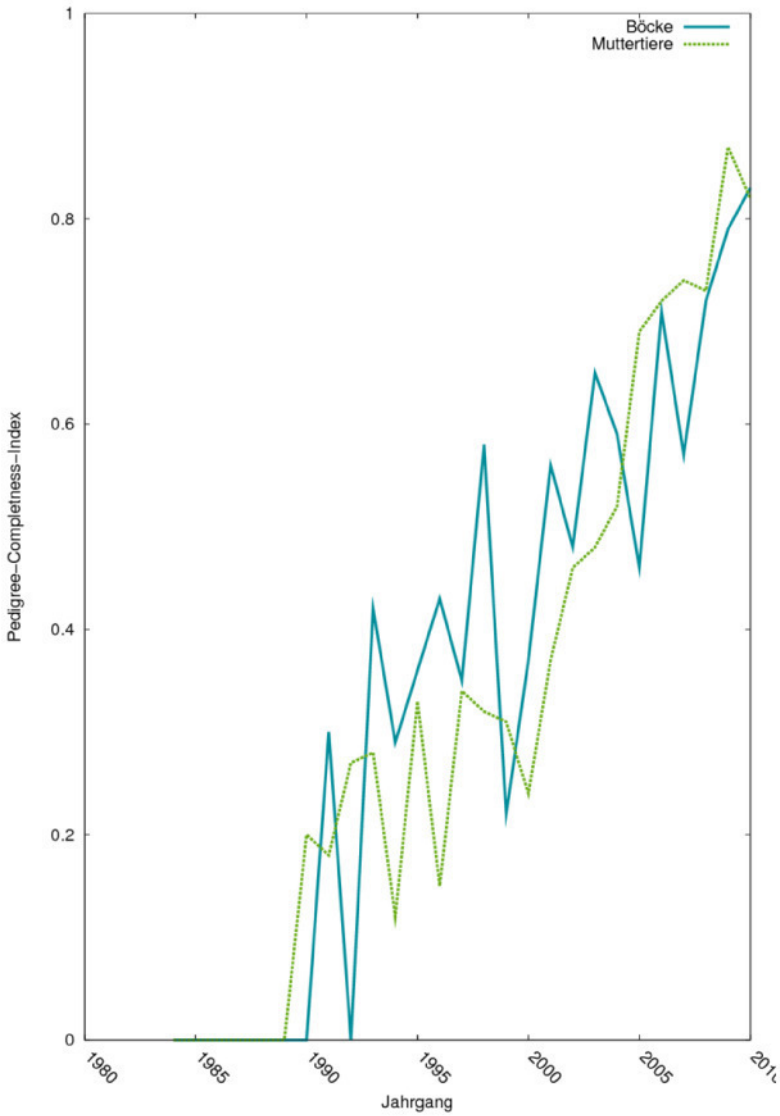


Tabelle 15: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (148 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	1	0.81	18	0.83
2006	3	0.77	18	0.86
2007	2	0.85	19	0.82
2008	2	0.87	22	0.83
2009	1	0.79	44	0.87
2010	1	0.83	17	0.82
Gesamt	10		138	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 16 und die Muttertiere (Tabelle 17) ausgewiesen. Da keine fremdrassigen Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern des Brillenschafes registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) kein Fremdgenanteil festzustellen.

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Brillenschaf	sonstige	unbekannt
2005	1	0.00	100.00	0.00	0.00
2006	3	1.45	100.00	0.00	0.00
2007	2	23.71	100.00	0.00	0.00
2008	2	2.27	100.00	0.00	0.00
2009	1	0.59	100.00	0.00	0.00
2010	1	27.40	100.00	0.00	0.00
Ges.	10	8.43	100.00	0.00	0.00

Tabelle 17: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Brillenschaf	sonstige	unbekannt
2005	18	3.56	100.00	0.00	0.00
2006	18	4.48	100.00	0.00	0.00
2007	19	6.25	100.00	0.00	0.00
2008	22	4.46	100.00	0.00	0.00
2009	44	3.43	100.00	0.00	0.00
2010	17	6.60	100.00	0.00	0.00
Ges.	138	4.53	100.00	0.00	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),

4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 18 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Auf der Vaterseite ist das Generationsintervall ein halbes Jahr kürzer als auf der Mutterseite, dies gilt für die Väter der Böcke und der Mutterschafe. Insgesamt ergibt sich für das Brillenschaf ein mittleres Generationsintervall von 3,06 Jahre. Damit liegt das mittlere Generationsintervall erheblich unter dem Mittel über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre). Vor allem die Väter sind wesentlich jünger als in anderen Rassen.

Tabelle 18: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	10	2.67
Mutter auf Vater	10	3.33
Vater auf Mutter	138	2.89
Mutter auf Mutter	138	3.35

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.06 Jahre

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

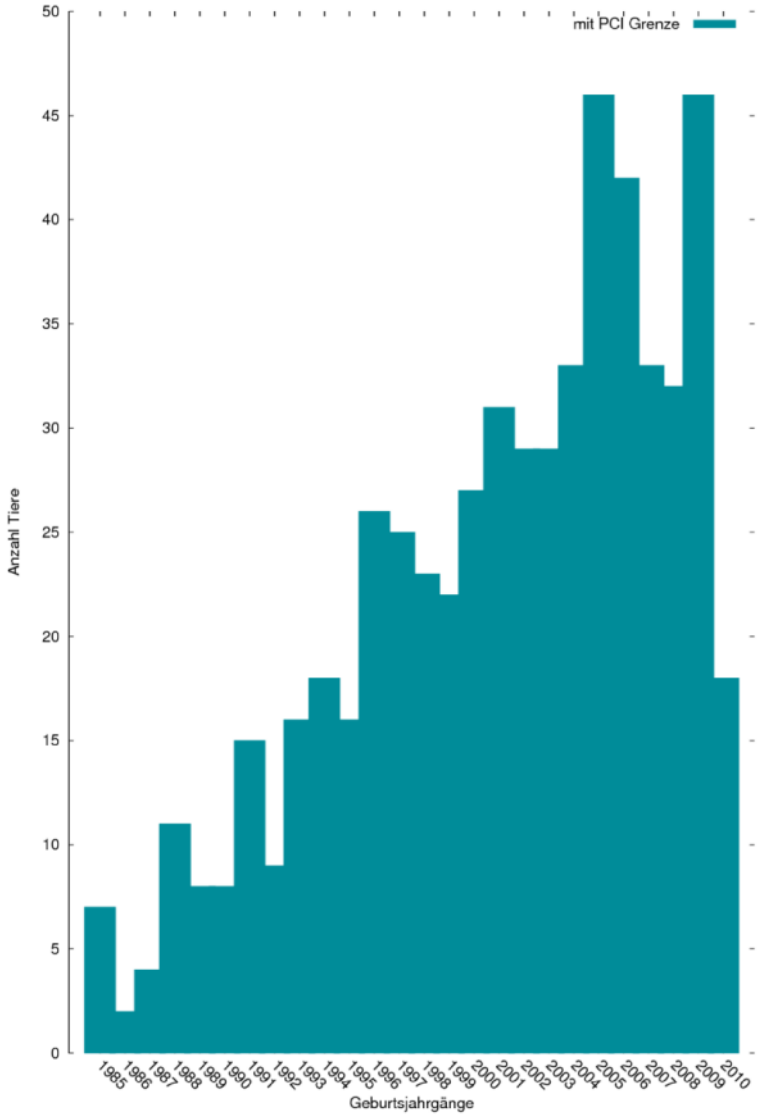
Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $> 0{,}70$ unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $> 0{,}70$ der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen Tierzahlen und der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen bei den verbleibenden Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann beim Brillenschaf auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht abgeleitet werden. Daher resultiert ein weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von $N_e = 447$, also größer als die absolut noch verfügbare Ausgangseltern- bzw. Zuchtpopulation. Aufgrund der unzulänglichen Daten ist die beschriebene Methodik bei der vorliegenden

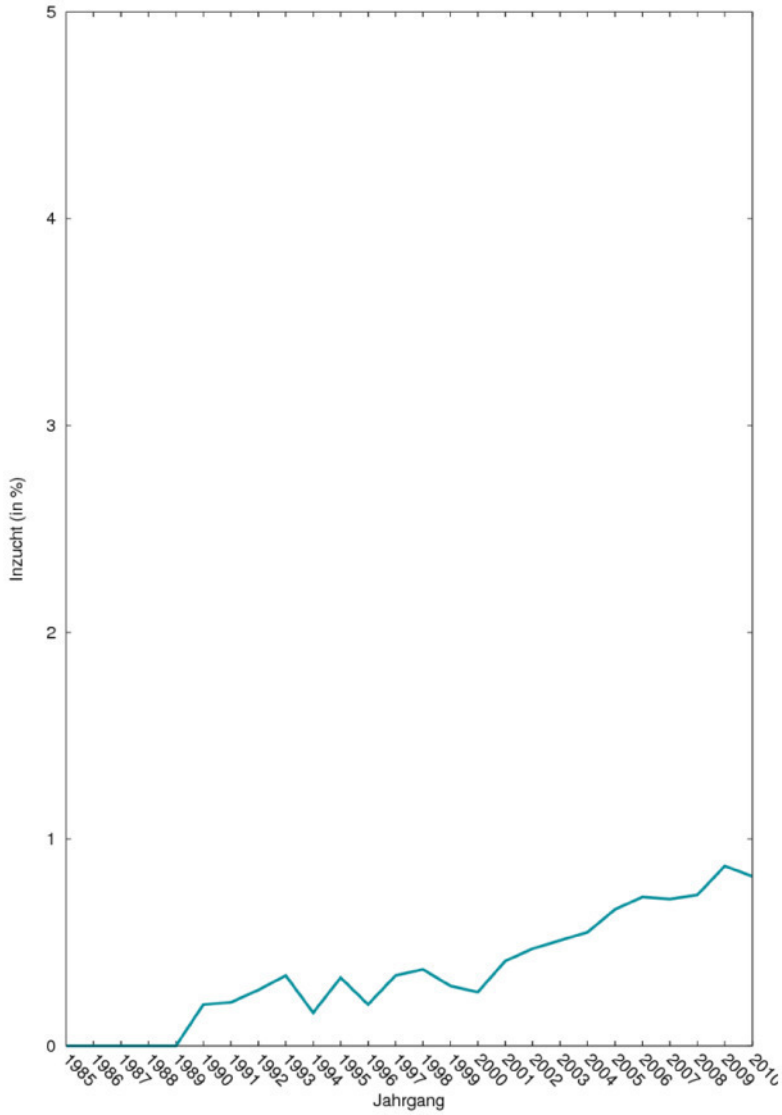
Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation



Population bzw. Datengrundlage nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Mittl. Generationsintervall : 3.06 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 446.55

Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Brillenschaf)



7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 19 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 20 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 34, berechnet aus 96 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 19, dürfte aufgrund der vorliegenden Datenstruktur der Realität etwas näher kommen, bzw. eine stichhaltigere Maßzahl sein, um die genetische Diversität in der Rasse zu beschreiben. Diese Zahl dürfte aber aufgrund der geringen Datengrundlage immer noch überschätzt sein. Lt. Tabelle 20 haben 7 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation Zwei Böcke haben dabei einen Genanteil von jeweils ca. 10%.

Tabelle 19: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	96	17	39
Anzahl effektive Foundertiere	34		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

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

werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 21 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, f_a = 26, weist noch viel deutlicher auf die erheblich eingeschränkte genetische Diversität in der noch verbleibenden aktiven Zuchtpopulation hin. 12 dominante Ahnen (>2% Genanteil) sind in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 21). Ein 2001 geborener Bock hat dabei einen Genanteil von über 10% in der aktiven Zuchtpopulation. Dieses Tier, aber auch die folgenden wichtigsten Ahnen, verursachen zusätzlich zu den erwähnten Foundern einen erheblichen „Bottle Neck“ – Effekt. Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen auf eine erheblich eingeschränkte bzw. kaum mehr vorhandene genetische Variabilität in der Rasse hin.

Tabelle 20: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
091630012	14.05.1989	männlich	10.35
097007988551	03.04.1998	männlich	9.12
091680072	18.12.2000	weiblich	3.00
091630022	10.02.1994	männlich	2.94
226004246599	05.05.2005	männlich	2.62
091650008	10.10.1984	weiblich	2.38
091670012	12.10.1988	weiblich	2.06
091660085	15.10.1997	weiblich	1.90
0970076951	01.10.1996	männlich	1.88
097840001	20.09.1993	weiblich	1.77
091670011	10.10.1988	männlich	1.77
091670015	15.02.1990	weiblich	1.71
091630001	15.12.1985	weiblich	1.67
091720068	01.05.2004	weiblich	1.56
091630002	15.05.1988	weiblich	1.50
091640015	01.01.1991	weiblich	1.39
091660024	15.03.1989	männlich	1.37
091650009	15.04.1987	weiblich	1.32
097007665951	10.05.1999	männlich	1.31
091690077	07.05.1994	männlich	1.31

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
0970076851	18.05.1995	männlich	1.28
091660104	15.03.1997	männlich	1.28
226004936728	16.02.2002	männlich	1.18
091690189	05.02.1999	weiblich	1.18
091620026	15.10.1994	weiblich	1.18
091660018	28.04.1989	weiblich	1.10
091660004	15.12.1985	weiblich	1.10
0960040369	06.06.1994	weiblich	1.07
097810003	15.11.1994	weiblich	1.05
091690081	15.11.1994	weiblich	1.01
091650021	15.10.1989	männlich	1.00
097810001	15.03.1995	weiblich	0.97
091360020	15.03.1993	weiblich	0.93
091640003	15.12.1986	weiblich	0.89
091650127	15.10.2000	weiblich	0.89
091640161	15.10.1999	weiblich	0.84
097840013	15.12.1999	weiblich	0.82
097840002	25.12.1996	weiblich	0.82
097840008	22.02.2000	weiblich	0.80
091700018	15.03.1996	weiblich	0.75
091640006	15.10.1988	weiblich	0.73
091640004	15.12.1985	weiblich	0.73
091630004	12.12.1988	weiblich	0.73
091630003	15.09.1984	weiblich	0.73
091660007	15.12.1984	weiblich	0.70
091670042	15.03.1993	weiblich	0.68
0970078551	05.10.1997	männlich	0.68
091670053	05.10.1996	weiblich	0.68
091660034	15.12.1985	weiblich	0.68
091640001	12.12.1985	weiblich	0.67
091640011	15.10.1989	weiblich	0.67
091670007	15.12.1988	weiblich	0.67
091650004	15.12.1985	weiblich	0.64
091690054	15.10.1990	weiblich	0.59
091670043	15.08.1994	weiblich	0.59
091650011	15.10.1985	weiblich	0.56
091650017	15.05.1988	weiblich	0.56
091650007	15.10.1987	weiblich	0.55
091650002	15.12.1984	weiblich	0.55
091640007	15.03.1989	weiblich	0.53
091680052	01.02.1997	weiblich	0.51
091640157	15.10.2000	weiblich	0.51
091650061	06.10.1994	weiblich	0.51

Anzahl effektiver Ahnen : 26

Tabelle 21: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
091690229	21.05.2001	männlich	10.7
091630012	14.05.1989	männlich	9.2
091630030	11.10.1995	männlich	6.0
091680102	08.11.2002	männlich	5.1
091650065	11.10.1995	männlich	4.7
091690297	24.02.2006	männlich	4.0
091720088	16.11.2006	männlich	3.7
091660047	27.09.1992	weiblich	3.3
226004246599	05.05.2005	männlich	3.0
091620070	30.10.2006	männlich	2.8
091650136	16.10.2001	männlich	2.3
091660139	10.08.2002	weiblich	2.1

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 22 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (2,37%) der 25 Vatertiere zu den 331 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation zeigen ebenfalls die enge Blutführung auf. Diese mittlere Verwandtschaft ist allerdings darauf zurückzuführen, dass in den Daten bereits 5 importierte Böcke enthalten sind, die zu den vorhandenen Muttertieren überhaupt keine Verwandtschaft aufweisen.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 2.37 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 25
Anzahl verfügbare Mütter: 331

Tabelle 22: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
091720088	0.00	5.50	53.91	155	29
091620070	0.26	4.94	53.82	229	21
091690344	0.00	4.41	53.32	215	28
091690365	1.56	4.07	30.57	230	22
DE010510113919	25.00	4.01	75.00	229	4
091690347	0.00	3.59	50.32	215	19

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
091690272	0.00	3.58	51.17	207	15
091660175	0.00	3.51	31.37	219	12
091640267	0.59	3.35	29.86	230	15
091700072	19.04	3.17	55.49	204	10
091750268	1.95	3.16	33.20	240	10
091720090	0.00	3.05	50.00	151	7
091690368	0.00	2.90	50.00	156	23
091690367	0.00	2.75	26.95	155	22
091640295	0.00	2.22	51.43	204	11
091860133	0.00	2.16	19.43	229	0
091630101	0.10	1.17	58.25	205	3
DE010710055021	0.00	1.14	25.12	206	3
307007869310	0.00	0.45	50.00	3	3
DE010110074364	0.00	0.08	25.00	1	1
AT958.988.210	0.00	0.00	0.00	0	0
IT021100072187	0.00	0.00	0.00	0	0
AT603.662.410	0.00	0.00	0.00	0	0
IT021100114060	0.00	0.00	0.00	0	0
226004100760	0.00	0.00	0.00	0	0

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die Anzahl Tiere und die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist kaum mehr ausreichend für fundierte genetisch statistische Auswertungen, vor allem nicht für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e). Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt bzw. nicht real.
- Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen entspricht besser der Realität und weist auf eine kaum noch vorhandene genetische Diversität in der Rasse hin.
- Nach diesen Zahlen ist ein Erhaltungszuchtprogramm für die Rasse unbedingt vorzusehen und schnellstmöglich umzusetzen.
- Allerdings ist zu beachten, dass Deutschland bzw. Bayern nicht das Ursprungszuchtgebiet der Rasse ist. Maßgebend wäre das Monitoring der gesamten Population in den Alpen.
- Zur Erhaltung der Rasse ist daher der Austausch von Zuchttieren zwischen allen nationalen Subpopulationen vorzusehen.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- BUNTE DEUTSCHE EDELZIEGE -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

Service & Daten aus einer Quelle

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **5**

3 Leistungsprüfungen **6**

3.1 Milchleistungsprüfung 6

3.2 Beurteilung von Rahmen, Form, Euter bzw. äußerer Erscheinung 6

3.3 Zuchtleistungsprüfung 6

3.4 Selektion 6

4 Rassebeschreibung **7**

4.1 Zuchtziel 7

5 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **8**

6 Rassedachverbände oder Vereine **11**

7 Informationen aus dem Herdbuch **11**

7.1 Verteilung auf Verbände 11

7.2 Herdenstruktur 13

7.3 Kennzahlen der Zucht 14

8 Populationsanalyse **16**

8.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 16

8.2 Pedigree-Vollständigkeit 18

8.3 Genanteile 22

8.4 Mittleres Generationsintervall 23

8.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 25

8.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 29

8.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 31

8.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 33

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 13

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 21

3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 27

4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Bunte Deutsche Edelziege) 28

Tabellenverzeichnis

1 Maße und Gewichte . . . 7
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände . . . 12
3 Verteilung der Tiere auf Regionen . . . 12
4 Anzahl Herden in den Verbänden . . . 13
5 Verteilung der Herden auf Regionen . . . 14
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen . . . 14
7 Entwicklung der Zucht . . . 15
8 Anzahl Tiere mit Milchleistungsprüfungen nach Geburtsjahr . . . 15
9 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht . . . 17
10 Verteilung auf Verbände . . . 17
11 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) . . . 18
12 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) . . . 20
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (2778 Tiere) . . . 22
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (539 Tiere) . . . 22
15 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage . . . 23
16 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage . . . 23
17 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden . . . 24
18 Kennzahlen zu Foundertieren . . . 29
19 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) . . . 30
20 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 31
21 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren . . . 32

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

Durch eine stark regional begrenzte Ziegenzucht und Haltung entstanden in den letzten Jahrhunderten in verschiedenen Gebieten Deutschlands Ziegenrassen bzw. -schläge, die in Form, Farbe und Leistung stark voneinander abwichen. Selbst innerhalb dieser Regionen waren die Tiere meist sehr uneinheitlich und litten oft unter schlechten Haltungsbedingungen. Von einer geregelten Zucht konnte nicht die Rede sein, aus Unkenntnis wurde oft Inzucht betrieben.

Erst gegen Mitte des letzten Jahrhunderts kann der Beginn einer organisierten Ziegenzucht gesetzt werden, es bildeten sich Ziegenzuchtvereine, die unter anderem Zuchtziele setzten, Körungen durchführten und die Bockhaltung regelten.

Ab dieser Zeit bis um die Jahrhundertwende wurden in vielen Gegenden in die einheimischen Ziegen Schweizer Rassen kurzzeitig eingekreuzt, um die Milchleistung zu steigern sowie die Größe und mangelhafte Körper- und Euterform zu verbessern. Die durch diese Maßnahmen entstandenen Lokalrassen wurden ab Anfang des Jahrhunderts durch Zuchtauslese ohne weitere Einkreuzungen weitergezüchtet. So entstanden in Deutschland die folgenden Ziegenrassen:

Bunte (braune) Ziegen, Harzer Ziege, Rhönziege, Thüringer Wald Ziege, Frankenziege, Erzgebirgsziege, Schwarzwaldziege

Unterschiedliche braune Ziegenschläge gab es bis Ende des 19. Jahrhunderts in allen deutschen Zuchtgebieten, so z. B. die Schwarzwaldziege, die Frankenziege oder die Harzziege. Im Jahr 1927 beschloss der Reichsverband Deutscher Ziegenzuchtvereinigungen, alle braunen Ziegenschläge unter der Bezeichnung „Bunte Deutsche Edelziege“ zusammen zu fassen, um so eine größere Zuchtbasis zu erhalten.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf das Zuchtziel der Rasse zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen und die Beurteilung der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Methode der Reinzucht angestrebt.Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 8.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben derzeit in der Ziegenzucht nur geringe Bedeutung. Deshalb gibt es hierzu in Deutschland auch keine geeignete Infrastruktur.

Am Beispiel der BDE-Population in Baden-Württemberg wird das Zuchtprogramm dargestellt (Herold 2011). Die aktive Zuchtpopulation umfasst ca. 800 weibliche und 100 männliche Tiere (geschätzt). Hieraus werden etwa 400 männliche Tiere geboren, wovon zwischen 50 und 60 gekört werden. 90

3 Leistungsprüfungen

Bei der Bunten Deutschen Edelziege werden in Feldleistungsprüfungen die Milchleistung und die Zuchtleistung erfasst sowie die äußere Erscheinung beurteilt.

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 7.3 gegeben.

3.1 Milchleistungsprüfung

Die Milchleistungsprüfung wird als Eigenleistungsprüfung in allen Zuchtbetrieben obligatorisch und in Gebrauchsherdenbetrieben fakultativ von den jeweils zuständigen Landeskontrollverbänden durchgeführt. Die Verbände legen dabei das Regelwerk der ICAR zu Grunde. Dabei sind sowohl Prüfungen durch Kontrollverbandsbeauftragte als auch durch den Besitzer zugelassen. Erfasst werden mindestens acht mal im Jahr die Merkmale Milchmenge, Fettgehalt und Eiweißgehalt. Daraus werden Fett- und Eiweißmenge errechnet.

3.2 Beurteilung von Rahmen, Form, Euter bzw. äußerer Erscheinung

Rahmen, Form und Euter bzw. die äußere Erscheinung werden auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten erfasst. Auch anlässlich von Verkaufsveranstaltungen oder Schauen können diese Merkmale von Bewertungskommissionen erhoben werden. Das Ergebnis der Bewertung wird für jedes Merkmale in einer Note ausgedrückt (beste Bewertung 9, schlechteste 1, 0 = nicht bewertet). Die erste Bewertung findet zur Eintragung in das Zuchtbuch statt, weitere Bewertungen werden je nach Verband i. d. R bis zu einem bestimmten Höchstalter ebenfalls in das Zuchtbuch übernommen.

3.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jeder weiblichen Zuchtziege, welche in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung findet in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtziegen des Bestandes statt und wird vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgehalten. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren und die Zahl der Ablammungen angegeben.

:unterabschnitt:Zuchtwertschätzung Zur Feststellung des Leistungsvermögens werden nur Daten aus Zuchtbetrieben herangezogen, Daten aus Gebrauchsherdenbetrieben werden nicht verwendet. Bisher gibt es keine systematische Zuchtwertschätzung.

3.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen anlässlich von Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i. d. R. auf den

Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt.

Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Rahmen, Form, Euter vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung über alle Verbände zu erstellen. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 7.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit liegen nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

4 Rassebeschreibung

Die Bunte Deutsche Edelziege ist eine hochproduktive Milchziege. Die Farbe reicht von hellbraun bis schwarzbraun, mit schwarzem Aalstrich auf dem Rücken, Gesichts-, Bauch- und Beinfarbe variiert von hell bis dunkel. Mittlerer bis großer Rahmen, hornlose und gehörnte Tiere, kurze und glatt anliegende Behaarung, Saisonale Brunst, Frühreife, Erstzulassung mit sieben bis neun Monaten, Fest ansitzendes, drüsiges Euter mit ausgeprägtem Zentralband, Bauch- und Schenkeleuter, klar abgesetzte, mittellange Striche, leichte Melkbarkeit.

Tabelle 1: Maße und Gewichte

	Ziege	Bock
Gewicht (kg)	55-75	70-100
Widerristhöhe (cm)	70-90	80-100

Leistungen

850 bis 1200 kg Milch, 3,2 bis 3,5 % Fett, 2,8 bis 3,0 % Eiweiß/ 240-Tage Laktation. Erste Ablammung bis zum Alter von 15 Monaten, eine Ablammung pro Jahr, 1,8 bis 2,0 geborene Lämmer pro Jahr.

4.1 Zuchtziel

Angestrebt wird eine fruchtbare, widerstandsfähige und langlebige Ziege mit großer Wirtschaftlichkeit auf Grund hoher Fett- und Eiweißmengenleistungen sowie ihrer Eignung zur Landschaftspflege. Der Rücken sollte möglichst straff sein, mit breit angelegtem, nicht zu stark abfallendem Becken. Das Fundament soll trocken und nicht zu fein, die Beinstellung

korrekt sein. Gefordert wird ein gleichmäßiges, geräumiges, drüsiges und fest angesetztes Euter, das weit nach vorne und im Schenkelbereich hinauf reicht. Die gleichermaßen für das Hand- und Maschinenmelken gut geeigneten , leicht melkenden Striche sollen mittig unter den Hälften angesetzt, senkrecht nach unten weisen, mittellang, gleichförmig und klar abgesetzt sein.

5 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Bunte Deutsche Edelziege:

Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.
Am Haingraben 16
35305 Grünberg
Tel.: 06401-5261
Email: info@ziegenzucht.de
www.ziegenzucht.de

Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.
Karow, Zarchliner Str. 7
19395 Plau
Tel.: 038738/73071
Email: schafzucht@rinderzucht-mv.de
www.schafzucht-mv.de

Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 0711/16655-40
Email: Wohlfarth@schaf-bw.de
www.schaf-bw.de

Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.
Angerstr. 6
06118 Halle
Tel.: 0345/5214941
Email: roesler@lkv-st.de

Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.
Haydnstr. 11
80336 München
Tel.: 089/537856
Email: geschaeftsstelle@ziegenzucht-bayern.de
www.ziegenzucht-bayern.de

Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.
Dillinger Str. 67
66822 Lebach
Tel.: 06881/928-201
Email: anton.schmitt@lwk-saarland.de

Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.
Nevinghoff 40
48147 Münster
Tel.: 0251/2376-864
Email: kontakt@Landesziegenzuchtverband-westfalen.de
www.landesziegenzuchtverband-westfalen.de/

Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.
Mars-la-Tour-Str. 6
26121 Oldenburg
Tel.: 0441-801639
Email:

Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.
Halfenslennefe 1
51491 Overath
Tel.: 02204-72425
Email: info@ziegenzucht-rheinland.de
www.ziegenzucht-rheinland.de/

Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431/332608
Email: info@schafzucht-kiel.de
www.schafzucht-kiel.de

Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.
Am Johannishof 3
99085 Erfurt
Tel.: 0361/74980713
Email: lv@thueringer-ziegen.de
www.thueringer-ziegen.de

Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.
Ostende 5
04288 Leipzig
Tel.: 034297/919651
Email: sszv leipzig@sszv.de
www.sszv.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann-Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 07 11-1 66 55 02
Email: zzv@ziegen-bw.de
www.ziegen-bw.de

6 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

7 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

7.1 Verteilung auf Verbände

Die Bunte Deutsche Edelziege hat ihren züchterischen Schwerpunkt im Süden Deutschlands. Sie wird aber auch in fast allen anderen Verbänden züchterisch betreut (siehe Tabelle 2).

Da die Verbände ZZV BW und LBZ eigene Herdbuchsysteme nutzen und noch kein vollständiger Informationsaustausch mit dem Herdbuchsystem der anderen Verbände implementiert wurde sind die Zahlen aus Tabelle 3 für die Postleitzahlbereiche 7 bis 9 nicht direkt mit den andren Zahlen zu vergleichen, aber die Schwerpunkte der Zucht können abgelesen werden.

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
Berlin-Brandenburg	17	9
Saarland	8	33
LSHZ	1	8
SSZV (Sachsen)	12	323
LBZ	248	1159
ZZV BW	151	467
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	4	17
HZZV	24	200
LTZ	1	5
LZWL	5	45
LSZV MV	1	4
LRZ	11	7
LNZ	10	81
Gesamt(Alle Verbände)	493	2358

[a]für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

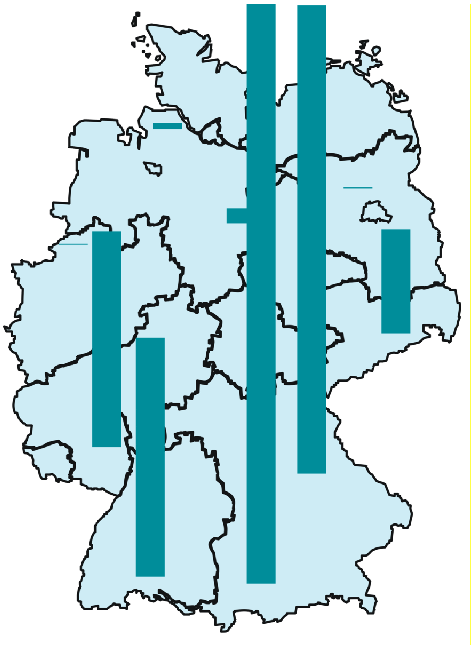
Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
564	0
8	1
38	2
117	3
20	4
1163	6
1502	7
6250	8
2686	9

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

In Abbildung 1 wird nochmals die südliche Prägung des Zuchtgebietes deutlich.

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



7.2 Herdenstruktur

In Tabelle 10 wird deutlich, dass die Bunte Deutsche Edelzeige vornehmlich Herden der süddeutschen Verbänden ZZ BW und LBZ gezüchtet wird und somit auch dort der regionale Schwerpunkt in den Herdezahlen zu finden ist (vergl. Tabelle 5)

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	LSZV MV
1	Saarland
4	LSHZ
5	LNZ
6	LSV Sachsen-Anhalt e.V.
8	Berlin-Brandenburg
8	SSZV (Sachsen)
12	HZZV
134	ZZV BW
155	LBZ
334	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
12	0
1	1
7	2
21	3
3	4
18	6
89	7
85	8
88	9
330	gesamt

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Ca. ein Drittel der Zuchtiere ist in Herden mit bis zu 10 Tieren zu finden. Einige Herden können aber auch auf über 100 Zuchttiere zurückgreifen. (siehe Tabelle 6)

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
131	1 bis 9
94	10 bis 19
28	20 bis 29
16	30 bis 39
11	40 bis 49
8	50 bis 59
4	60 bis 69
4	70 bis 79
7	80 bis 89
3	90 bis 99
28	100 und mehr

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7.3 Kennzahlen der Zucht

Für die Tabellen in diesem Abschnitt konnten leider noch nicht Zahlen der beiden Verbände mit einem eigenständigen Herdbuchsystem berücksichtigt werden. In den restlichen Verbänden zeigt sich in der Anzahl Ablammungen eine Verringerung der Zuchtaktiväten. Die Herdbuchaufnahmen zeigen eine starkte Schwankung über die Jahre, lassen aber keinen eindeutigen Trend erkennen (siehe Tabelle 7).

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	957	1480	15	37	226
2001	1048	1515	18	44	231
2002	994	1341	51	42	213
2003	1089	1338	57	39	161
2004	1157	1441	65	44	263
2005	1036	1278	47	41	198
2006	953	1115	33	39	155
2007	824	1106	59	39	103
2008	840	861	103	48	220
2009	607	661	120	22	219
2010	508	848	32	22	218
2011	400	788	160	10	169
2012	310	559	179	14	216

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

In der Milchziegenzucht ist die Milchleistungsprüfung eine wichtiger Bestandteil der Leistungserfassung. Leider ist bei den Verbänden, die mit dem Herdbuchsystem serv.it OVICAP arbeiten eine Abnahme der Prüfungsdichte zu verzeichnen (sieheTabelle 8) Zahlen aus dem Verbänden ZZ BW und LBZ konnten aus den oben genannten Gründen noch nicht berücksichtigt werden.

Tabelle 8: Anzahl Tiere mit Milchleistungsprüfungen nach Geburtsjahr

Jahr[a]	Anzahl
2000	210
2001	211
2002	179
2003	249
2004	223
2005	196
2006	182
2007	179
2008	140
2009	81
2010	34
2011	1

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

8 Populationsanalyse

8.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 9 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 10 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die Anzahl geborener und registrierter Tiere der Rasse „Bunte Deutsche Edelziege“ nimmt kontinuierlich ab. Von ca. 3.000 geborenen Tieren im Jahr 2000 auf ca. 1.500 im letzten wohl vollständig erfassten Jahre 2008. Von den männlichen werden nur knapp ein Drittel aller geborenen Tiere registriert. Nach Tabelle 9 sind die Geburtsjahrgänge ab 2009 noch nicht vollständig im Herdbuchsystem erfasst. Laut Tabelle 10 ist die Rasse in nahezu allen Bundesländern vertreten. Die größte Population wird vom Landesverband in Bayern betreut. Mehr als 1.000 geborene Tiere seit 1990 sind in Baden Württemberg, Sachsen, Hessen, Rheinland und Westfalen-Lippe registriert.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 11 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 11 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Aus Tabelle 11 ist ersichtlich, dass von 180 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Ziegenböcken noch 123 und von 1.103 in diesen Jahren registrierten Ziegen noch 827 leben. 123 noch lebende Ziegenböcke und 827 noch lebende Ziegen, geboren 2005 – 2010, bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring der Bunten Deutschen Edelziege.

Tabelle 9: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	175	1.102
1991	295	1.623
1992	358	1.649
1993	434	1.465
1994	487	1.905
1995	661	2.125
1996	682	1.918
1997	790	2.118
1998	610	1.810
1999	581	2.212
2000	839	2.180
2001	806	2.150
2002	755	1.905
2003	678	1.922
2004	798	1.765
2005	619	1.599
2006	556	1.593
2007	496	1.455
2008	320	1.253
2009	267	712
2010	437	557
2011	392	451

Tabelle 10: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	134
znLSV Niedersachsen	713
Saarland	177
zLV Thür. Schafzüchter e.V.	24
HZZV	1.822
LBZ	9.302
LSHZ	138
zzLSV Baden-Württemberg e.V.	2.267
LRZ	1.498
LZWL	1.097
LSZV MV	32
SSZV (Sachsen)	1.861
Berlin-Brandenburg	12

Tabelle 11: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	619	1.599	38	303	19	204
2006	556	1.593	48	244	32	170
2007	496	1.455	23	222	13	166
2008	320	1.253	29	170	21	133
2009	267	712	30	118	28	108
2010	437	557	12	46	10	46
Gesamt	2.695	7.169	180	1.103	123	827

8.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 12 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 13 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 12 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 13 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 14 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 14 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 87 von 123 Ziegenböcken (=70%) und 452 von 827 Ziegen (=55%) die erforderliche Mindest-Pedigreevollständigkeit. Dieser Anteil an Tieren mit minimal ausreichenden Abstammungsinformationen für das Monitoring ist auf der Vaterseite und vor allem auf der Mutterseite als schlecht zu bewerten. Die verbleibende Monitoring Population C der Bunten Deutschen Edelziege umfasst dann insgesamt 2.778 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Im Maximum sind bis zu 13 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert. Im Regelfall aber wesentlich weniger.

Tabelle 12: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	14	0.24	24	0.22
1981	14	0.30	20	0.22
1982	13	0.31	18	0.18
1983	15	0.28	26	0.34
1984	13	0.56	31	0.27
1985	25	0.34	46	0.33
1986	27	0.34	39	0.33
1987	22	0.40	39	0.46
1988	29	0.41	42	0.40
1989	26	0.33	40	0.39
1990	39	0.39	43	0.50
1991	30	0.42	47	0.48
1992	24	0.57	49	0.60
1993	31	0.43	64	0.49
1994	30	0.53	52	0.48
1995	31	0.51	57	0.61
1996	37	0.61	64	0.43
1997	32	0.49	55	0.61
1998	32	0.59	54	0.62
1999	26	0.53	62	0.65
2000	28	0.48	67	0.60
2001	25	0.49	75	0.68
2002	21	0.58	71	0.68
2003	21	0.61	49	0.79
2004	34	0.71	70	0.73
2005	24	0.80	144	0.83
2006	35	0.81	119	0.83
2007	20	0.81	113	0.84
2008	25	0.76	101	0.85
2009	28	0.92	81	0.87
2010	8	0.91	28	0.88

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

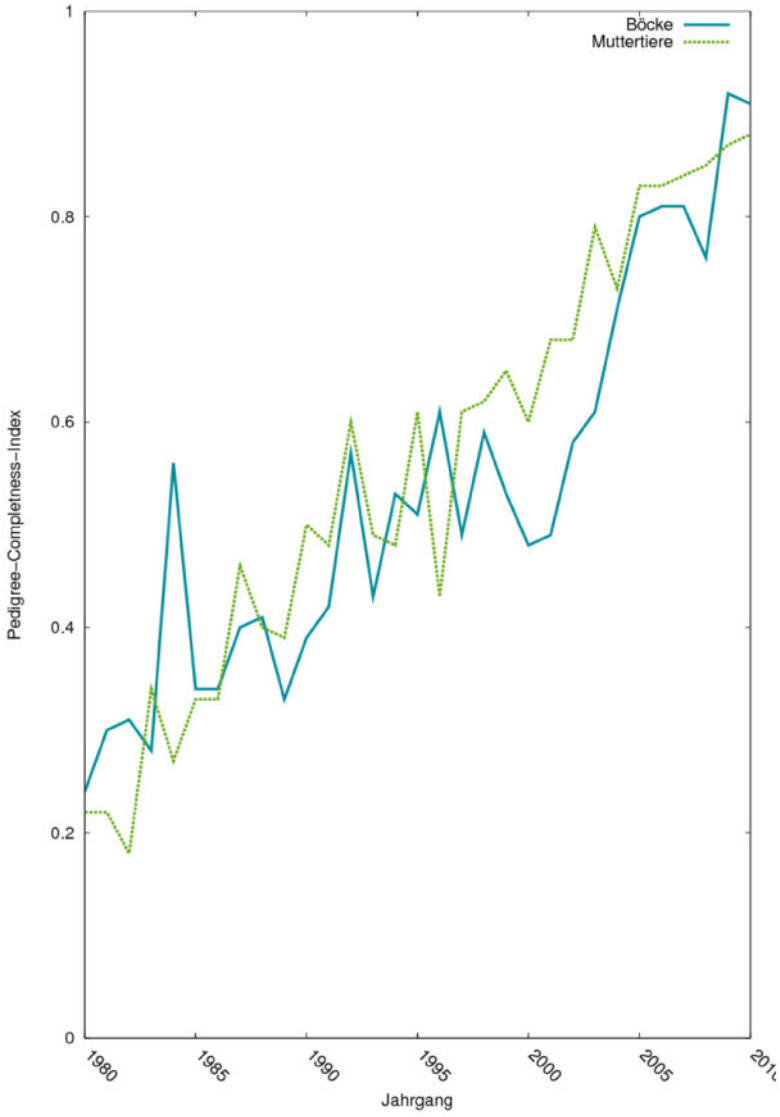


Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (2778 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	87	0.91	452	0.88
2	102	0.69	348	0.78
3	116	0.55	283	0.59
4	136	0.50	237	0.47
5	116	0.44	180	0.45
6	95	0.41	128	0.38
7	69	0.36	109	0.29
8	47	0.33	69	0.26
9	32	0.27	53	0.19
10	29	0.19	31	0.11
11	17	0.06	23	0.12
12	9	0.04	7	0.07
13	1	0.00	2	0.00
Gesamt	856		1922	

Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (539 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	12	0.90	94	0.90
2006	18	0.91	81	0.89
2007	7	0.92	83	0.87
2008	17	0.89	89	0.86
2009	25	0.93	77	0.87
2010	8	0.91	28	0.88
Gesamt	87		452	

8.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass

in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 15 und die Muttertiere (Tabelle 16) ausgewiesen. Da kaum fremdrassige Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern der Bunten Deutschen Edelziege registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) nur ein geringer Fremdgenanteil festzustellen. Bei den Ziegenböcken wird ein Fremdgenanteil unter 3% und bei den Ziegen von knapp 10% in der aktiven Zuchtpopulation analysiert. Hier sind u.a. Tiere der Rassen Weiße Deutsche Edelziege, Alpine Ziege und Harzer Ziege zu finden.

Tabelle 15: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Bunte Deutsche Edelziege	sonstige	unbekannt
2005	12	3.51	99.91	0.09	0.00
2006	18	2.28	99.19	0.81	0.00
2007	7	5.08	93.64	6.36	0.00
2008	17	6.00	95.46	4.54	0.00
2009	25	5.41	97.32	2.68	0.00
2010	8	3.25	96.35	3.65	0.00
Ges.	87	4.39	97.32	2.68	0.00

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Bunte Deutsche Edelziege	sonstige	unbekannt
2005	94	2.62	96.16	3.84	0.00
2006	81	2.92	96.42	3.58	0.00
2007	83	3.29	89.10	10.90	0.00
2008	89	5.55	85.68	14.32	0.00
2009	77	5.35	87.15	12.85	0.00
2010	28	3.16	88.15	11.85	0.00
Ges.	452	3.87	90.82	9.18	0.00

8.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Genera-

tionsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 17 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Abgeleitet aus dem Alter der Eltern der Monitoring-Ausgangspopulation C ist auf der Vaterseite ein um fast 2 Jahre geringeres Generationsintervall zu beobachten als auf der Mutterseite. Die Eltern der Böcke sind etwa gleich alt wie die Eltern der Muttertiere. Insgesamt liegt das mittlere Generationsintervall bei 3,42 Jahren. Es liegt damit über dem Mittel in allen analysierten Ziegenrassen (Mittel ca. 2,88 Jahre).

Tabelle 17: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	87	2.42
Mutter auf Vater	87	4.49
Vater auf Mutter	452	2.61
Mutter auf Mutter	452	4.17

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.42 Jahre

8.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 8.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 8.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $>$ 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $>$ 0,70 der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen, vor allem auf der Mutterseite, bei vielen Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann bei den Bunten Deutschen Edelziegen auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden. Daher resultiert ein weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von N_e = 664. Aufgrund der unzulänglichen Daten scheint die beschriebene Methodik bei dieser Rasse nicht geeignet zur Quantifizierung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Mittl. Generationsintervall : 3.42 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 663.99

Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation

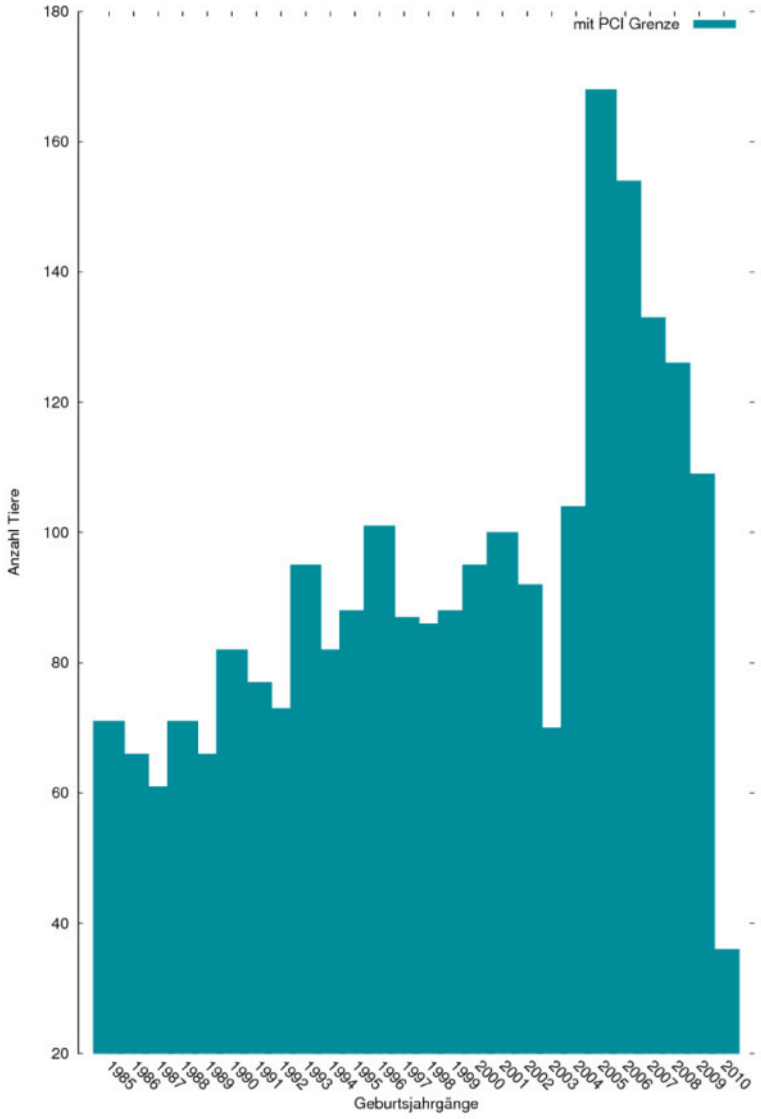
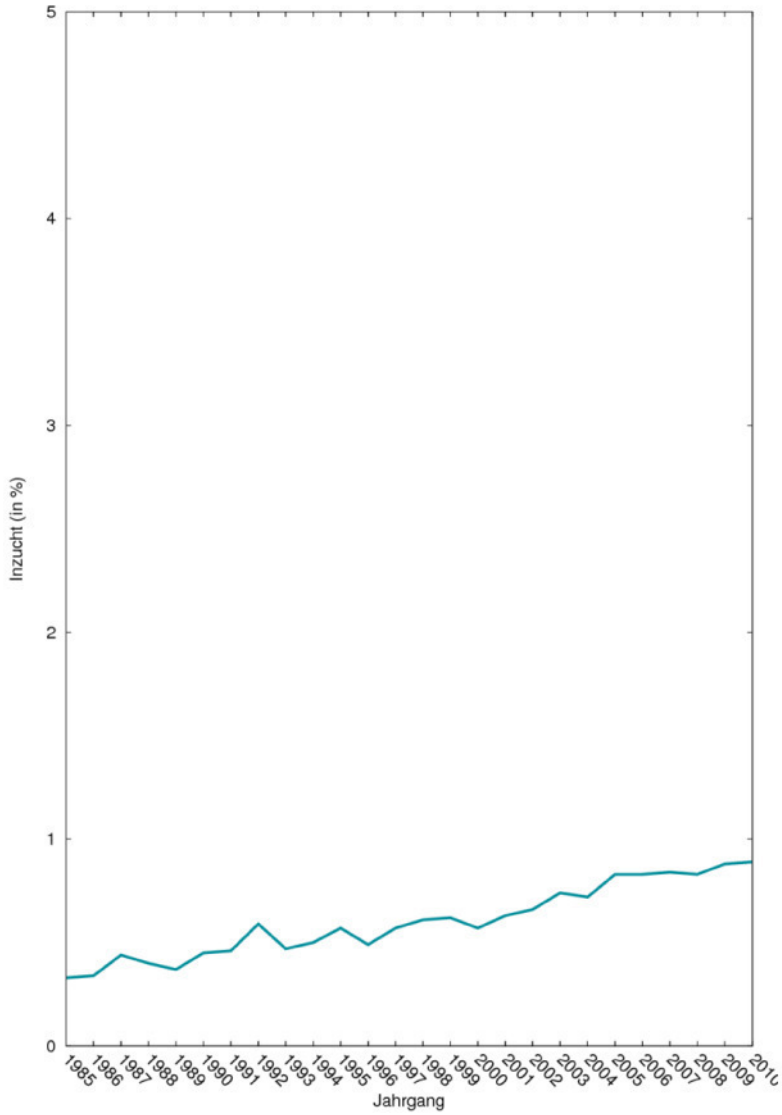


Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Bunte Deutsche Edelziege)



8.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 18 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 19 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 161, berechnet aus 400 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 18, dürfte ebenfalls aufgrund der nicht ausreichenden Datenstruktur noch überschätzt sein. Lt. Tabelle 19 haben nur 2 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation.

Tabelle 18: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	400	96	128
Anzahl effektive Foundertiere	161		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 20 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, f_a = 71, dürfte eher der Realität entsprechen und weist deutlich auf die Überschätzung von Ne hin. Es sind 6 dominante Ahnen (>2% Genanteil), in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 20). Lediglich ein Ahnen hat einen Genanteil $> 6\%$, ein Bottle Neck Effekt dürfte durch diesen einen Ziegenbock aber nicht verursacht sein. Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen damit zwar auf keine eingeschränkte genetische Variabilität in der Rasse hin, aufgrund der vorliegenden Datengrundlage sind die Ergebnisse aber vorsichtig zu interpretieren.

Tabelle 19: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
FRBE001000195	04.01.1998	männlich	3.06
FRBE001000178	08.12.1993	männlich	2.14
2704	24.01.1979	weiblich	1.62
CHAL002000192	26.03.1996	männlich	1.60
SNBE064016219	01.02.2001	weiblich	1.55
FRBE001000189	22.01.1990	männlich	1.48
CHAL080002530	17.03.1996	weiblich	1.48
CHAL069000881	07.03.1996	weiblich	1.36
FRBE001000172	18.10.1996	männlich	1.21
FRBE001000142	09.02.1994	männlich	1.21
415	30.01.1972	männlich	1.06
435	11.01.1972	männlich	0.97
FRBE001000125	04.10.1996	männlich	0.96
475	18.01.1973	männlich	0.94
1429	25.01.1970	weiblich	0.87
D3375	31.10.1995	weiblich	0.85
4957B	04.02.1990	männlich	0.84
1624	18.02.1972	weiblich	0.80
1981	24.02.1975	weiblich	0.78
06107	13.02.1994	weiblich	0.77
16787	17.12.1995	männlich	0.76
FRBE001000179	11.01.1994	männlich	0.74
526	07.01.1975	männlich	0.71

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
1141	22.05.1968	weiblich	0.70
848	16.02.1982	männlich	0.69
U 1873	20.03.1985	männlich	0.67
0957101919050	03.01.1996	männlich	0.65
698W	04.03.1992	männlich	0.65
2590403	08.01.2004	männlich	0.63
151253	10.04.1969	weiblich	0.63
11601	01.01.1992	weiblich	0.63
FRBE001000112	28.10.1990	männlich	0.63
CHAL067000864	09.01.1996	weiblich	0.63
06124	26.03.1995	weiblich	0.62
518	25.02.1974	männlich	0.61
CHAL079002503	25.02.1996	weiblich	0.61
11378	01.03.1989	weiblich	0.60
CHAL001001297	01.01.1995	männlich	0.60
369900604	31.01.2003	männlich	0.60
SNBE545003445	29.03.1993	weiblich	0.59
THBE001031480	11.03.1991	männlich	0.59
70M3	21.02.1993	männlich	0.57
15473	01.01.1995	weiblich	0.56
1946	01.02.1974	weiblich	0.54
421	19.03.1971	männlich	0.53
150623	10.01.1976	männlich	0.52
611	03.02.1976	männlich	0.52
DE-AN025325	16.01.2005	männlich	0.52
1529	19.02.1972	weiblich	0.51
683	22.01.1978	männlich	0.51

Anzahl effektiver Ahnen : 71

Tabelle 20: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
DE011400024256	06.02.2006	männlich	6.6
SNBE064042179	21.02.2004	männlich	4.7
4469	27.01.1988	weiblich	2.8
SNBE064019991	26.12.2000	männlich	2.7
17020	08.03.1996	weiblich	2.4
D657	02.02.2004	männlich	2.0

8.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 21 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Va-

tertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (0,60%) der 123 noch lebenden Vatertiere zu den 827 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation (Ausgangselternpopulation B) zeigen ebenfalls keinen Trend zur Blutlinienverengung auf.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 0.60 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 123
Anzahl verfügbare Mütter: 827

Tabelle 21: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE011400024256	0.00	5.91	75.00	142	93
DE011400057468	6.25	4.30	59.38	152	83
DE011400150599	6.25	4.23	56.25	155	79
DE011400057590	0.00	3.83	50.00	168	85
DE011400150600	0.00	2.50	43.75	137	59
DE010800023518	0.00	2.15	28.13	469	1
DE010800023519	0.00	2.15	28.13	469	1
DE011400094002	0.00	1.61	50.00	36	26
DE010800022678	0.37	1.16	51.87	340	12
DE010800022619	0.89	1.13	28.84	343	8
DE010310137223	0.05	1.02	50.03	354	14
DE010800434055	0.64	1.02	51.63	343	6
DE010800022602	0.37	0.98	31.83	340	12
29950	0.00	0.98	53.21	335	12
DE010800268549	0.67	0.94	50.90	343	4
DE010610037451	0.12	0.93	51.37	342	13
DE010670021727	3.44	0.92	65.94	355	9
DE010670013792	0.20	0.91	50.20	353	9
DE010800022618	0.04	0.88	50.09	343	8
DE010800165501	4.84	0.83	29.94	354	2
DE010800388267	6.39	0.83	44.15	342	6
DE010610037458	0.12	0.81	50.09	342	13
DE010800388268	0.21	0.80	50.45	345	7
DE011400012701	3.13	0.79	59.77	36	2
21363	1.56	0.76	26.61	342	6
DE010800268546	0.07	0.74	50.30	347	8
DE010310103580	0.05	0.73	50.15	355	4
DE010510008659	0.00	0.71	57.81	347	9
DE010800028521	1.66	0.68	61.10	340	6
DE010800022584	0.05	0.68	31.30	337	2

8.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist suboptimal und damit für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) nicht geeignet. Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt.
- Die entsprechenden Kriterien, abgeleitet aus den Schätzwerten für die effektiven Gründertiere (Founder) bzw. effektiven Ahnen, zeigen besser die Realität. Danach ist die genetische Varianz in der Rasse aber auch noch nicht eingeschränkt.
- Nach diesen Zahlen wären aktuell keine besonderen züchterischen Maßnahmen nötig, um die genetische Variabilität in der Rasse gezielt zu erhalten bzw. den Inzuchtanstieg zu minimieren.
- Für eine abschließende Beurteilung der genetischen Situation in der Rasse ist allerdings zu überprüfen, inwiefern die Datengrundlage eventuell für die hier geforderten Auswertungen noch verbessert und vervollständigt werden kann.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- RAUHWOLLIGES POMMERSCHES LANDSCHAF -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

Service & Daten aus einer Quelle

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **6**

2.1 Leistungsprüfungen 6

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 6

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 9

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 9

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 9

2.3 Zuchtwertschätzung 10

2.4 Selektion 10

3 Rassebeschreibung **11**

3.1 Zuchtziel 12

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **12**

5 Rassedachverbände oder Vereine **14**

6 Informationen aus dem Herdbuch **15**

6.1 Verteilung auf Verbände 15

6.2 Herdenstruktur 17

6.3 Kennzahlen der Zucht 18

7 Populationsanalyse **21**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 21

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 23

7.3 Genanteile 27

7.4 Mittleres Generationsintervall 28

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 29

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 33

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 36

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 37

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 17

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 26
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 31
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Rauhwolliges Pommersches Landschaf) 32

Tabellenverzeichnis

1 Leistungsspektrum 11
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände 16
3 Verteilung der Tiere auf Regionen 16
4 Anzahl Herden in den Verbänden 17
5 Verteilung der Herden auf Regionen 18
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 18
7 Entwicklung der Zucht 19
8 Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein 19
9 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 20
10 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 22
11 Verteilung auf Verbände 22
12 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 23
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 25
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (5277 Tiere) 27
15 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1872 Tiere) 27
16 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 28
17 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 28
18 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 29
19 Kennzahlen zu Foundertieren 33
20 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 34
21 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 35
22 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 36

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., 2012)

Das Rauhwollige Pommersche Landschaf ist eine der ältesten noch vorhanden Landschafrassen. Seit Jahrhunderten wurde es in den Küstenregionen Mecklenburgs, Pommerns und Ostpreußens in kleineren Beständen gehalten.

Die anspruchslosen Tiere stellten eine nützliche Ergänzung in der kleinbäuerlichen Wirtschaft der Büdner (Besitzer eines kleinen ländlichen Anwesens) dar. Wolle und Fleisch standen den Menschen für ihren Eigenbedarf zur Verfügung, und der anfallende Dünger wurde zur Verbesserung der Bodenfruchtbarkeit eingesetzt. Fischer schätzten die grobe, graublaue Wolle dieses Tieres, aus der sich so zweckmäßige wind- und wetterabweisende Textilien herstellen ließen.

Mit der einsetzenden Intensivierung der landwirtschaftlichen Produktion und der sich entwickelnden Textilindustrie Mitte des 19. Jahrhunderts wurden vorhandene Landrassen und –schläge stärker züchterisch bearbeitet. Durch gewissenhaft dokumentierte Viehzählungen wird die zunehmende Verdrängung des Rauhwolligen Pommerschen Landschafs durch edlere Rassen belegt. In weiter von der Küste entfernten Gebieten kam es bald nicht mehr vor.

Die systematische Zucht des Rauhwolligen Pommerschen Landschafes nahm mit der Gründung des Verbandes Pommerscher Wollschafzüchter - später in Verband Pommerscher Schafzüchter umbenannt - zu Beginn des 20. Jahrhunderts ihren Anfang.

Nach dem Zweiten Weltkrieg, kam als es zu einem regelrechten Aufschwung in der Rauhwollerzucht. Waren es im Jahre 1936 ungefähr 70 200 Rauhwollige Landschafe, die sich auch am Rand von Städten gut tüdern und pferchen ließen, so belief sich der Tierbestand dieser Rasse Anfang der 50er Jahre auf rund 110 000 Schafe - das waren 37% des Gesamtschafbestandes in Mecklenburg-Vorpommern - ehe diese Rassenverbreitung mit der Stabilisierung der Landwirtschaft wieder zum Erliegen kam. Die in den Jahrzehnten darauf zunehmende Großfelderwirtschaft und die Favorisierung leistungsstarker Nutztierrassen machten die Tiere zu einer in ihrer Existenz bedrohten Kulturrasse.

Eine organisierte Zuchtarbeit und Registrierung dieser vierbeinigen Landschaftspfleger erfolgte erst wieder zu Beginn der 1980er, zu einem Zeitpunkt, als eine UNO-Resolution zum Schutz bedrohter Kulturrassen den Erhaltung und Fortbestand dieser für den Norden typischen Schafrasse forderte.

Das Nachzuchtgebiet konzentrierte sich auf die Inseln Rügen, Hiddensee und Ummanz. Damals interessierten sich etwa noch 10 Halter aus Familientradition für die Pommernschafe. Zwanzig Jahre wurde nichts mehr aufgeschrieben und auch kein Zuchtbuch mehr geführt. Auf Initiative engagierter Züchter wurde bei beim VKSK (Verband der Kleingärtner, Siedler und Kleintierzüchter) eine Sparte für die Zucht der Rauhwoller eingerichtet. Nach erfolgter Sichtung der noch verbliebenen Tiere begann 1982 der Aufbau der Genreserve mit sieben Böcken und 46 Mutterschafen. Mit Hilfe des Linienrotationsverfahrens wurde der Bestand langsam wieder aufgebaut und Inzucht vermieden. So konnten zu Beginn der 1990er Jahre über 400 Tiere dieser Rasse im Zuchtgebiet gezählt werden. Weitere Bestände gab es in Sachsen-Anhalt und Baden Württemberg.

Mit dem Fall der Grenze 1989 erlebte die Verbreitung der Rasse in ganz Deutschland einen nachhaltigen Aufschwung. Züchterisch betreut wurde die Rasse durch den 1990 gegründeten Zuchtverein für Rauhwollige Pommersche Landschafe Rügen sowie durch den Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e. V. (ZVSP). Nach

Auflösung des Vereins im Jahr 1999 wurde die Betreuung der Tiere durch die einzelnen Landesschafzuchtverbände übernommen, der ZVSP agiert weiterhin in ganz Deutschland.

Bundesweit gibt es aktuell wieder über 2700 Zuchttiere dieser Rasse, wobei über 60% des Gesamtbestandes in Mecklenburg-Vorpommern vorkommen. Größere Bestände gibt es in Niedersachsen und Brandenburg.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens

7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)

- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht
- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL

mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt. Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssystem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Dieses Schaf hat einen hornlosen, mit schwarzen Stichelhaaren besetzten, mittelgroßen Kopf. Die Zunge ist blau, ein Stirnschopf kann vorhanden sein. Ein Mehlmaul ist zulässig. Die Beine sind mit schwarzem Stichelhaar besetzt und unbewollt. Das Vlies aus langabgewachsener Mischwolle variiert von stahlblau bis grau. Ein brauner Anflug ist möglich. Bei den Böcken ist eine bis zur Schulter reichende Mähne aus schwarzem Langhaar erwünscht. Beide Geschlechter können einen Aalstrich aufweisen. Die Lämmer werden mit einem schwarzen, leicht gekräuselten Vlies geboren. Die Schafe haben eine lange Brunstsaison, die Zulassung erfolgt in einem Alter von 11 bis 15 Monaten.

Tabelle 1: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	70-80	6,0-7,0		70-75	
Jährlinge	55-65	4,0-5,0			
Lammböcke					
Mutterschaf	55-65	4,0-5,0	150-180	60-65	
Zuchtlämmer					

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Schlachtlämmern im Bereich von 180 - 230 g, das handelsübliche Lebendgewicht bei rund 35 kg.

3.1 Zuchtziel

Züchtung eines mittelgroßen, widerstandsfähigen Schafes für die Landschaftspflege.

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Rauhwolliges Pommersches Landschaf:

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
Kölnische Str. 48 - 50
34117 Kassel
Tel.: 0561/16984
Email:
www.schafe-hessen.de

Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.
Karow, Zarchliner Str. 7
19395 Plau
Tel.: 038738/73071
Email: schafzucht@rinderzucht-mv.de
www.schafzucht-mv.de

Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 0711/16655-40
Email: Wohlfarth@schaf-bw.de
www.schaf-bw.de

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/329777
Email: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de
schafzucht-niedersachsen.de

Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.
Angerstr. 6
06118 Halle
Tel.: 0345/5214941
Email: roesler@lkv-st.de

Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.
Mars-la-Tour-Str. 6
26121 Oldenburg
Tel.: 04 41-8 21 23
Email: LSV@LWK-Niedersachsen.de
www.schafzuchtverband-weser-ems.de

Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.
Peter-Klöckner Str. 3
56073 Koblenz
Tel.: 0261/91593231
Email: rainer.wulff@lwk-rlp.de

Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.
Am Johannishof 3
99085 Erfurt
Tel.: 0361/7498070
Email: lv@thueringer-schafzucht.de
www.thueringer-schafzucht.de

Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431/332608
Email: info@schafzucht-kiel.de
www.schafzucht-kiel.de

Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.
Bleichstr. 41
33102 Paderborn
Tel.: 05251-32561
Email: schafzuchtverband@lwk.nrw.de
www.schafzucht-nrw.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

Stevede 56
48653 Coesfeld
Tel.: 02541-9689452 / 04355-989380
Email: herdbuch@schafzuchtverband.de
www.landschafe.de

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

Interessengemeinschaft Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.
18586 Groß Zicker/Rügen
Email:info@igrpl.de
www.pommernschafe.de

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Elterntiere der Rauhwollige Pommerschen Zuchtschafe können in vielen Verbänden gefunden werden. Am stärksten vertreten ist dabei das Ursprungszuchtgebiet im LSZV MV gefolgt vom bundesweit tätigen ZVSP, Berlin-Brandenburg, Niedersachsen und Schleswig-Holstein (siehe Tabelle 2).

Der Regionale Schwerpunkt der Zucht ist in den nördlichen Regionen der Republik zu finden (siehe Tabelle 3 und Abbildung 1)

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
ZVSP	17	297
SZV NRW e.V.	3	77
LV Thür. Schafzüchter e.V.	6	5
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	4	30
Weser-Ems	1	58
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	7	75
Hessen	5	13
LSV Niedersachsen	28	208
SH-S	19	53
LSZV MV	70	2047
LSV Baden-Württemberg e.V.	6	27
Berlin-Brandenburg	15	262
Gesamt(Alle Verbände)	181	3152

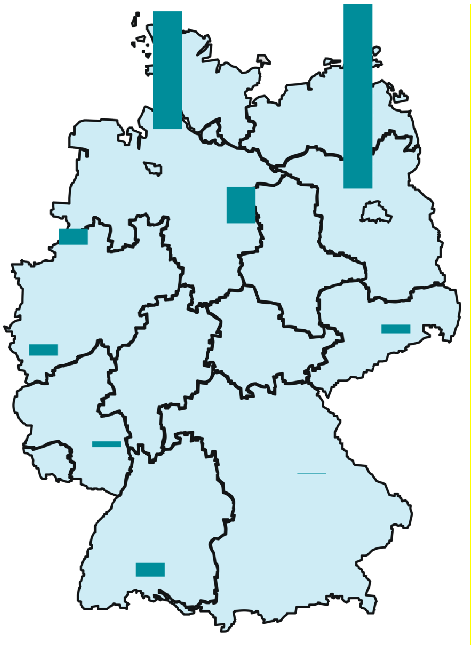
[a]für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
59	0
2957	1
740	2
248	3
111	4
67	5
38	6
91	7
6	9

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



6.2 Herdenstruktur

Analog zu den Tierzahlen verteilen sich die Herden auf die Verbände und Regionen(siehe Tabellen 4 und 5).

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	Hessen
1	LSV Baden-Württemberg e.V.
2	LV Thür. Schafzüchter e.V.
3	Weser-Ems
4	Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz
7	SZV NRW e.V.
10	LSV Sachsen-Anhalt e.V.
21	SH-S
22	ZVSP
23	LSV Niedersachsen
26	Berlin-Brandenburg
41	LSZV MV
161	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
6	0
61	1
42	2
19	3
12	4
11	5
3	6
4	7
1	9
159	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Zum Grossteil wird die Zucht in Beständen mit bis zu 20 Tieren betrieben, wobei durchaus wenige grössere Bestände anzutreffen sind (vergl. Tabelle 6)

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
58	1 bis 9
55	10 bis 19
18	20 bis 29
8	30 bis 39
2	40 bis 49
4	50 bis 59
2	60 bis 69
2	70 bis 79
2	80 bis 89
1	90 bis 99
9	100 und mehr

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

Die Anzahl Ablammungen pro Jahr lassen nach einer Phase des leichten Anstiegs der Zucharbeit ab 2008 wieder ein Absinken auf das Ausgangsniveau erkennen. (vergl. Tabelle 7)

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	2173	3013	14	28	306
2001	2317	3349	21	22	234
2002	2683	3826	25	33	149
2003	2456	3494	17	15	141
2004	2788	4045	20	21	151
2005	2754	4198	19	28	155
2006	2908	4391	26	21	95
2007	2776	3905	53	61	604
2008	2736	3801	9	83	654
2009	2402	3364	1	73	483
2010	2237	3326	4	50	466
2011	2127	3225	63	78	596
2012	1318	2063	14	63	389

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 8: Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein

	Anzahl			
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	42	69	3	
2001	28	47	3	
2002	63	117	2	
2003	64	119	4	
2004	55	95	6	6
2005	74	128	3	16
2006	87	126	4	21
2007	75	124	2	19
2008	56	95	1	
2009	58	87	4	15
2010	69	108	7	6
2011	55	82		16

Im Rahmen des Programms zur TSE-Resistenzucht wurden Untersuchungen beim Rauhwolligen Pommerschen Landschaf durchgeführt. Eine Übersicht zu den Ergebnissen bei ausgwählten Genotypausprägungen ist in Tabelle 9 zu finden. Nach einer intensiven Phase ist die Zahl der Untersuchungen stark rückläufig. Ein Grund für den Rückgang ist sicherlich in der erfolgreichen Umsetzung des TSE-Resistenzuchtprogramms zu sehen (vergl. Abschnitt 2.2 auf Seite 9)

Tabelle 9: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	179	5.6	10	29.1	52	19.0	34	-	-	12.3	22	21.2	38
2001	230	5.7	13	20.9	48	8.7	20	-	-	17.4	40	29.1	67
2002	239	8.8	21	23.4	56	19.2	46	-	-	16.3	39	21.3	51
2003	334	8.4	28	29.9	100	14.1	47	-	-	28.1	94	15.3	51
2004	317	11.4	36	29.7	94	20.8	66	-	-	15.1	48	16.1	51
2005	224	15.6	35	33.5	75	19.2	43	-	-	12.1	27	14.3	32
2006	198	15.7	31	25.3	50	22.7	45	-	-	10.6	21	14.1	28
2007	259	22.8	59	33.2	86	15.4	40	-	-	7.7	20	12.4	32
2008	201	27.4	55	26.9	54	19.9	40	-	-	2.0	4	5.5	11
2009	176	34.7	61	27.3	48	21.0	37	-	-	-	-	6.8	12
2010	182	33.5	61	29.7	54	14.3	26	-	-	-	-	10.4	19
2011	206	37.9	78	30.1	62	13.1	27	-	-	0.5	1	6.8	14
2012	28	57.1	16	10.7	3	25.0	7	-	-	-	-	7.1	2

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 10 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 11 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die Anzahl geborener und registrierter Tiere der Rasse „Rauhwolliges Pommersches Landschaf (RPL)“ ist bis ca. 2000 nicht vollständig. Seit 2000 ist die Anzahl registrierter Lämmer bis 2006 zunehmend und nimmt seither wieder ab. Im letzten vollständigen Meldejahr wurden jeweils ca. 1600 weibliche und männliche Lämmer gemeldet. Aufgrund des Verhältnisses der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 10 ist vor allem in den letzten Jahren davon auszugehen, dass auch alle geborenen männlichen Lämmer in den Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden.

Laut Tabelle 11 wird die Rasse vor allem in Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg und Niedersachsen gehalten. In einigen anderen Bundesländern finden wir kleinere Populationen.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 12 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 12 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Aus Tabelle 12 ist ersichtlich, dass von 158 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 124 und von 2.476 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 2.008 leben. 124 noch lebende Schafböcke und 2.008 noch lebende Mutterschafe der Geburtsjahrgänge 2005 – 2010 bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring der Rasse RPL.

Tabelle 10: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	53	170
1991	73	190
1992	132	302
1993	240	486
1994	304	556
1995	438	727
1996	613	873
1997	737	970
1998	973	1.207
1999	1.193	1.539
2000	1.494	1.653
2001	1.660	1.822
2002	1.893	2.048
2003	1.721	1.862
2004	2.057	2.058
2005	2.080	2.183
2006	2.227	2.221
2007	1.950	2.063
2008	1.906	1.951
2009	1.610	1.679
2010	1.607	1.616
2011	1.433	1.436

Tabelle 11: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	124
LSZV MV	12.947
LSV Baden-Württemberg e.V.	96
LSV Niedersachsen	1.328
Weser-Ems	551
LV Thür. Schafzüchter e.V.	41
SSZV (Sachsen)	53
Berlin-Brandenburg	1.543
ZVSP	955
SZV NRW e.V.	949
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	446
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	100
SH-S	185

Tabelle 12: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	2.080	2.183	22	614	16	366
2006	2.227	2.221	36	634	25	522
2007	1.950	2.063	41	489	32	416
2008	1.906	1.951	34	390	27	363
2009	1.610	1.679	16	325	15	317
2010	1.607	1.616	9	24	9	24
Gesamt	11.380	11.713	158	2.476	124	2.008

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 13 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 14 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 13 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 14 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 15 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 15 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 115 von 124 Böcken (=93%) und 1.757 von 2.008 Mutterschafen (=88%) die erforderliche Mindest- Pedigreevollständigkeit. Dieser Anteil an Tieren mit ausreichenden Abstammungsinformationen für das Monitoring ist bezogen auf andere Schafrassen überdurchschnittlich zu bewerten. Die verbleibende Monitoring Population C der Rasse RPL umfasst dann 5.277 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen).

Im Maximum sind bis zu 9 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert. Im Regelfall aber wesentlich weniger.

Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	0	0.00	3	0.00
1981	1	0.38	6	0.06
1982	0	0.00	2	0.15
1983	2	0.38	2	0.00
1984	3	0.16	8	0.20
1985	4	0.37	21	0.07
1986	2	0.00	18	0.16
1987	7	0.26	21	0.13
1988	4	0.26	23	0.07
1989	6	0.15	33	0.12
1990	11	0.07	40	0.12
1991	11	0.05	66	0.03
1992	14	0.24	92	0.09
1993	23	0.08	105	0.14
1994	18	0.20	118	0.12
1995	26	0.33	158	0.24
1996	34	0.44	174	0.32
1997	42	0.49	128	0.42
1998	36	0.58	206	0.52
1999	29	0.60	201	0.51
2000	30	0.63	211	0.60
2001	37	0.64	248	0.63
2002	35	0.76	225	0.72
2003	36	0.75	236	0.72
2004	46	0.77	253	0.79
2005	32	0.87	412	0.85
2006	42	0.85	551	0.88
2007	44	0.85	403	0.91
2008	32	0.92	352	0.92
2009	16	0.92	299	0.94
2010	9	0.96	24	0.93

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

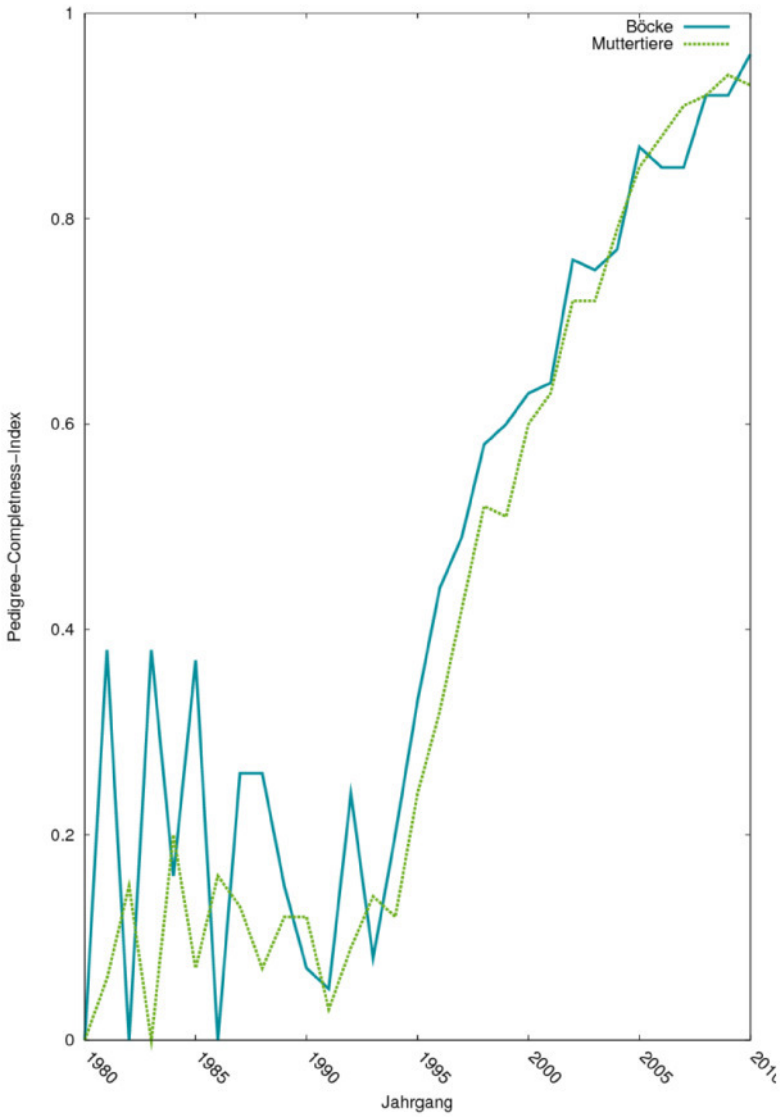


Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (5277 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	115	0.91	1757	0.91
2	190	0.75	1240	0.72
3	156	0.55	856	0.45
4	100	0.36	484	0.26
5	45	0.20	205	0.19
6	25	0.27	66	0.14
7	1	0.47	28	0.07
8	1	0.00	6	0.05
9	1	0.00	1	0.00
Gesamt	634		4643	

Tabelle 15: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1872 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	13	0.90	291	0.88
2006	21	0.91	467	0.90
2007	30	0.89	343	0.91
2008	27	0.92	338	0.93
2009	15	0.92	294	0.95
2010	9	0.96	24	0.93
Gesamt	115		1757	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen wer-

den/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 16 und die Muttertiere (Tabelle 17) ausgewiesen. Da keine fremdrassigen Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern des RPL registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) kein Fremdgenanteil festzustellen.

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Rauhwolliges Pommersches Landschaf	sonstige	unbekannt
2005	13	3.64	100.00	0.00	0.00
2006	21	2.82	100.00	0.00	0.00
2007	30	2.75	100.00	0.00	0.00
2008	27	5.18	100.00	0.00	0.00
2009	15	2.03	100.00	0.00	0.00
2010	9	2.62	100.00	0.00	0.00
Ges.	115	3.33	100.00	0.00	0.00

Tabelle 17: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Rauhwolliges Pommersches Landschaf	sonstige	unbekannt
2005	291	2.23	100.00	0.00	0.00
2006	467	3.12	100.00	0.00	0.00
2007	343	2.73	100.00	0.00	0.00
2008	338	2.62	100.00	0.00	0.00
2009	294	2.58	100.00	0.00	0.00
2010	24	2.94	100.00	0.00	0.00
Ges.	1757	2.71	100.00	0.00	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter

- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 18 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Abgeleitet aus dem Alter der Eltern der Monitoring-Ausgangspopulation C ist ein sehr einheitliches mittleres Generationsintervall auf der Vater- und Mutterseite zu beobachten.

Die Böcke haben etwas jüngere Eltern als die Mutterschafe. Insgesamt liegt das mittlere Generationsintervall mit 3,78 Jahren etwas höher als dem entsprechenden Wert über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre).

Tabelle 18: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	115	3.55
Mutter auf Vater	115	3.75
Vater auf Mutter	1.757	3.66
Mutter auf Mutter	1.757	4.17

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.78 Jahre

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und

vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße** ($\mathbf{N_e}$) ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

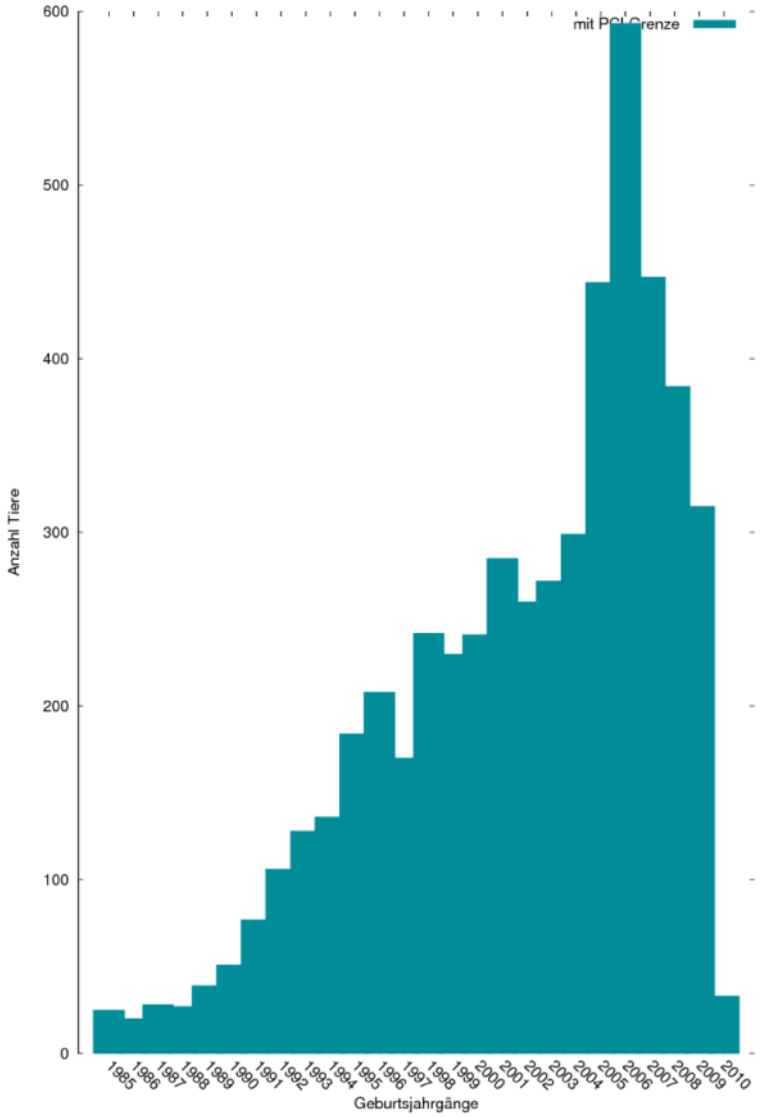
Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $>$ 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen

Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation

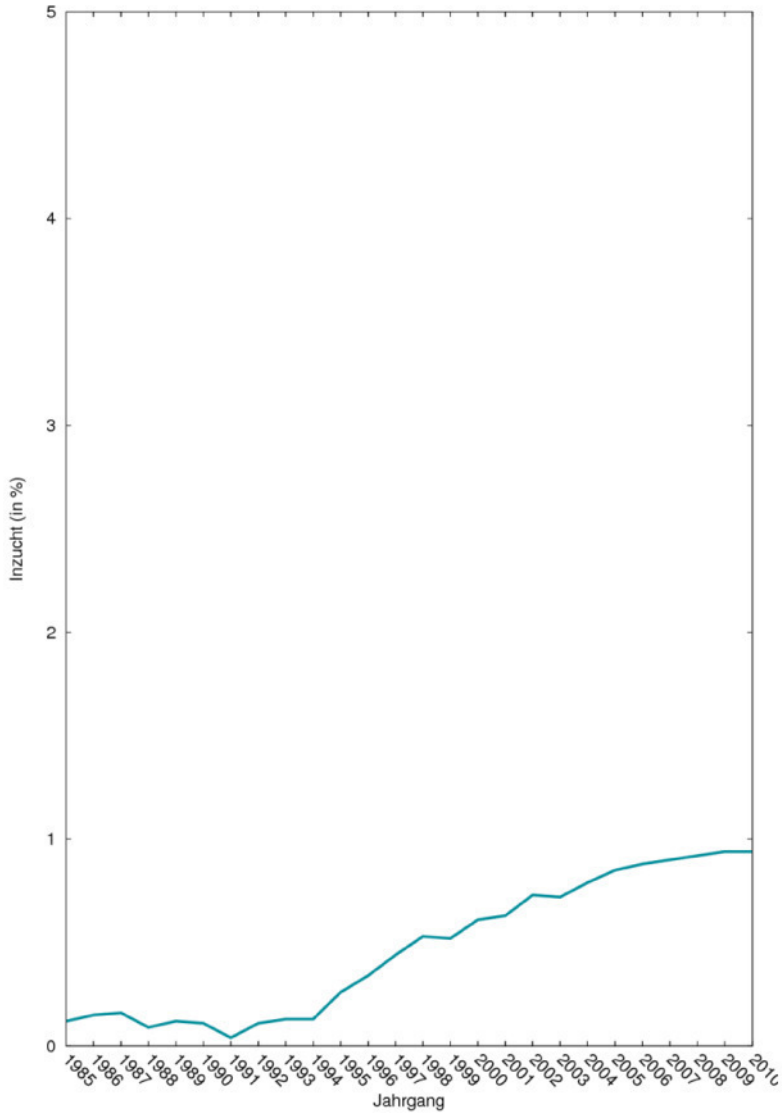


Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $> 0{,}70$ der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen bei vielen Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann beim RPL auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden. Daher resultiert ein überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von $N_e = 282$. Aufgrund der unzulänglichen Daten scheint die beschriebene Methodik bei der vorliegenden Population nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Mittl. Generationsintervall : 3.78 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 282.39

Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Rauhwolliges Pommersches Landschaf)



7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 19 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 20 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 72, berechnet aus 285 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 19, weist auf eine wesentlich engere Blutführung und genetische Variabilität hin als der Wert der effektiven Populationsgröße. Lt. Tabelle 20 haben 7 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation. Auffällig dabei ist, dass darunter 2 weibliche Tiere zu finden sind. Zwei männliche Founder haben einen Genanteil über 4% in der aktiven Population.

Tabelle 19: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	285	239	238
Anzahl effektive Foundertiere	72		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

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

werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 21 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, f_a = 64 weist beim RPL ebenso auf die Überschätzung von Ne hin. Es sind 7 dominante Ahnen (>2% Genanteil), ausnahmslos Böcke, in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 21). Die dominantesten Ahnen sind zugleich auch Founder. Ein zusätzlicher Bottle Neck, verursacht durch spätere dominante Ahnen, ist nicht festzustellen.

Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen damit auf eine etwas eingeschränkte, aber durchaus noch ausreichende genetische Variabilität in der Rasse hin

Tabelle 20: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
MV4200213111	18.02.1986	männlich	5.90
MV4201219660	27.02.1987	männlich	4.14
MV4201218613	07.03.1987	männlich	3.29
MV4200814	01.01.1990	weiblich	3.06
MV4200813	19.12.1989	weiblich	2.67
MV4201220419	13.02.1992	männlich	2.25
MV420129004	15.01.1990	männlich	2.07
MV4200492518	07.02.1985	weiblich	1.81
MV4202440455	15.02.1990	männlich	1.67
MV4200835750	06.02.1989	weiblich	1.62
MV4201230412	12.03.1993	männlich	1.50
MV4200218621	24.02.1987	männlich	1.42
mv4200110511	26.02.1991	männlich	1.41
MV420129018	24.01.1990	männlich	1.34
MV4201230540	13.03.1993	männlich	1.33
MV4203736595	15.02.1990	weiblich	1.31
MV420088	07.01.1990	weiblich	1.30
MV4200218780	15.02.1988	weiblich	1.25
MV420129020	24.01.1990	männlich	1.20
MV4202492238	08.03.1992	weiblich	1.16
MV4200813189	28.03.1986	weiblich	1.08

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
MV4200218776	01.03.1988	weiblich	1.03
MV4200236512	01.02.1990	weiblich	0.99
MV4200240475	03.04.1991	weiblich	0.93
MV4200293008	27.03.1993	männlich	0.90
MV4200835751	28.01.1989	weiblich	0.89
MV4202489901	28.01.1989	weiblich	0.88
MV4204813177	05.02.1986	weiblich	0.83
NI4200150715	06.02.1995	männlich	0.77
MV42002002	03.03.1985	weiblich	0.72
MV4201296364	13.03.1996	weiblich	0.68
MV4201230611	11.03.1993	männlich	0.68
100003	15.03.1990	männlich	0.64
MV4202289101	15.02.1989	weiblich	0.64
MV4200294045	22.03.1994	männlich	0.64
MV4200236514	31.01.1990	weiblich	0.63
MV42008325	26.02.1993	weiblich	0.62
100110	09.03.1991	männlich	0.61
MV4201291027	01.02.1991	weiblich	0.61
MV4200275	01.03.1985	weiblich	0.61
SH42001000620	20.02.1996	männlich	0.60
MV4200293050	24.03.1993	weiblich	0.57
MV4200240469	10.03.1985	weiblich	0.57
SH42001000204	01.03.1992	weiblich	0.56
MV4200236503	20.02.1990	weiblich	0.56
SH4200496601	24.04.1996	weiblich	0.56
MV4200218794	12.01.1991	männlich	0.56
MV4200236525	04.03.1988	weiblich	0.55
BB42003000302	01.02.1993	weiblich	0.54
MV4200293003	07.04.1993	männlich	0.54
MV4200294861	22.03.1994	männlich	0.52
MV4200240465	10.03.1987	weiblich	0.51
MV4200236535	06.03.1989	weiblich	0.51

Anzahl effektiver Ahnen : 64

Tabelle 21: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
MV4200213111	18.02.1986	männlich	5.8
MV4200810105	16.02.1991	männlich	5.3
MV4201219660	27.02.1987	männlich	4.1
MV4200896020	02.03.1996	männlich	3.1
MV4200294046	29.03.1994	männlich	2.8
MV4203720524	15.03.1992	männlich	2.6
MV4201220419	13.02.1992	männlich	2.3

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 22 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (1,13%) der 124 Vatertiere zu den 2.008 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation (Ausgangselternpopulation B) weist ebenso nicht auf eine zu geringe genetische Variabilität in den verfügbaren Elterntieren hin.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 1.13 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 124
Anzahl verfügbare Mütter: 2008

Tabelle 22: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE011300120327	0.49	2.22	52.05	1560	32
DE011300094990	1.27	2.09	29.81	1526	9
DE010310355293	3.96	2.06	35.00	1523	4
DE011300040287	6.25	1.94	56.25	1757	28
DE011300023399	4.35	1.78	54.49	1397	14
DE011300166819	5.13	1.74	24.58	810	0
DE011210156334	0.37	1.71	33.80	1853	9
DE011300015512	0.26	1.65	50.26	1427	14
DE011300111144	4.79	1.63	54.79	1757	18
DE010310701063	0.05	1.59	52.01	1535	6
MV42099082141	0.39	1.55	51.95	1752	4
DE011300078494	10.94	1.48	64.06	1503	12
DE010710025702	3.37	1.45	30.24	1245	8
DE011300078447	14.06	1.44	38.28	1668	13
DE011300094991	0.00	1.41	52.12	1296	13
DE011300094999	0.00	1.40	37.62	1522	9
DE011300166822	0.78	1.38	32.23	774	38
DE011300043845	0.42	1.38	53.55	1394	18
DE011300112957	0.00	1.36	50.00	1498	9
DE011300112952	6.64	1.35	40.82	1498	3
DE011210167011	0.00	1.34	33.06	1845	10
DE011210157492	1.20	1.33	51.20	1572	4
DE011300088177	0.15	1.31	31.53	1712	48

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE010310884154	0.29	1.31	50.70	1552	2
DE011300166817	2.54	1.28	21.80	799	0
DE011300154177	0.29	1.27	40.16	1504	6
DE011300154178	0.02	1.21	50.31	1547	3
DE010310489207	0.98	1.20	32.23	1356	6
DE011300150576	0.00	1.18	27.56	1521	3
DE011300166816	1.95	1.13	21.29	804	0

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden::aufzaehlung:

Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist relativ über alle Schafrassen gesehen zwar gut, aber immer noch nicht für eine sichere Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) ausreichend. Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt.

Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen entspricht besser der Realität.

Auch wenn diese beiden letzten Kriterien niedrig erscheinen, sind sie durchaus in der Größenordnung wie bei Milchviehrassen und daher nicht zu dramatisieren.

Nach diesen Zahlen wären noch keine gezielten züchterischen Maßnahmen einzuplanen, um die genetische Variabilität in der Rasse zu erhalten. Aufgrund der immer geringeren Anzahl gemeldeter Lämmer in den letzten Jahren ist eine weitere Beobachtung des Trends in der Rasse zu empfehlen.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- COBURGER FUCHSSCHAF -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **6**

2.1 Leistungsprüfungen 7

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 7

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 10

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 10

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 10

2.3 Zuchtwertschätzung 11

2.4 Selektion 11

3 Rassebeschreibung **12**

3.1 Zuchtziel 12

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **13**

5 Rassedachverbände oder Vereine **15**

6 Informationen aus dem Herdbuch **16**

6.1 Verteilung auf Verbände 16

6.2 Herdenstruktur 18

6.3 Kennzahlen der Zucht 19

7 Populationsanalyse **22**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 22

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 24

7.3 Genanteile 28

7.4 Mittleres Generationsintervall 29

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 30

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 35

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 37

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 39

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 18

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 27
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 33
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Coburger Fuchsschaf) 34

Tabellenverzeichnis

1 Bestandsentwicklung bis zur Einrichtung einer gemeinsamen Herdbuchdatenbank (Anzahl) . . . 6
2 Leistungsspektrum . . . 12
3 Verteilung Elterntiere auf Verbände . . . 17
4 Verteilung der Tiere auf Regionen . . . 17
5 Anzahl Herden in den Verbänden . . . 18
6 Verteilung der Herden auf Regionen . . . 19
7 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen . . . 19
8 Entwicklung der Zucht . . . 20
9 Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein . . . 20
10 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen . . . 21
11 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht . . . 23
12 Verteilung auf Verbände . . . 23
13 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) . . . 24
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) . . . 26
15 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (5256 Tiere) . . . 28
16 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1576 Tiere) . . . 28
17 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage . . . 29
18 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage . . . 29
19 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden . . . 30
20 Kennzahlen zu Foundertieren . . . 35
21 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) . . . 36
22 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 37
23 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren . . . 38

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

Das Coburger Fuchsschaf gehört wie das Rhönschaf zur Gruppe der schlichtwolligen deutschen Landschafe, die ursprünglich von mischwolligen Landschafen, wie z.B. dem einst über Süddeutschland, Österreich, Böhmen und Mähren weit verbreiteten Zaupelschaf abstammen. Dieses war klein von Wuchs und trug eine grobe Mischwolle mit glänzenden Grannenhaaren, deren Farbe hauptsächlich ein schmutziges Weiß, aber auch braun und schwarz sein konnte. Ausgehend von Süddeutschland wurden durch die Einkreuzung flämischer, schlichtwolliger Schafe im 16. Jahrhundert schlichtwollige Nachkommen vom Niederrhein bis nach Schlesien ausgeführt. Dieses deutsche schlichtwollige Landschaf wurde um 1868 von May wie folgt beschrieben:

> Es ist schlichtwollig, wie z.B. das Rhön-, rheinische, hessische Schaf, das Mecklenburger Spiegelschaf, Frankenschaf usw.. Farbe verschieden: Wolle weiß, aber Kopf und Beine weiß, rot, dunkelbraun, gesprenkelt; Kopf bisweilen mit einer Brille, ungehörnt. In Körperform zwischen Marsch- und Landschaf stehend, abgerundet, Knochen fein, Beine lang, aber kräftig. Lebendgewicht 60 - 70 kg: Wolle etwas gewellt, glänzend, Schurgewicht 1,5 - 3 kg. Mastfähig, Fleisch wohlschmeckend. Widerristhöhe 75 cm, Rumpflänge 86 cm, Konstitution kräftig.

Doehner (1939) zählt zu den o.g. Schlägen des Deutschen schlichtwolligen Landschafes noch das Eifelschaf, Thüringer oder Coburger Schaf und das Eichsfelder Schaf.

> Die Farbe des Vlieses und der Beine war und ist weiß, dagegen war in früherer Zeit der Kopf in der Regel schwarz (wie heute noch beim Rhönschaf) oder doch rötlich, braun, braungelb, und nur seltener weiß. Der Kopf ist schmal und ramsnasig, das Ohr zusammengerollt, lang, waagerecht oder leicht hängend.(Golf, 1944)

Mit Sicherheit waren die Landschafrassen seinerzeit in ihrem Erscheinungsbild nicht so ausgeglichen wie heute und es kam immer wieder zu Rassevermischungen in den Grenzgebieten der einzelnen Rassen und Schläge. So geht die Farbbezeichnung für die fuchsfarbigen Schläge von braungelb, rot bis dunkelbraun oder wird einfach nur durch die Wörter *dunke* oder *farbig* zum Ausdruck gebracht. Einzig und allein für das Rhönschaf findet man in der alten Fachliteratur eine exakte Farbbeschreibung.

Rötlichbraune Schafe gab es mit Sicherheit über Jahrhunderte in allen deutschen Landschafschlägen. Vom eigentlichen Coburger Fuchsschaf ist aber erst ab 1877 die Rede. Daneben gab es viele weitere Fuchsschläge, wie z.B. den Westerwälder Fuchs, Goldfuchs, Eisfelder Fuchsschaf, Oberpfälzer Fuchs und viele weitere. Sie machten zu Beginn des 19. Jahrhunderts wahrscheinlich über 60% des Schafbestandes aus. Sicherheit darüber bekommt man aber nicht, da sie zwar in der Literatur erwähnt werden, aber nicht nach Schlägen in den Viehzählungen registriert wurden. Allerdings war ihr Bestand, auf Grund von Verdrängungskreuzung und Rassen mit besserer Wollfeinheit, schon zu Ende des 19 Jahrhundert gefährdet. Um 1930 war die Rasse vom Aussterben bedroht. So ist das Überleben des fuchsköpfigen, schlichtwolligen Landschafes dem schwäbischen Tuchmacher Otto Stritzel zu verdanken, der sich im Jahre 1934 in Oberfranken niederließ, um von den damals in dieser Gegend noch sehr zahlreichen Hauswebern gute Wollstoffe in Heimarbeit herstellen zu lassen. Aufgrund der allgemeinen Wollknappheit begann er 1938 selbst mit der Schafhaltung in einem Weiler bei Münchberg. Otto Stritzel begann seine Zucht mit Restbeständen von lokalen Fuchsschafrassen des Fichtelgebirges, der Oberpfalz und des Westerwaldes, da diese Schläge gut

an das dortige Klima mit rauen, langen Wintern und kurzen, regnerischen Sommern angepasst waren. 1943 begann er seine Zucht mit 30 Fuchsschafen, die teilweise mit anderen Rassen verkreuzt waren. Er paarte die Tiere untereinander, um allmählich wieder reinblütige Füchse zu bekommen. Die Lebendgewichte der Mutterschafe lagen im Jahre 1945 durchschnittlich bei 35 kg. Zur Verbesserung der Woll- und Fleischleistung setzte Stritzel Böcke der Rasse Welsh-Mountain ein, ebenso soll er Böcke der Rassen Solognot und Texel eingesetzt haben (Zanker 1981/82).

Das Coburger Fuchsschaf wurde 1966 als Mittelgebirgsrasse durch die DLG anerkannt. Charakterisiert sind die *Füchse* durch die rotbraune Färbung von Kopf und Beinen und durch die zumeist melierte Wolle, das sogenannte “Goldene Vlies“. Die Füchse waren unter vielen Namen bekannt. So finden wir:

- Goldfüchse
- Rotfüchse
- Westerwälder Füchse
- Eisfelder Fuchsschafe
- Eifeler Schafe
- Ardenais
- Solognotes
- Rousse Tetes
- Welsh Mountain Sheep

Das sind allerdings nur einige Namen der einzelnen Schläge, sie beziehen sich fast immer auf die örtlichen Zuchtgebiete.

Tabelle 1: Bestandsentwicklung bis zur Einrichtung einer gemeinsamen Herdbuchdatenbank (Anzahl)

Jahr	Zuchtbetriebe	Zuchtböcke	Zuchtschafe
1980	2	5	54
1990	24	28	847
1995	42	56	1684
2000	45	61	1740
2004	46	81	1752
2008	46	66	1772

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw.

Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht

- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht
- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt.

Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssystem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Muster-

zuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 8 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Das Coburger Fuchsschaf ist ein mittelgroßes, edles Schaf, mit hornlosem, schmalem Kopf, der bis hinter die Ohren unbewollt ist, von goldgelber bis rotbrauner Farbe. Eine leichte Ramsnase ist möglich. Die Beine sind fein- bis mittelknochig, unbewollt und von gleicher Farbe wie der Kopf; trockenes Fundament und feste Fesseln. Die Schlichtwolle liegt im CD-Bereich (33 - 36 Mikron). Tiere mit schwarzen Flecken werden von der Zucht ausgeschlossen. Das Vlies der Lämmer ist rotbraun und hellt mit zunehmendem Alter auf. Das Vlies der erwachsenen Tiere hat einen deutlichen Glanz, der Farbton erstreckt sich vom hellen Grundton bis zum dunklen Goldton (“Goldenes Vlies“). Die farbigen Haare liegen in rotbraunen Tönen vor, sie sollen gleichmäßig und nicht zu zahlreich im Vlies verteilt sein. Böcke können eine Mähne und Tiere beiderlei Geschlechts einen Aalstrich aufweisen. Die Coburger Fuchsschafe verfügen über eine lange Brunstsaison. Erstzulassung von 12 bis 18 Monaten, zum Teil auch früher.

Tabelle 2: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	85-105	4,0-5,0		75-80	
Jährlinge	60-85				
Lammböcke					
Mutterschaf	60-85	3,0-4,0	130-180	68-75	
Zuchtlämmer					

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Schlachtlämmern im Bereich von 250 - 300 g, das handelsübliche Lebendgewicht bei rund 38-40 kg.

3.1 Zuchtziel

Züchtung eines widerstandsfähigen, genügsamen, pferchfähigen Landschafes mit besonderer Eignung zur Koppel- und Hütehaltung in rauen Mittelgebirgslagen. Erhaltung regiona-

ler Rasseschläge mit ihren typischen Wollen.Wollen mit schwarzen Stichelhaaren sind unerwünscht.

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Coburger Fuchsschaf:

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.
Haydnstraße 11
80336 München
Tel.: 089 / 53 62 27
Email: bhg-schafzucht@t-online.de
www.bhg-schafzucht.de

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
Kölnische Str. 48 - 50
34117 Kassel
Tel.: 0561/16984
Email:
www.schafe-hessen.de

Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.
Karow, Zarchliner Str. 7
19395 Plau
Tel.: 038738/73071
Email: schafzucht@rinderzucht-mv.de
www.schafzucht-mv.de

Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 0711/16655-40
Email: Wohlfarth@schaf-bw.de
www.schaf-bw.de

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/329777
Email: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de
schafzucht-niedersachsen.de

Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.
Angerstr. 6
06118 Halle
Tel.: 0345/5214941
Email: roesler@lkv-st.de

Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.
Mars-la-Tour-Str. 6
26121 Oldenburg
Tel.: 04 41-8 21 23
Email: LSV@LWK-Niedersachsen.de
www.schafzuchtverband-weser-ems.de

Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.
Peter-Klöckner Str. 3
56073 Koblenz
Tel.: 0261/91593231
Email: rainer.wulff@lwk-rlp.de

Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431/332608
Email: info@schafzucht-kiel.de
www.schafzucht-kiel.de

Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.
Am Johannishof 3
99085 Erfurt
Tel.: 0361/7498070
Email: lv@thueringer-schafzucht.de
www.thueringer-schafzucht.de

Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431/332608
Email: info@schafzucht-kiel.de
www.schafzucht-kiel.de

Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.
Ostende 5
04288 Leipzig
Tel.: 034297/919651
Email: sszv leipzig@sszv.de
www.sszv.de

Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.
Bleichstr. 41
33102 Paderborn
Tel.: 05251-32561
Email: schafzuchtverband@lwk.nrw.de
www.schafzucht-nrw.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

Arbeitsgemeinschaft der deutschen Fuchsschafzüchter e. V.
96450 Coburg
Email:info@agfuchsschaf.de
www.agfuchsschaf.de

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Elterntiere der Coburger Fuchschafzucht finden sich in fast allen deutschen Zuchtverbänden. Das Hauptzuchtgebiet befindet sich im bayrischen Verband (siehe Tabelle 3). In der Regionalen Verteilung können aus den Daten der gemeinsamen Herdbuchanwendung serv.it OVICAP sowohl ein südliche als auch ein nordeutscher Schwerpunkt der Zucht abgeleitet werden (siehe Tabelle 4 und Abbildung 1).

Tabelle 3: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
SSZV (Sachsen)	3	40
LSV Baden-Württemberg e.V.	16	104
LSV Niedersachsen	10	244
SZV NRW e.V.	20	273
LSZV MV	2	12
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	3	72
Hessen	9	170
SH-S	14	34
Berlin-Brandenburg	1	33
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	8	94
BHG	98	1458
LV Thür. Schafzüchter e.V.	3	82
Weser-Ems	23	240
Gesamt(Alle Verbände)	210	2856

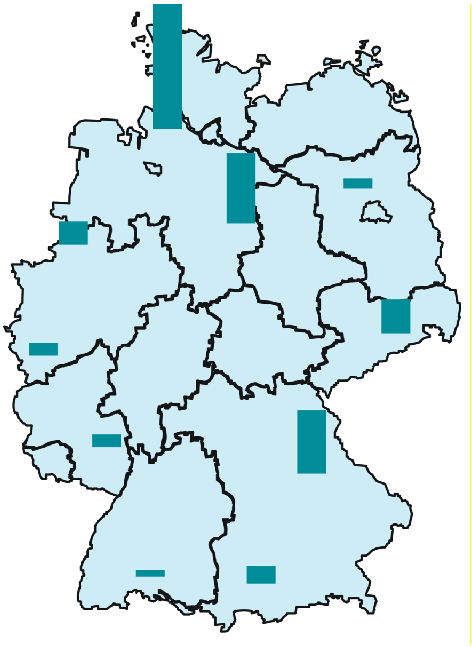
[a]für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Tabelle 4: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
203	0
62	1
844	2
406	3
141	4
86	5
83	6
40	7
119	8
413	9

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



6.2 Herdenstruktur

Aus den Tabellen 5 und 6 zeigt sich, dass mehr Zuchtherden ausserhalb der ursprünglichen Zuchtregion in Bayern zu finden sind.

Tabelle 5: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
3	Berlin-Brandenburg
4	LSZV MV
4	Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz
5	LSV Baden-Württemberg e.V.
5	LV Thür. Schafzüchter e.V.
5	SSZV (Sachsen)
6	LSV Sachsen-Anhalt e.V.
11	Hessen
15	LSV Niedersachsen
15	SZV NRW e.V.
20	SH-S
23	Weser-Ems
38	BHG
154	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 6: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
11	0
5	1
37	2
20	3
17	4
15	5
4	6
4	7
15	8
26	9
154	gesamt

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Zum Grossteil wird die Zucht in Beständen mit bis zu 20 Tieren betrieben, wobei durchaus wenige grössere Bestände anzutreffen sind (vergl. Tabelle 7)

Tabelle 7: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
48	1 bis 9
63	10 bis 19
30	20 bis 29
6	30 bis 39
2	40 bis 49
1	50 bis 59
1	60 bis 69
3	100 und mehr

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

Während in den ersten Jahren dieses Jahrtausends noch über 3000 Ablammungen registriert wurden, sind dies ab 2010 noch ca. 2000 (vergl. Tabelle 8. Andererseits ist bei den Herdbuchaufnahmen zwar eine jährliche Schwankung zu festzustellen aber kein eindeutiger abnehmender Trend. In Schleswig-Holstein, das eine eingeständige Herdbuchverwaltung nutzt, entwickelt sich die Zucht positiv.

Tabelle 8: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	3341	4619	409	78	508
2001	3133	4410	504	56	463
2002	3011	4405	489	91	626
2003	3385	4760	410	108	700
2004	3444	4958	422	115	611
2005	2799	3920	389	81	633
2006	2729	3968	308	83	640
2007	2614	3643	398	79	651
2008	2311	3344	347	93	662
2009	2273	3312	302	119	556
2010	2137	3234	362	84	607
2011	2150	3279	253	86	750
2012	1582	2461	60	72	513

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 9: Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein

	Anzahl			
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2001			1	
2002	15	23	3	
2003	13	24	2	
2004	16	24	2	5
2005	13	24	3	4
2006	34	44	3	33
2007	34	51	6	4
2008	58	84	6	22
2009	56	80	3	6
2010	62	87	6	6
2011	62	92	4	9

Im Rahmen des Programms zur TSE-Resistenzucht wurden Untersuchungen beim Coburger Fuchschaf durchgeführt. Eine Übersicht zu den Ergebnissen bei ausgwählten Genotypausprägungen ist in Tabelle 10 zu finden. Nach einer intensiven Phase ist die Zahl der Untersuchungen stark rückläufig. Ein Grund für den Rückgang ist sicherlich in der erfolgreichen Umsetzung des TSE-Resistenzuchtprogramms zu sehen (vergl. Abschnitt 2.2 auf Seite 10)

Tabelle 10: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	297	27.6	82	45.5	135	1.0	3	0.7	2	-	-	20.9	62
2001	359	29.5	106	45.4	163	-	-	-	-	-	-	20.3	73
2002	537	26.1	140	51.4	276	0.2	1	0.6	3	0.2	1	18.1	97
2003	675	30.8	208	50.5	341	0.3	2	0.6	4	0.1	1	15.7	106
2004	593	41.5	246	46.5	276	0.2	1	-	-	-	-	9.1	54
2005	495	55.2	273	37.6	186	0.4	2	0.2	1	-	-	3.2	16
2006	468	57.1	267	38.5	180	0.4	2	-	-	-	-	2.6	12
2007	385	64.2	247	31.9	123	-	-	0.5	2	-	-	2.1	8
2008	315	67.6	213	27.9	88	-	-	-	-	-	-	3.2	10
2009	231	60.2	139	36.4	84	-	-	0.4	1	-	-	3.0	7
2010	151	65.6	99	30.5	46	0.7	1	0.7	1	-	-	2.0	3
2011	119	57.1	68	34.5	41	-	-	-	-	-	-	-	-
2012	70	64.3	45	32.9	23	-	-	-	-	-	-	1.4	1

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 11 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 12 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die Anzahl geborener und registrierter Tiere der Rasse „Coburger Fuchsschafe“ nimmt seit 1990 kontinuierlich bis 2004 zu. Dies dürfte in erster Linie ein Erfassungseffekt sein, d.h. es werden mehr geborene Tiere registriert. Aufgrund des Verhältnisses der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 11 ist nach davon auszugehen, dass nicht alle geborenen männlichen Lämmer in den Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden. Seit 2005 ist die Anzahl geborener und registrierter Lämmer wieder abnehmend auf ca. 1500 männliche und ca. 1750 weibliche Lämmer. Laut Tabelle 12 wird die Rasse vor allem in ihrem Ursprungsgebiet Nordbayern gehalten. Daneben finden sich noch größere Tierzahlen ($>$500) in Nordrhein-Westfalen, Niedersachsen, Hessen und Thüringen.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 13 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 13 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Aus Tabelle 13 ist ersichtlich, dass von 242 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 151 und von 2.567 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 2.008 leben. 151 noch lebende Schafböcke und 2.008 noch lebende Mutterschafe, geboren 2005 – 2010, bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring der Coburger Fuchsschafe.

Tabelle 11: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	648	1.100
1991	886	1.315
1992	1.092	1.563
1993	1.209	1.669
1994	1.431	1.759
1995	1.472	2.058
1996	1.582	2.040
1997	1.837	2.377
1998	2.027	2.590
1999	2.249	2.768
2000	2.316	2.794
2001	2.156	2.756
2002	2.286	2.694
2003	2.269	2.825
2004	2.419	2.807
2005	1.869	2.298
2006	1.885	2.282
2007	1.770	2.075
2008	1.711	1.815
2009	1.639	1.776
2010	1.607	1.750
2011	1.540	1.567

Tabelle 12: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	1.185
LSZV MV	141
LSV Baden-Württemberg e.V.	371
LSV Niedersachsen	975
Weser-Ems	2.726
LV Thür. Schafzüchter e.V.	793
SSZV (Sachsen)	483
Berlin-Brandenburg	222
SZV NRW e.V.	5.888
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	322
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	351
SH-S	118
BHG	37.577

Tabelle 13: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	1.869	2.298	50	597	20	351
2006	1.885	2.282	43	556	19	420
2007	1.770	2.075	48	531	28	420
2008	1.711	1.815	46	382	32	337
2009	1.639	1.776	36	346	33	330
2010	1.607	1.750	19	155	19	150
Gesamt	10.481	11.996	242	2.567	151	2.008

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 14 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 15 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 14 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 15 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 16 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 16 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 130 von 151 Böcken (=86%) und 1.446 von 2.008 Mutterschafen (=72%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Dieser Anteil an Tieren mit ausreichenden Abstammungsinformationen für das Monitoring ist bezogen auf andere Schafrassen durchschnittlich zu bewerten. Die verbleibende Monitoring Population C der Coburger Fuchsschafe umfasst dann insgesamt 5.256 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Im Maximum sind bis zu 11 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert. Im Regelfall aber wesentlich weniger

Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	2	0.16	11	0.12
1981	5	0.23	28	0.07
1982	2	0.18	17	0.12
1983	3	0.30	20	0.25
1984	2	0.17	23	0.34
1985	6	0.38	39	0.29
1986	16	0.44	30	0.33
1987	14	0.26	65	0.32
1988	17	0.32	70	0.36
1989	17	0.29	56	0.26
1990	22	0.41	85	0.33
1991	19	0.49	67	0.40
1992	31	0.59	104	0.40
1993	30	0.47	106	0.32
1994	33	0.53	124	0.47
1995	37	0.52	121	0.44
1996	27	0.60	133	0.52
1997	40	0.55	165	0.52
1998	50	0.63	136	0.55
1999	45	0.68	174	0.59
2000	48	0.65	179	0.58
2001	45	0.72	193	0.69
2002	45	0.79	146	0.71
2003	54	0.80	241	0.72
2004	43	0.83	226	0.77
2005	46	0.82	353	0.85
2006	40	0.82	374	0.89
2007	51	0.89	344	0.91
2008	45	0.90	278	0.91
2009	27	0.92	277	0.93
2010	19	0.94	121	0.94

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

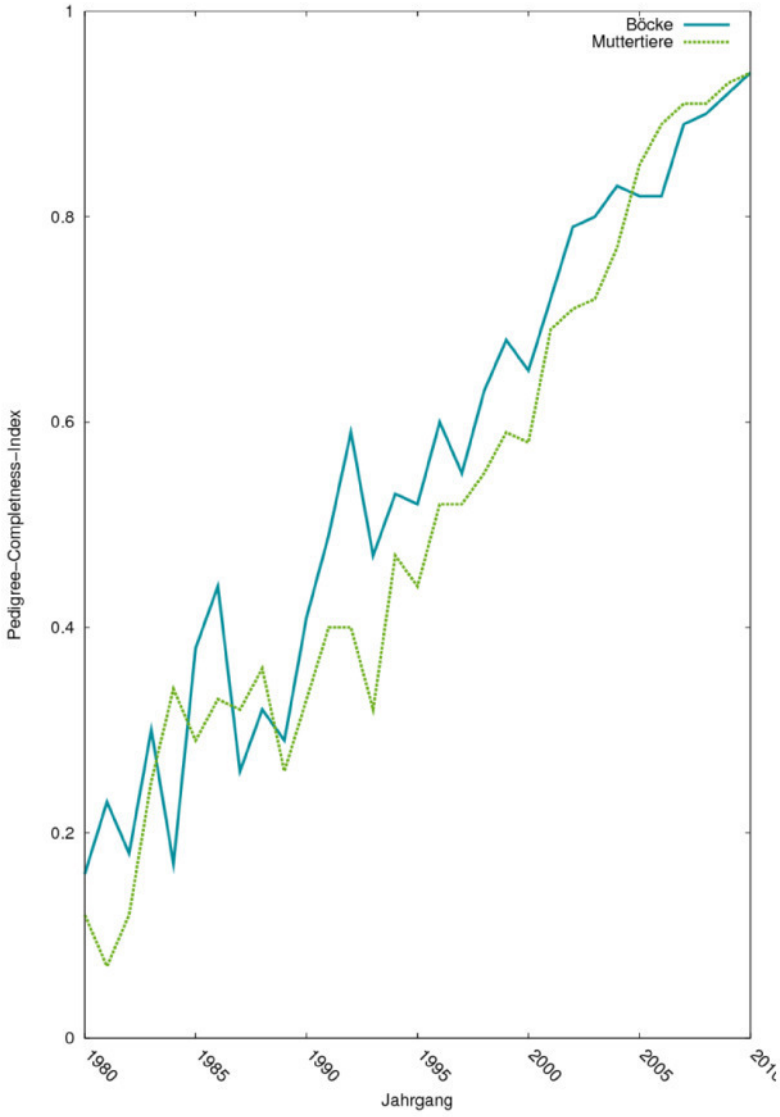


Tabelle 15: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (5256 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	130	0.91	1446	0.93
2	219	0.83	961	0.76
3	185	0.64	733	0.57
4	153	0.58	494	0.45
5	95	0.46	326	0.38
6	63	0.43	200	0.32
7	26	0.31	104	0.27
8	20	0.25	53	0.16
9	4	0.00	30	0.08
10	1	0.00	12	0.00
11	0	0.00	1	0.00
Gesamt	896		4360	

Tabelle 16: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1576 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	16	0.87	225	0.91
2006	16	0.91	286	0.92
2007	25	0.91	291	0.93
2008	27	0.92	253	0.94
2009	27	0.92	270	0.92
2010	19	0.94	121	0.94
Gesamt	130		1446	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung

von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 17 und die Muttertiere (Tabelle 18) ausgewiesen.Da kaum fremdrassige Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern der Coburger Fuchsschafe registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) lediglich ein marginaler Fremdgenanteil von ca. 2% festzustellen. Hier sind in u.a. Tiere der Rassen Merinolandschaf, Brillenschaf und Juraschaf zu finden.

Tabelle 17: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Coburger Fuchsschaf	sonstige	unbekannt
2005	16	0.75	97.51	2.49	0.00
2006	16	1.89	97.67	2.33	0.00
2007	25	2.32	98.34	1.66	0.00
2008	27	2.53	98.46	1.54	0.00
2009	27	1.67	96.46	3.54	0.00
2010	19	1.92	98.12	1.88	0.00
Ges.	130	1.93	97.76	2.24	0.00

Tabelle 18: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Coburger Fuchsschaf	sonstige	unbekannt
2005	225	3.25	98.06	1.94	0.00
2006	286	3.65	98.59	1.41	0.00
2007	291	3.28	97.88	2.12	0.00
2008	253	2.84	98.40	1.60	0.00
2009	270	3.01	98.23	1.77	0.00
2010	121	6.07	98.57	1.43	0.00
Ges.	1446	3.45	98.26	1.74	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 19 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Abgeleitet aus dem Alter der Eltern der Monitoring-Ausgangspopulation C ist ein ziemlich einheitliches mittleres Generationsintervall auf der Vater- und Mutterseite zu beobachten. Die Väter, sowohl der Böcke als auch der Mutterschafe, sind generell etwas jünger als die Mütter bei Geburt ihrer Nachkommen (ca. -0,6 Jahre). Die Böcke und Mutterschafe haben etwa gleich alte Eltern. Insgesamt liegt das mittlere Generationsintervall bei 3.46 Jahren und liegt damit unter dem entsprechenden Wert über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre).

Tabelle 19: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	130	2.96
Mutter auf Vater	130	3.87
Vater auf Mutter	1.446	3.19
Mutter auf Mutter	1.446	3.81

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.46 Jahre

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen

und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $> 0{,}70$ unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $> 0{,}70$ der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen bei vielen Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann bei den Coburger Fuchsschafen auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden. Daher resultiert ein weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von $N_e = 482$. Aufgrund der unzulänglichen Daten scheint die beschriebene Methodik bei dieser Rasse nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Mittl. Generationsintervall : 3.46 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 482.12

Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation

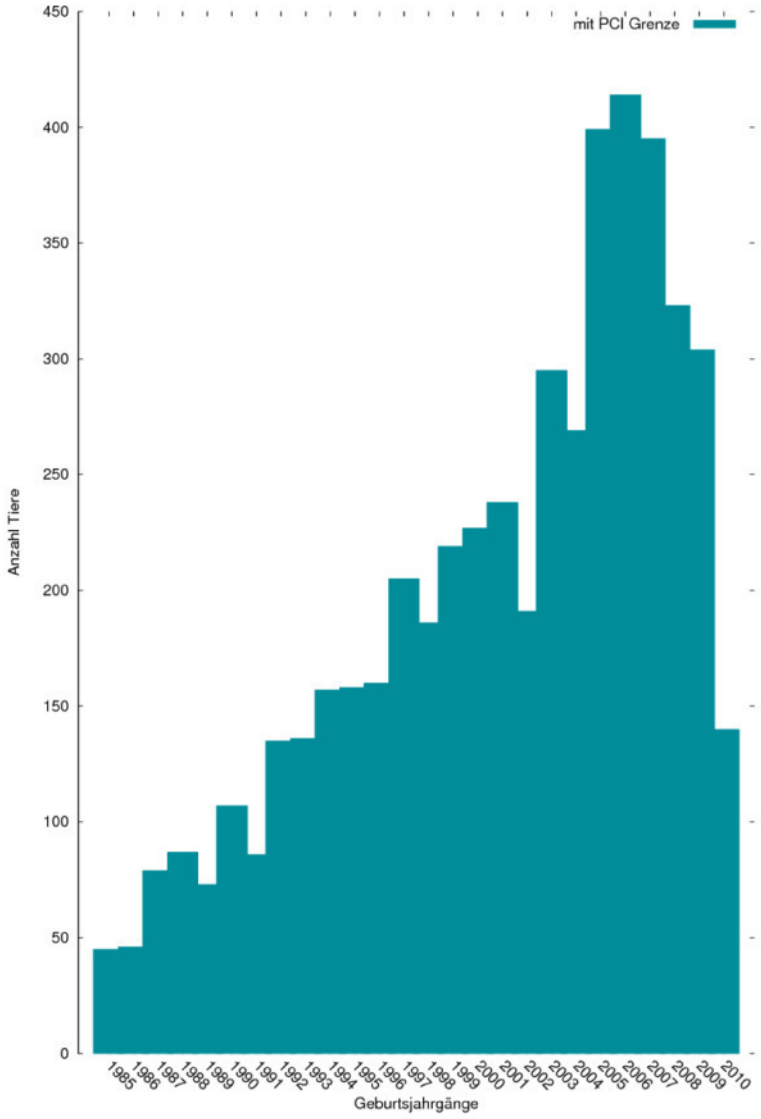
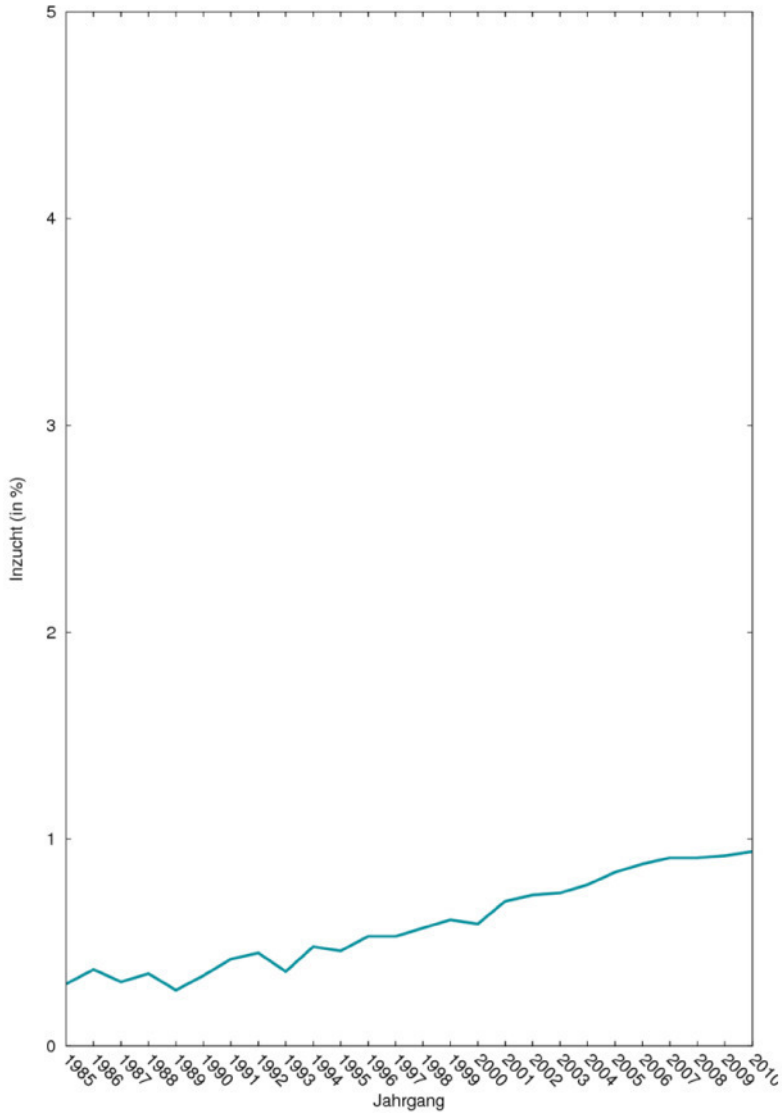


Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Coburger Fuchsschaf)



7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 20 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 21 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 131, berechnet aus 452 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 20, weist auf eine wesentlich engere Blutführung und genetische Variabilität hin als der Wert der effektiven Populationsgröße. Lt. Tabelle 21 haben lediglich 4 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation,drei männliche und ein weiblicher Founder.

Tabelle 20: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	457	157	162
Anzahl effektive Foundertiere	131		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 22 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, f_a = 72 weist noch deutlicher auf die Überschätzung von Ne hin. Es sind 6 dominante Ahnen (>2% Genanteil), in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 22). Durch den wichtigsten Ahnen (Genanteil ca. 6%), ein 1981 geborener Bock, und seine Nachkommen dürfte kein wesentlicher „Bottle Neck“ - Effekt entstanden sein. Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen damit auf eine etwas eingeschränkte genetische Variabilität in der Rasse hin, die aber nicht dramatisiert werden sollte.

Tabelle 21: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
0998030004	26.02.1979	männlich	3.07
093010008	10.08.1979	weiblich	2.13
094020063	20.03.1977	männlich	2.12
0998030035	22.01.1986	männlich	2.00
0998040037	15.03.1974	männlich	1.86
06968290001	20.03.1987	männlich	1.80
HE34052085015	15.01.1985	weiblich	1.69
094020090	28.02.1979	männlich	1.48
0991240035	11.03.1995	männlich	1.46
0993170801	28.01.1988	männlich	1.37
0980188015	22.12.1987	männlich	1.22
BY35004000046	15.02.1988	männlich	1.18
097270003	15.09.1986	weiblich	1.12
0980027007	03.02.1977	männlich	1.08
093040002	24.04.1988	weiblich	1.07
BY35002000108	06.12.1987	männlich	1.07
HE35052089038	01.01.1989	weiblich	1.06
HE35052087024	01.01.1987	weiblich	1.02
094020005	01.03.1971	weiblich	0.98
	21.03.1987	männlich	0.96
HE35052085018	15.01.1985	weiblich	0.96
FR35000006056	01.01.1983	männlich	0.93
FR35000004004	01.01.1985	weiblich	0.93

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
094240001	01.07.1981	männlich	0.92
094240010	28.02.1978	weiblich	0.92
094020037	15.01.1976	weiblich	0.89
RP35/35077	22.12.1991	weiblich	0.89
NI35002000010	01.02.1989	männlich	0.88
HE35052087002	01.01.1987	weiblich	0.80
WE35/00153	01.02.1995	weiblich	0.79
RP35001000020	01.03.1987	weiblich	0.77
094240004	28.02.1980	weiblich	0.76
094240003	28.02.1979	weiblich	0.76
094240018	01.02.1983	weiblich	0.73
HE35052087009	01.01.1987	weiblich	0.68
HE35052089007	01.01.1989	weiblich	0.67
HE35052085006	15.01.1985	weiblich	0.67
WE35/00063	15.03.1994	weiblich	0.64
RP35/BRP350213	06.03.1991	männlich	0.64
096210096	15.01.1991	weiblich	0.63
094240060	10.11.1986	männlich	0.63
0991240118	23.01.1999	männlich	0.62
RP35/B-95	14.02.1999	männlich	0.62
094240046	06.02.1985	männlich	0.60
HE35051087005	01.01.1987	weiblich	0.57
HE35052091107	01.01.1991	weiblich	0.56
RH35/4376	01.03.1996	weiblich	0.55
RP35/BHE355100018	10.01.1995	männlich	0.55
094020046	27.01.1976	weiblich	0.54
094220001	31.01.1978	weiblich	0.54
0696820008	09.01.1988	männlich	0.52
HE35051086004	01.01.1986	weiblich	0.52
094240023	01.02.1982	weiblich	0.51
093010002	15.03.1978	weiblich	0.51

Anzahl effektiver Ahnen : 72

Tabelle 22: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
094020140	28.11.1981	männlich	5.9
097250026	23.01.1994	männlich	4.3
093040028	10.12.1992	männlich	4.1
093010012	03.01.1981	männlich	2.8
0998030004	26.02.1979	männlich	2.5
096210219	10.01.1994	männlich	2.3

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft

der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 23 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (0,92%) der 151 noch lebenden Vatertiere zu den 2.008 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation (Ausgangselternpopulation B) weist ebenfalls auf keine Blutlinienverengung hin.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 0.92 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 151
Anzahl verfügbare Mütter: 2008

Tabelle 23: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
093010639	0.05	2.33	56.75	1704	29
095390224	5.68	2.14	58.26	1703	8
DE010510070268	1.51	1.91	53.51	1706	6
091490607	0.64	1.79	66.29	1706	36
091490617	0.64	1.75	50.68	1706	39
093010715	0.01	1.74	37.53	1705	18
093010655	0.01	1.68	39.08	1698	24
093210191	1.72	1.66	34.74	1705	16
093010654	1.71	1.66	64.01	1645	35
091810656	0.93	1.64	51.10	1704	2
DE010991810001	0.93	1.64	51.10	1704	2
DE010310353924	0.02	1.63	50.13	1702	39
091490619	0.41	1.58	50.55	1704	36
DE010310353875	0.00	1.58	51.68	1702	39
096120260	0.63	1.51	32.04	1699	14
DE010310603150	0.00	1.43	63.30	1702	39
DE011500146656	0.98	1.41	34.07	1704	17
DE010510269080	0.08	1.36	50.08	1706	4
091920085	1.41	1.36	50.82	1697	12
093010683	0.40	1.35	33.66	1715	14
093010685	0.03	1.34	38.82	1700	22
DE010310485669	0.00	1.30	39.21	1702	40
091810655	0.04	1.29	25.44	1705	1
091810659	0.04	1.29	25.44	1705	1
091810653	0.04	1.28	20.24	1705	0
DE011610035814	0.08	1.23	50.34	1707	26
093210193	0.00	1.23	50.01	1704	18
DE010996210002	0.00	1.21	50.00	1709	38
095390223	0.00	1.19	52.58	1703	13

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden::aufzaehlung:

Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist relativ über alle Schafrassen gesehen durchschnittlich, und damit für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) kaum geeignet. Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt.

Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen entspricht besser der Realität und weist auf eine etwas eingeschränkte genetische Varianz in der Rasse hin, die aber durchaus noch ausreichend zu beurteilen ist..

Nach diesen Zahlen wären aktuell keine züchterischen Maßnahmen einzuplanen, um die genetische Variabilität in der Rasse gezielt zu erhalten. Ein systematischer Austausch von Vatertieren zwischen Herden als vorbeugende Maßnahme ist zu empfehlen, da die Tierzahlen in den letzten Jahren doch rückläufig sind. Diese Vatertiere sollten jeweils eine möglichst niedrige Verwandtschaft zur Ziel-/Einsatzherde aufweisen.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- GRAUE GEHÖRNTE HEIDSCHNUCKE -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **6**

2.1 Leistungsprüfungen 6

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 6

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 9

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 9

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 10

2.3 Zuchtwertschätzung 10

2.4 Selektion 11

3 Rassebeschreibung **11**

3.1 Zuchtziel 12

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **12**

5 Rassedachverbände oder Vereine **15**

6 Informationen aus dem Herdbuch **15**

6.1 Verteilung auf Verbände 15

6.2 Herdenstruktur 17

6.3 Kennzahlen der Zucht 18

7 Populationsanalyse **21**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 21

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 23

7.3 Genanteile 27

7.4 Mittleres Generationsintervall 28

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 29

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 33

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 35

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 37

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 17

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 26
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 31
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Graue Gehörnte Heidschnucke) 32

Tabellenverzeichnis

1 Leistungsspektrum 12
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände 16
3 Verteilung der Tiere auf Regionen 16
4 Anzahl Herden in den Verbänden 17
5 Verteilung der Herden auf Regionen 18
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 18
7 Entwicklung der Zucht 19
8 Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein 19
9 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 20
10 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 22
11 Verteilung auf Verbände 22
12 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 23
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 25
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (5733 Tiere) 27
15 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1614 Tiere) 27
16 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 28
17 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 28
18 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 29
19 Kennzahlen zu Foundertieren 33
20 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 34
21 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 35
22 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 36

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(Mathias Brockob, 2012)

Die Graue Gehörnte Heidschnucke stammt wahrscheinlich von den auf Sardinien und Korsika beheimateten Mufflons ab. Die Heidschnucke gehört zu den Grobwollrassen, in dieser Unterteilung zu den mischwolligen Land- und Heideschafen und als Untergruppe zu den kurzschwänzigen nordischen Heideschafen. Die ersten Schilderungen stammen aus der Zeit um 1800. Die Heidschnucken wurden damals als allerschlechteste Schafe mit schwärzlich fallendem Haar beschrieben, die sich ganzjährig von Heidekraut ernährten. Das Verbreitungsgebiet erstreckte sich von Hannover bis Lüneburg. 1873 wurden ca. 300.000 Heidschnucken im Raum Lüneburg gezählt. Die Heidschnucken stellten ca. 60% des Gesamtschafbestandes, da sie mit ihrer Genügsamkeit, ihrer Gesundheit und ihres wohlschmeckenden Fleisches ein für die Heideflächen optimal angepasstes Schaf waren. In der Lüneburger Heide waren die Heidschnucken eine Haupteinnahmequelle der Höfe. Es wurden meist Herden mit um die 100 Tiere gehalten. Der Schafdung der Heidschnucke war der wertvollste Dünger für die damalige Landwirtschaft. Jedes Mutterschaf sollte nur ein Lamm aufziehen, da aufgrund der schlechten Ernährungssituation Zwillingsmütter zu stark abgesäugt wurden und nicht mehr die nötige Vitalität aufwiesen. Zwillingsmütter schieden deshalb aus den Herden aus.

Um die Jahrhundertwende gingen die Bestände aufgrund der Konkurrenz mit der überseeischen Wolle, der aufkommenden Baumwolle und der mineralischen Düngung zurück. Der Heidschnuckenmist verlor seine Bedeutung. Auf vielen Flächen wurde Ackerbau betrieben.

Der 1830 gegründete „Land- und Forstwirtschaftliche Provinzialverein für das Fürstentum Lüneburg“ veranstaltete 1851 die Tierschau mit Grauen Gehörnten Heidschnucken, um den Vorteil guter Zuchttiere zu zeigen. 1877 fand die erste Bezirksschafschau statt, die zum größten Teil durch Graue Gehörnte Heidschnucken beschickt wurde. Auch auf überregionalen Schauen waren und sind die Grauen Gehörnten Heidschnucken regelmäßig vertreten. Bereits 1872 wurde die Weltausstellung in Wien mit bestem Erfolg beschickt und seit der ersten Ausstellung der DLG 1887 gehörten Heidschnuckenzüchter zu den regelmäßigen Beschickern dieser Reichs- bzw. Bundesausstellungen.

1907 wurden die ersten 2 Heidschnuckenherden als Eliteherden anerkannt. 1920 entstand der Schafzüchterverband für den Regierungsbezirk Lüneburg. Die ersten Heidschnuckenböcke wurden am 21.10.1923 eingetragen, die ersten weiblichen Tiere am 19.09.1930. Seit 1923 wird jedes Jahr eine Bockauktion durchgeführt, die bis 1935 in Soltau und seitdem in Müden/Örtze stattfindet. Aufgetrieben werden ausgewählte Jährlingsböcke aus den Stammherden.

1949 wurde der Verband der Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V. gegründet. 1950 hatte der Verband 62 Mitglieder mit 82 Herden und 31 000 Heidschnucken. Die Zahl der Verbandsmitglieder sank bis 1960 auf 44 bzw. bis 1970 auf 38 Herden. In den nicht mehr beweideten Heidegebieten erstickten Gräser und Bäume die Heide.

Durch die verkleinerte Zuchtpopulation nach 1960 stieg die Gefahr der Inzuchtdepression. 1965 und 1985 wurde in zwei Untersuchungen der Inzuchtgrad ermittelt. Die Berechnungen zeigten, dass sich der Inzuchtgrad von 1965 bis 1985 nicht wesentlich geändert hatte. Der Inzuchtgrad lag bei 3,5 bis 5,0% bei einer Inzuchtsteigerung von 0,15% pro Jahr seit 1950.

Um die Heide als einzigartige Kulturlandschaft zu erhalten, wurden durch Förderer und Behörden neue Herden aufgebaut. Durch die Zunahme der Hobbyschafhaltung etablierten sich Zuchten im gesamten Bundesgebiet und den europäischen Nachbarländern. Allein im Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter waren im Jahr 2011 140 Heidschnuckenhalter

und 16 Zuchtherden registriert.

Das Zuchtziel hat sich trotz verschiedener Anpassungen im Wesentlichen nicht verändert. Entsprechend dem Lebensraum im Ursprungsgebiet wird auf die Züchtung eines robusten, möglichst anspruchslosen, widerstandsfähigen und zur Landschaftspflege besonders geeigneten Landschafes Wert gelegt. Die Heidschnucke ist streng saisonal in der Fortpflanzung. Aufgrund der verbesserten Futtergrundlage sind heute Zwillingsgeburten zur Verbesserung der Wirtschaftlichkeit erwünscht. Gleichzeitig erhöhten sich die Gewichte der Zuchttiere und verbesserte sich die Fleischleistung in den letzten 100 Jahren kontinuierlich. Die Heidschnucke ist weiterhin eine der ursprünglichsten Schafrassen in Deutschland. Die Vermarktung erfolgt u.a. über das eingetragene Warenzeichen und das EU-geschützte Ursprungzeichen, welche vom Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter erstellt wurden.

Quellen

Behrens/Hamann/Seefeldt: Die Graue Gehörnte Heidschnucke, 3. Auflage, Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter 1994

Sambraus,H.H.:Gefährdete Nutztierrassen, Ulmer Verlag Stuttgart 1994

Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter; Jahresberichte u.a.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss

  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad

- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht
- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt. Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssys-

tem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Die Graue Gehörnte Heidschnucke gehört zur Gruppe der kurzschwänzigen, nordischen Heideschafe und ist ein mischwolliges Landschaf, das sich den besonderen Verhältnissen der Heidelandschaft sehr gut angepaßt hat. Es hat sich ursprünglich überwiegend von Heidekraut und Birkenaufwuchs ernährt, kann aber auch auf nicht zu intensiven Grünlandflächen gehalten werden. Hüte- und Koppelhaltung sind möglich. Der längliche Kopf der Mutterschafe trägt nach hinten gebogene Hörner, der der Böcke schneckenartige Hörner. Die Hörner sollen bei beiden Geschlechtern ausreichend weit gestellt sein, um bei Böcken ein Einwachsen der Hornschnecken zu vermeiden. Die kleinen Ohren stehen schräg aufwärts. Der Rumpf ist tief und geschlossen, die Rippe gut gewölbt, das Fundament korrekt gestellt, fein und trocken,

die Klaue hart. Die Wolle hat DE bis E/EE-Feinheit (38 bis 39 Mikron). Das mischwollige Vlies wird gleichmäßig ausgebildet und nicht zu hell gefärbt verlangt. Als Ideal wird ein silbergraues Vlies mit schwarzem Brustlatz angesehen, Hals- und Nackenpartie sollten bis zum Widerrist ebenfalls schwarz gefärbt sein. Kopf, Beine und Schwanzbereich sollen unbewollt und schwarz behaart sein. Graues Stichelhaar ist unerwünscht. Das äußere Vlies besteht aus grobem Oberhaar, das innere Vlies aus feinerem, weichem Unterhaar. Die Lämmer werden mit schwarzer, gelockter Wolle geboren. Das Haar beginnt sich im Laufe des 1. Lebensjahrs zu verfärben und erst nach der 1. Schur stellt sich die rassetypische graue Farbe ein. Die Brunst ist saisonal, die Zulassung erfolgt im Alter von 10 bis 18 Monaten, je nach Fütterungs- und Haltungsbedingungen.

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Schlachtlämmern im Bereich von 180 - 230 g, das handelsübliche Lebendgewicht bei rund 30-38 kg.

Tabelle 1: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	75-90	4,0		70-75	
Jährlinge	60-80	2,5-3,0			
Lammböcke					
Mutterschaf	45-55	1,7-2,5	100-200	65-70	
Zuchtlämmer					

3.1 Zuchtziel

Züchtung eines bodenständigen, anspruchslosen, widerstandsfähigen und zur Landschaftspflege auf trockenen, leichten Standorten besonders geeigneten Landschafes, welches über einen ausreichend großen Rahmen mit entsprechend guter Bemuskelung verfügt. Korrektes Fundament und harte Klauen sind hierfür eine zwingende Voraussetzung. Das Schaf ist genetisch zu Mehrlingsgeburten befähigt und in der Lage mehrere Lämmer aufzuziehen. Der Schlachtkörper soll an den wertvollen Teilstücken möglichst gut ausgebildet sein und ein wildbretartiges, fettarmes Fleisch liefern.

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und

in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Graue Gehörnte Heidschnucke:

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.
Haydnstraße 11
80336 München
Tel.: 089 / 53 62 27
Email: bhg-schafzucht@t-online.de
www.bhg-schafzucht.de

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
Kölnische Str. 48 - 50
34117 Kassel
Tel.: 0561/16984
Email:
www.schafe-hessen.de

Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.
Karow, Zarchliner Str. 7
19395 Plau
Tel.: 038738/73071
Email: schafzucht@rinderzucht-mv.de
www.schafzucht-mv.de

Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 0711/16655-40
Email: Wohlfarth@schaf-bw.de
www.schaf-bw.de

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/329777
Email: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de
schafzucht-niedersachsen.de

Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.
Angerstr. 6
06118 Halle
Tel.: 0345/5214941
Email: roesler@lkv-st.de

Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.
Mars-la-Tour-Str. 6
26121 Oldenburg
Tel.: 04 41-8 21 23
Email: LSV@LWK-Niedersachsen.de
www.schafzuchtverband-weser-ems.de

Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.
Dillinger Str. 67
66822 Lebach
Tel.: 06881/928-201
Email: anton.schmitt@lwk-saarland.de

Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.
Peter-Klöckner Str. 3
56073 Koblenz
Tel.: 0261/91593231
Email: rainer.wulff@lwk-rlp.de

Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431/332608
Email: info@schafzucht-kiel.de
www.schafzucht-kiel.de

Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.
Bleichstr. 41
33102 Paderborn
Tel.: 05251-32561
Email: schafzuchtverband@lwk.nrw.de
www.schafzucht-nrw.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511-329777
Email: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de
www.heidschnucken.de

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Die Zucht der Grauen Gehörnten Heidschnucke hat mit dem VLH einen eigenständigen Zuchtverband, in dem auch ca. 50% aller Elterntiere ihren Ursprung finden. Aber die Zucht

dieser Rasse ist in fast allen weiteren Zuchtverbänden vertreten, wobei der SH-S einen Nebenschwerpunkt bildet (vergl. Tabelle 2)

Ihren regionalen Schwerpunkt hat diese Zucht stark ausgepägt im Norddeutschen Raum, wo auch ihr Ursprungszuchtgebiet zu finden ist (siehe Tabelle 1 und Abbildung 1

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
LSZV MV	2	47
Weser-Ems	4	134
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	5	96
Berlin-Brandenburg	17	152
SZV NRW e.V.	7	75
LSV Baden-Württemberg e.V.	12	37
Hessen	3	225
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	5	45
Saarland	7	31
SH-S	27	77
BHG	14	265
VLH	73	2989
Gesamt(Alle Verbände)	176	4173

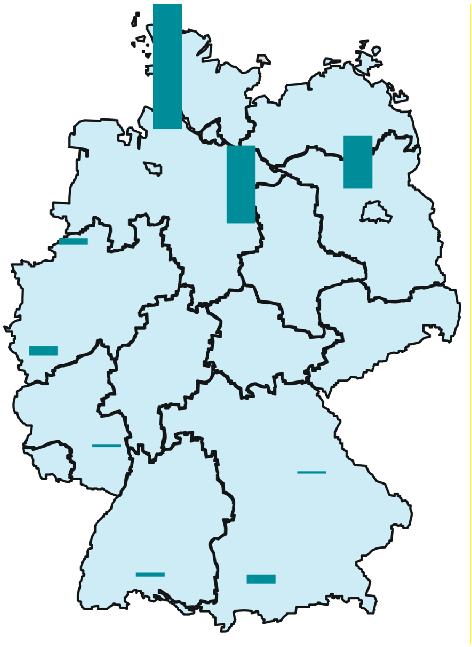
[a]für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
308	1
4008	2
440	3
53	4
67	5
19	6
37	7
58	8
26	9

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



6.2 Herdenstruktur

Die Zahlen in diesem Abschnitt konnten nur auf Basis der Verbände in serv.it OVICAP ermittelt werden, da Schleswig-Holstein nicht vollständig integriert ist. Die meisten aktiven Herden werden im VLH gefunden (siehe Tabelle 4). Wie aus den Tierzahlen zu erwarten sind auch die Herden im Raum der Lüneburger Heide (Postleitzahlen 2 und 3) zu finden (vergl. Tabelle 5).

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	LSZV MV
1	Saarland
2	LSV Baden-Württemberg e.V.
3	LSV Sachsen-Anhalt e.V.
4	Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz
5	BHG
5	Hessen
5	SZV NRW e.V.
6	Weser-Ems
8	Berlin-Brandenburg
19	VLH
32	SH-S
91	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
4	1
49	2
11	3
6	4
8	5
3	6
2	7
4	8
2	9
89	gesamt

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

In Tabelle 6 wird deutlich, dass die Zucht stark in kleineren Beständen betrieben wird. Daneben bilden aber auch grössere Bestände mit über 100 Tieren einen züchterischen Schwerpunkt.

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
30	1 bis 9
26	10 bis 19
9	20 bis 29
2	30 bis 39
5	40 bis 49
3	50 bis 59
4	60 bis 69
1	90 bis 99
11	100 und mehr

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

Aus Tabelle 7 ist ersichtlich, dass die Zucht im Zeitablauf auf einem recht stabilen Niveau betrieben wird. Gleiches ist auch in Schleswig-Holstein mit einem eigenständigen Herdbuchsystem zu erkennen.

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	2768	2431	176	100	562
2001	2535	2106	225	87	586
2002	2597	2115	159	69	805
2003	2772	2159	232	54	641
2004	3061	3485	192	82	834
2005	2818	3414	140	63	716
2006	3083	3614	225	37	686
2007	2838	3437	147	105	680
2008	2607	3061	153	119	1052
2009	2912	3451	102	128	815
2010	2747	3392	379	93	697
2011	3201	4137	417	124	1136
2012	2871	3721	18	108	770

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 8: Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein

	Anzahl			
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	144	203		
2001	134	202		
2002	129	212		
2003	128	201		
2004	129	197		69
2005	130	200		60
2006	167	234		45
2007	126	185		
2008	117	161		17
2009	98	144		26
2010	104	138		25
2011	77	101		5

Mit z.T über 600 untersuchten Tieren wurde in der Heidschnuckenzucht intensiv imTSE-Resistenzuchtprogramm gearbeitet (siehe Tabelle 9). In den jüngeren Jahrgängen ist ein starker Rückgang der Untersuchungsdichte zu verzeichnen. Ein Grund für den Rückgang ist sicherlich in der erfolgreichen Umsetzung des TSE-Resistenzuchtprogramms zu sehen (vergl. Abschnitt 2.2 auf Seite 10)

Tabelle 9: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	243	5.8	14	24.7	60	1.6	4	-	-	7.0	17	55.1	134
2001	354	2.5	9	22.6	80	2.5	9	-	-	7.6	27	61.0	216
2002	493	7.1	35	26.6	131	3.4	17	0.2	1	6.3	31	50.3	248
2003	670	13.9	93	41.5	278	7.9	53	-	-	7.3	49	27.2	182
2004	665	19.5	130	43.2	287	6.8	45	-	-	5.7	38	23.9	159
2005	479	31.7	152	44.1	211	5.8	28	-	-	1.5	7	15.9	76
2006	493	27.8	137	46.7	230	6.7	33	-	-	1.0	5	16.0	79
2007	377	35.3	133	44.8	169	5.8	22	-	-	1.1	4	11.7	44
2008	365	32.1	117	47.7	174	4.7	17	-	-	1.9	7	11.8	43
2009	312	38.5	120	43.3	135	6.4	20	-	-	-	-	8.7	27
2010	251	40.2	101	39.0	98	4.8	12	-	-	-	-	12.4	31
2011	230	46.5	107	33.0	76	4.8	11	-	-	-	-	13.0	30
2012	34	55.9	19	17.6	6	20.6	7	-	-	-	-	-	-

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 10 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 11 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die Anzahl geborener und registrierter Tiere der Rasse „Graue Gehörnte Heidschnucke“ ist seit 1990 ziemlich konstant mit einem Einbruch in den Jahren 1999 bis 2003. Aufgrund des Verhältnisses der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 10 ist davon auszugehen, dass bei weitem nicht alle geborenen männlichen Lämmer in den Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden. Laut Tabelle 11 wird die Rasse vor allem in Niedersachsen gehalten. Daneben finden sich noch größere Tierzahlen (>1000) in Bayern, Nordrhein-Westfalen und Hessen.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 12 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 12 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Aus Tabelle 12 ist ersichtlich, dass von 212 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 136 und von 3.418 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 2.728 leben.

136 noch lebende Schafböcke und 2.728 noch lebende Mutterschafe, geboren 2005 – 2010, bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring der Grauen Gehörnten Heidschnucke.

Tabelle 10: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	859	1.407
1991	994	1.572
1992	996	1.839
1993	1.235	2.157
1994	1.351	2.147
1995	1.349	2.439
1996	1.589	2.408
1997	1.531	2.491
1998	978	1.789
1999	988	1.566
2000	1.144	1.862
2001	901	1.703
2002	906	1.483
2003	858	1.562
2004	1.394	2.323
2005	1.457	2.178
2006	1.588	2.598
2007	1.630	2.076
2008	1.467	2.026
2009	1.698	2.027
2010	1.644	1.884
2011	2.050	2.080

Tabelle 11: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	1.055
LSZV MV	159
LSV Baden-Württemberg e.V.	180
Weser-Ems	3.523
SSZV (Sachsen)	88
Berlin-Brandenburg	919
VLH	27.577
SZV NRW e.V.	1.785
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	107
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	401
Saarland	284
SH-S	296
BHG	8.946

Tabelle 12: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	1.457	2.178	40	551	22	314
2006	1.588	2.598	51	778	28	555
2007	1.630	2.076	50	638	28	521
2008	1.467	2.026	36	681	25	583
2009	1.698	2.027	32	598	30	584
2010	1.644	1.884	3	172	3	171
Gesamt	9.484	12.789	212	3.418	136	2.728

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 13 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 14 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 13 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 14 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 15 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 15 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 117 von 136 Böcken (=86%) und 1.497 von 2.728 Mutterschafen (=55%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Dieser Anteil an Tieren mit ausreichenden Abstammungsinformationen für das Monitoring ist auf der männlich Seite als gut zu bezeichnen, auf der weiblichen Seite aber als unzureichend. Die verbleibende Monitoring Population C der Grauen Gehörnten Heidschnucke umfasst dann 5.733 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen).

Im Maximum sind bis zu 11 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert. Im Regelfall aber wesentlich weniger.

Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	2	0.00	26	0.02
1981	4	0.00	36	0.02
1982	8	0.04	40	0.04
1983	5	0.00	50	0.04
1984	9	0.00	63	0.08
1985	10	0.06	72	0.08
1986	11	0.08	59	0.14
1987	18	0.15	82	0.15
1988	17	0.23	77	0.18
1989	17	0.21	92	0.24
1990	27	0.27	83	0.26
1991	25	0.29	94	0.34
1992	29	0.41	110	0.36
1993	28	0.38	105	0.42
1994	28	0.55	124	0.40
1995	27	0.50	164	0.40
1996	33	0.59	148	0.47
1997	34	0.70	146	0.58
1998	28	0.71	145	0.61
1999	38	0.76	189	0.64
2000	36	0.76	198	0.67
2001	33	0.84	266	0.72
2002	35	0.74	204	0.75
2003	45	0.84	265	0.73
2004	48	0.88	245	0.75
2005	37	0.90	339	0.83
2006	45	0.90	334	0.86
2007	42	0.93	362	0.91
2008	31	0.95	309	0.92
2009	28	0.96	354	0.93
2010	2	0.96	110	0.96

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

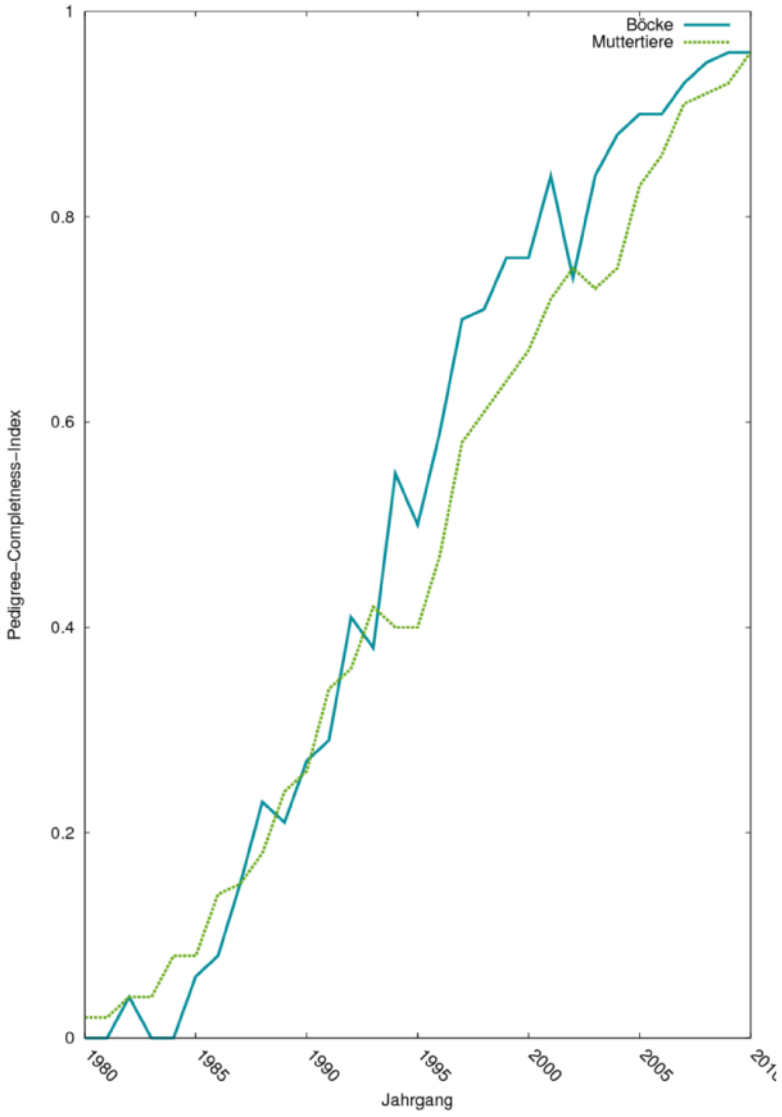


Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (5733 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	117	0.94	1497	0.94
2	160	0.88	1140	0.75
3	163	0.75	853	0.55
4	120	0.55	559	0.44
5	111	0.38	383	0.29
6	64	0.23	267	0.18
7	34	0.17	143	0.13
8	16	0.09	72	0.08
9	6	0.00	16	0.04
10	1	0.00	9	0.04
11	0	0.00	2	0.00
Gesamt	792		4941	

Tabelle 15: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1614 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	16	0.94	207	0.92
2006	24	0.94	245	0.94
2007	25	0.93	298	0.93
2008	22	0.95	285	0.94
2009	28	0.96	352	0.93
2010	2	0.96	110	0.96
Gesamt	117		1497	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung

von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 16 und die Muttertiere (Tabelle 17) ausgewiesen. Da keine fremdrassigen Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern der Grauen Gehörnten Heidschnucke registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) kein Fremdgenanteil festzustellen.

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Graue Gehörnte Heidschnucke	sonstige	unbekannt
2005	16	1.26	100.00	0.00	0.00
2006	24	2.00	100.00	0.00	0.00
2007	25	4.42	100.00	0.00	0.00
2008	22	2.05	100.00	0.00	0.00
2009	28	3.72	100.00	0.00	0.00
2010	2	0.74	100.00	0.00	0.00
Ges.	117	2.81	100.00	0.00	0.00

Tabelle 17: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Graue Gehörnte Heidschnucke	sonstige	unbekannt
2005	207	1.38	100.00	0.00	0.00
2006	245	1.78	100.00	0.00	0.00
2007	298	1.82	100.00	0.00	0.00
2008	285	2.32	100.00	0.00	0.00
2009	352	2.80	100.00	0.00	0.00
2010	110	1.88	100.00	0.00	0.00
Ges.	1497	2.08	100.00	0.00	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter

- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 18 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Abgeleitet aus dem Alter der Eltern der Monitoring-Ausgangspopulation C sind die Eltern der Böcke ca. 0,2 Jahre jünger als die Eltern der Muttertiere. Die Väter sind generell über ein Jahr jünger als die Mütter, dies gilt bei den Böcken wie bei den Muttertieren. Insgesamt liegt das mittlere Generationsintervall mit 3,5 Jahren ziemlich genau im Mittel über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre).

Tabelle 18: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	117	2.88
Mutter auf Vater	117	4.00
Vater auf Mutter	1.497	3.03
Mutter auf Mutter	1.497	4.28

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.55 Jahre

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs (ΔF)** kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

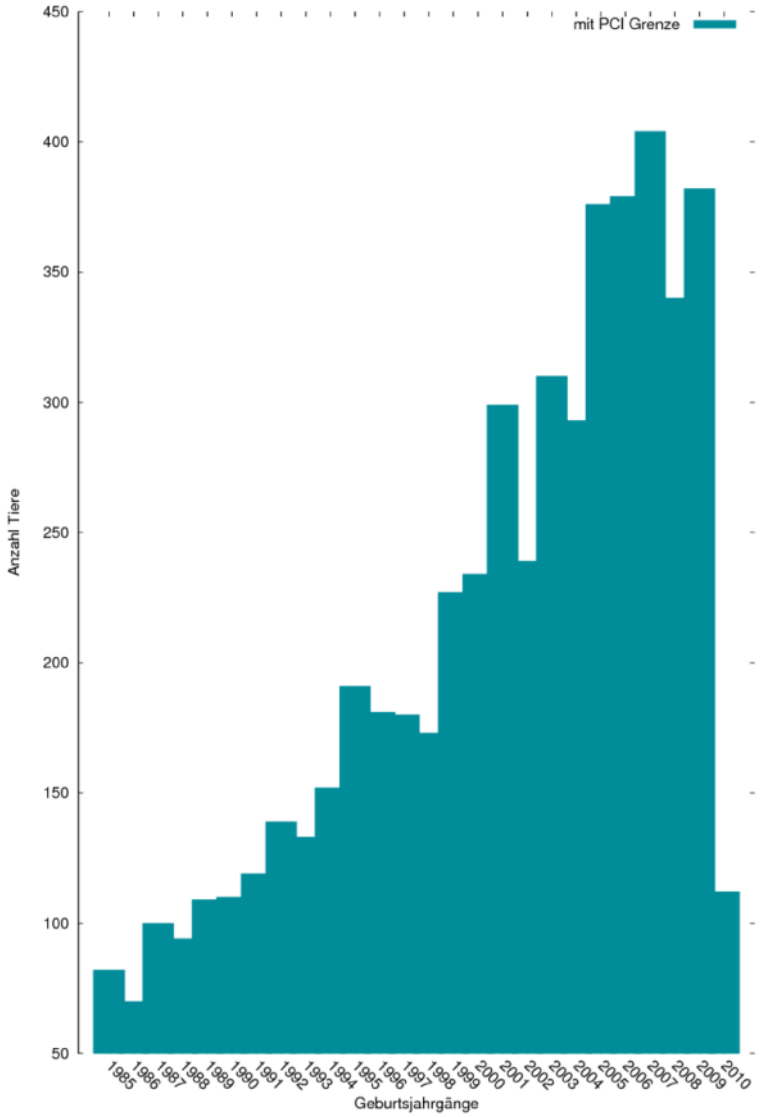
Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $>$ 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt

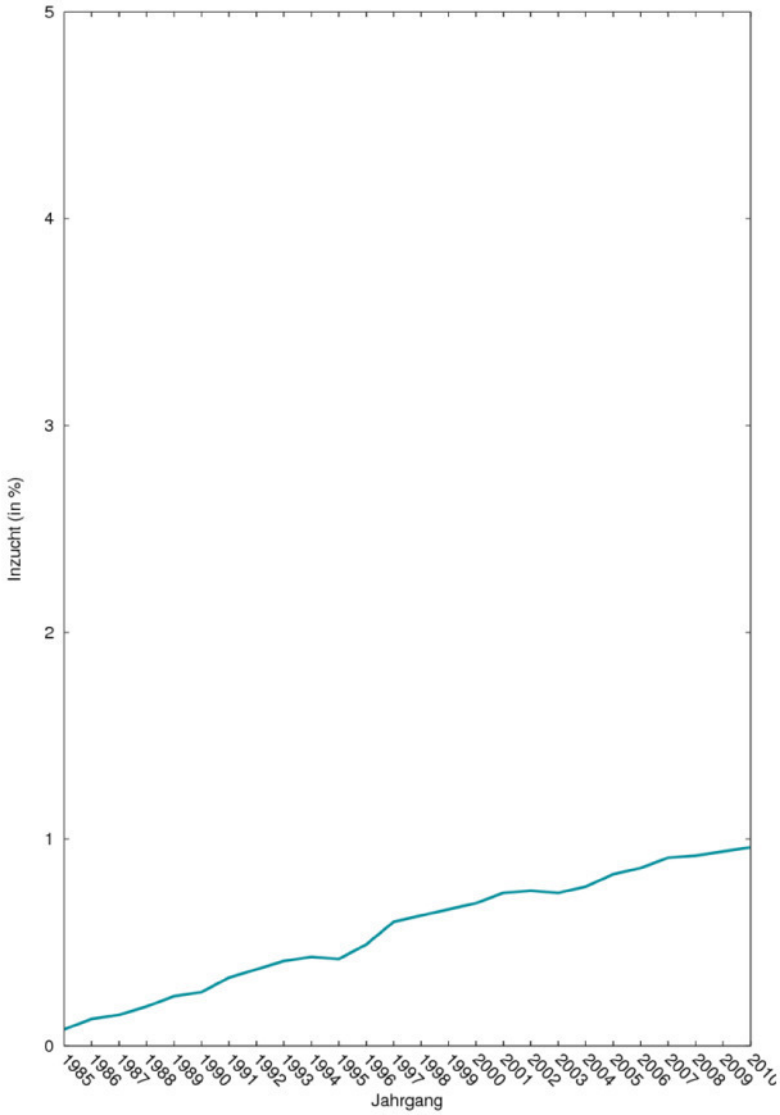
Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation



die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $> 0{,}70$ der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen, vor allem bei den weiblichen Tieren, kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann bei den Grauen Gehörnten Heidschnucken auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden. Daher resultiert ein weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von $N_e = 403$. Aufgrund der teilweise unzulänglichen Daten ist die beschriebene Methodik bei dieser Rasse nicht geeignet zur Quantifizierung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Graue Gehörnte Heidschnucke)



Mittl. Generationsintervall : 3.55 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 402.95

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 19 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 20 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet.Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 186, berechnet aus 627 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 19, weist auf eine wesentlich engere Blutführung und genetische Variabilität hin als der Wert der effektiven Populationsgröße, ist aber ebenfalls aus denselben Gründen noch überschätzt. Lt. Tabelle 20 hat lediglich ein Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation

Tabelle 19: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	627	128	313
Anzahl effektive Foundertiere	186		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 21 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, $f_a = 73$ weist noch deutlicher auf die Überschätzung von Ne hin. Auch diese Zahl ist im Vergleich zu dem entsprechenden Wert in anderen Schafrassen eher überschätzt. Es sind 6 dominante Ahnen (>2% Genanteil), in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 21). Lediglich ein Ahne, ein 1998 geborener Bock, hat einen Genanteil über 5%. Dadurch ist jedoch kein „Bottle Neck“ Effekt festzustellen. Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen damit auf eine etwas eingeschränkte genetische Variabilität in der Rasse hin, allerdings dürften die Bewertungskriterien aufgrund der unzulänglichen Datengrundlage auf der weiblichen Seite zu günstig ausfallen und müsse daher mit Vorsicht interpretiert werden.

Tabelle 20: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
LG30002000518	13.02.1982	weiblich	2.31
LG30004003543	09.03.1984	männlich	1.78
LG30003003507	17.03.1984	männlich	1.74
LG30003000590	11.03.1978	weiblich	1.74
LG30001004012	16.03.1989	männlich	1.33
LG30001004111	24.02.1990	männlich	1.20
LG30001000940	05.05.1981	weiblich	1.19
LG30001001278	04.03.1988	weiblich	1.19
LG30010000282	01.04.1992	weiblich	1.14
LG30004003552	29.02.1984	männlich	1.03
LG30001003714	14.02.1986	männlich	0.96
LG30001000892	05.03.1980	weiblich	0.96
LG30004003285	01.03.1982	männlich	0.86
LG30003000642	05.03.1980	weiblich	0.85
LG30001003719	02.04.1986	männlich	0.83
LG30001000912	09.03.1980	weiblich	0.81
LG30001001103	11.03.1983	weiblich	0.81

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
DE010994291822	27.04.2000	männlich	0.80
LG30010000103	01.04.1991	weiblich	0.80
LG30003000558	10.03.1976	weiblich	0.77
LG30003003627	04.03.1985	männlich	0.76
LG30003003410	16.03.1983	männlich	0.75
LG30003000904	14.03.1988	weiblich	0.75
LG30004003389	18.02.1983	männlich	0.74
LG30004003734	17.01.1986	männlich	0.72
LG30001001217	16.02.1986	weiblich	0.69
LG30010000010	01.04.1990	weiblich	0.68
LG30001003600	24.03.1985	männlich	0.67
LG30004003901	15.03.1988	männlich	0.66
LG30003003336	06.03.1982	männlich	0.65
LG30003000533	28.01.1975	weiblich	0.65
LG30006000043	12.02.1985	weiblich	0.65
LG30003000757	29.03.1983	weiblich	0.65
LG30002003613	22.02.1985	männlich	0.64
LG30004003210	17.02.1981	männlich	0.62
LG30001001002	30.03.1982	weiblich	0.62
LG30002000522	20.03.1982	weiblich	0.62
LG30004000893	06.02.1978	weiblich	0.62
LG30003000714	20.01.1982	weiblich	0.62
LG30002000559	20.02.1985	weiblich	0.62
LG30001003443	28.03.1983	männlich	0.58
LG30001000873	15.03.1979	weiblich	0.58
LG30004000935	16.04.1979	weiblich	0.58
LG30003003783	14.03.1987	männlich	0.55
LG30005000067	29.03.1979	weiblich	0.54
LG30004001024	26.02.1981	weiblich	0.52
LG30002000496	27.03.1979	weiblich	0.51
LG30010000011	01.04.1990	weiblich	0.51

Anzahl effektiver Ahnen : 73

Tabelle 21: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
LG30010004750	02.03.1998	männlich	6.4
LG30003004657	06.03.1997	männlich	3.8
LG30002004514	11.02.1995	männlich	3.3
LG30001004269	06.03.1992	männlich	3.2
LG30002004092	22.02.1990	männlich	2.5
LG30002004279	17.01.1992	männlich	2.3

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft

der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 22 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (1,06%) der 136 noch lebenden Vatertiere zu den 2.728 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation (Ausgangselternpopulation B) zeigt keine Blutlinienverengung bzw. genügend Anpaarungsmöglichkeiten ohne die Inzucht zu steigern.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 1.06 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 136
Anzahl verfügbare Mütter: 2728

Tabelle 22: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE010310535044	8.02	2.56	30.79	1918	25
DE010310538300	3.80	2.53	39.97	1940	16
DE010310538290	4.54	2.44	40.01	1886	17
DE010510208353	2.10	2.16	27.78	1940	20
DE010310277191	1.45	2.00	34.09	1940	5
DE010310538270	1.53	1.97	35.86	1940	17
DE010510371559	0.14	1.78	50.14	1919	21
DE010310276927	0.31	1.70	32.94	1940	25
DE010310535493	0.00	1.69	50.00	1919	21
DE010310669049	0.60	1.63	34.69	1885	26
DE010310092031	1.27	1.57	51.48	1932	36
DE010310074690	0.49	1.51	31.57	1940	26
DE010310534951	3.27	1.46	34.83	1940	20
DE010310092015	0.67	1.45	50.67	1916	37
DE010310277243	0.90	1.38	28.68	1927	19
DE010310092989	0.82	1.38	32.80	1902	36
DE010310277343	0.59	1.31	29.66	1927	18
DE010310092488	0.61	1.26	32.54	1936	36
DE010310538262	0.00	1.23	20.35	1884	0
DE010310051420	0.00	1.23	29.33	1940	20
DE010310501169	1.26	1.22	28.31	1931	4
DE010310669052	0.27	1.17	50.27	1927	39
DE010101027558	0.45	1.14	15.92	1869	0
DE010310277165	0.01	0.99	29.13	1926	9
DE010800004550	0.20	0.95	50.20	1930	8
DE010310277166	0.11	0.77	31.63	1927	11
DE010310501185	0.07	0.75	31.72	1929	3

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE011210062201	6.42	0.74	56.42	1921	12
DE010310477094	0.17	0.72	31.72	1895	26
DE010310092100	0.05	0.71	31.31	1918	6

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden weiblichen Zuchtpopulation betrifft, ist relativ über alle Schafrassen gesehen unterdurchschnittlich, und damit für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) nicht geeignet. Da zu wenig Ahnen von den Muttertieren bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher weit überschätzt.
- Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen entspricht eher der Realität und weist auf eine etwas eingeschränkte genetische Varianz in der Rasse hin. Aufgrund der beschriebenen Datenstruktur sind diese Werte aber vorsichtig zu interpretieren.
- Nach diesen Zahlen wären kurzfristig keine züchterischen Maßnahmen einzuplanen, um die genetische Variabilität in der Rasse gezielt zu erhalten.
- Mittelfristig ist die weitere Entwicklung der Daten für eine fundiertere Analyse der Bewertungskriterien zu prüfen. Dies könnte dann zu einer differenzierteren und anderen Bewertung führen.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- HARZER ZIEGE -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

1.1 Ursprung 5

1.2 Integration der Harzziege in die Bunte deutsche Edelziege 6

1.3 Wiederbelebung der Harzziege 8

2 Zuchtprogramm **8**

2.1 Zielstellung des Zuchtprogrammes 8

2.2 Dauer des Zuchtprogrammes 8

2.3 Zuchtpopulation 9

2.4 Zuchtmethode 9

2.5 Kriterien für die Eintragung in das Zuchtbuch 9

2.5.1 Ziegen 9

2.5.2 Böcke 9

2.5.3 weitere Eintragungsbedingungen 9

2.6 Selektion 10

3 Rassebeschreibung **10**

3.1 Zuchtziel 11

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **11**

5 Rassedachverbände oder Vereine **12**

6 Informationen aus dem Herdbuch **12**

6.1 Verteilung auf Verbände 12

6.2 Herdenstruktur 13

6.3 Kennzahlen der Zucht 14

7 Populationsanalyse **14**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 14

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 17

7.3 Genanteile 21

7.4 Mittleres Generationsintervall 21

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 22

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 23

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 24

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 25

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 13
2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 20

Tabellenverzeichnis

1 Entwicklung der Bestände 1998 bis 2010 8

2 Maße und Gewichte 10

3 Verteilung Elterntiere auf Verbände 12

4 Verteilung der Tiere auf Regionen 13

5 Anzahl Herden in den Verbänden 13

6 Verteilung der Herden auf Regionen 13

7 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 14

8 Entwicklung der Zucht 14

9 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 16

10 Verteilung auf Verbände 16

11 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 17

12 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 19

13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (31 Tiere) 19

14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (4 Tiere) 19

15 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 25

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(nach SÜSS, R.; KÖHLER, D.; ADER, C.: Die Harzziege in Vergangenheit und Gegenwart. Der Ziegenzüchter 12 (1996) 3, 2-9 und RÖSLER, H.-J., 2011)

1.1 Ursprung

Bis ins 20. Jahrhundert hinein kann in Deutschland bei der Ziege von Typen oder Rassen nicht geredet werden. Die Haltung erfolgte oft als Einzeltier bzw. in kleineren Beständen ohne eine züchterische Konzeption. Danach entwickelten sich Ziegen einheitlicher Färbung und ausgeglichenen Typs oft nur in kleinen Regionen. Zu diesen Regionen gehörten vor allem auch bestimmte gebirgige Gegenden wie der Harz, Thüringen, Schwarzwald und Erzgebirge, in denen sich besondere Schläge herausbildeten. Im Harz entwickelten sich rehbraune, hornlose Ziegen. Die robusten und widerstandsfähigen Tiere mit guter Milchleistung bildeten damals einen der wichtigsten regionalen Ziegenschläge in Deutschland. 1893 zeigte man erstmalig auf der DLG-Schau in München solche Tiere unter dem Namen Harzziege.

Doch auch der Bestand der Harzziege war durch planlose Einkreuzungen zwischenzeitlich ernsthaft gefährdet, so dass es galt, durch Vereinsgründungen die Zucht zu befördern. Dem ersten, durch den Bergmann Dahle im Jahr 1900 in der Stadt Goslar errichteten Harzziegenzuchtverein, folgten eine Vielzahl weitere, so dass 1907 schon 26 Vereine existierten. 1910 schlossen sich die einzelnen Vereine zu Kreis- und Bezirksverbänden zusammen. Im Jahr 1913 umfasste der Bezirksverband Hildesheim 91 Ziegenzuchtvereine, deren einheitliches Ziel die rehfarbene Harzziege war. Es entstand schließlich der „Verband der Harzer Ziegenzuchtvereine“ mit 3.500 Züchtern und 5.700 Tieren. Vom Land- und Forstwirtschaftlichen Hauptverein Göttingen wurde ab 1910 nur noch den die Harzziege züchtenden Vereinen Beihilfen gewährt. Im Jahre 1912 setzte er die rehfarbene Harzziege als Zuchtziel seiner Verbände fest, was 1910 bereits durch die Landwirtschaftskammer für Braunschweig erfolgte. In großem Umfang wurde dieser Ziegenschlag gleichfalls in den Regierungsbezirken Hannover (80 Vereine) und Lüneburg (32 Vereine) gehalten.

Die möglicherweise älteste Beschreibung des Schlages der Harzziege findet man im DLG-Heft Nr. 69 „Die deutsche Ziege. Beschreibung der Ziegenzucht Deutschlands auf Grund von Erhebungen der Deutschen Landwirtschaftsgesellschaft“ von Friedrich Dettweiler aus dem Jahr 1902. Er beschreibt farblich verschiedene, meist weißlich-graue oder rötliche Tiere mit meist mittellangem Haarkleid, selten glatt oder kurz mit einem dunklen Aalstrich auf dem Rücken. „Die Ziegen besitzen ein gut entwickeltes, i.d.R. zweiteiliges Euter mit großen Zitzen und geben 2 - 4 Liter Milch pro Tag.“ Die Laktationsdauer beträgt ca. 320 Tage. Gute Ziegen werden auch durchgemolken. Es wird angemerkt, dass die Harzziege keine ausgeglichene Form zeigt, die Ohren lang und schmal sind, aber auch sehr viele Tiere mit sogenannten Mäuseohren auftreten, und das Gehörn meistens fehlt.

Im Jahr 1911 findet man weitere Hinweise darauf, dass „die Färbung nicht festgelegt“ ist bzw. es mehrere Zuchtrichtungen innerhalb des Harzziegenschlages gab. In der „Anleitung zur Ziegenzucht und Haltung“ wird so von heller oder dunkler rehbraun gefärbten Tieren, deren Bauch und Beine „bald dunkel, bald weiß“ seien mit einem helle Streifen tragendem Gesicht geschrieben.

Ökonomierat Zürn, Leiter des Land - und Forstwirtschaftlichen Hauptvereins Hildesheim, der als Gründer und Förderer der Harzziegenzucht gilt, baute schließlich eine planvolle Zucht mit dem Ziel auf, die einheimischen Bestände durch sorgfältige Zuchtwahl sowie

geänderte Fütterung und Haltung aus sich heraus, ohne Zufuhr fremden Materials, zu verbessern. Gegenteilige Bestrebungen, die auf Einbeziehung auch anderer Ziegenschläge drängten (u.a. aus dem Schwarzwald, dem Erzgebirge und Thüringen), konnten sich nicht durchsetzen. Durch konsequente Selektion nach Körperbau, Farbe und Gesundheit bzw. Widerstandsfähigkeit (Hauptmerkmale der Oberharzer Ziege) gelang es Zürn innerhalb weniger Jahre, leistungsstärkere und einheitlichere Zuchten aufzubauen. Bei der Zucht wurden extreme Leistungen möglichst vermieden, um die Anspruchslosigkeit und robuste Konstitution zu erhalten. 1908 machte man die Hornlosigkeit zur Bedingung.

Auch nach der Konsolidierung der Rasse existierten zwei verschiedene Farbschläge. A. Machens beschreibt in seiner 1925 erschienen Broschüre „Die rehfarbene hornlose Harzziege“ die Rasse wie folgt: „Die Harzziege ähnelt in der Farbe dem Reh. Zulässig sind Farbunterschiede vom Grau des Dachses bis zum Sommerrot des Rehs. Längs des Rückens verläuft ein schwarzer, scharf abgesetzter Aalstrich, der sich nach dem Kreuz zu nicht verbreitern sollte. In der Färbung des Bauches findet man zwei Spielarten: entweder schwarzen Bauch mit schwarzen Beinen oder hellen Bauch mit schwarz gestreiften Beinen.“ Eine darüber hinausgehende Präzisierung der Fellfärbung findet man bei Cordes (1925), der auf das Vorkommen von rehbraunen Tieren mit schwarzem Aalstrich sowie schwarzem Bauch und gleichen Beinen neben heller rehfarbigen Ziegen mit hellem bis weißem Bauch und schwarzgeschienten Beinen verweist.

Dies widerspiegelt sich auch im damals gültigen Zuchtziel wider, welches hinsichtlich der Farbgebung folgende Anforderungen enthielt:

Farbe: rehbraun von braungrau bis schwarzgrau, bevorzugt rotbraun

Abzeichen: schwarzer Aalstrich, schwarzer Bauch und schwarze Beine (dunkle Zuchtrichtung) oder heller Bauch und geschiente Beine (helle Zuchtrichtung) ausschließende Merkmale: größere weiße Flecken, weisse Sprenkeln an Maul und Ohren; fehlender oder brauner Aalstrich

zulässig: einzelner kleiner weißer Fleck an Stirn und Rumpf, helle Angesichtsstreifen bei Ziegen; bei Böcken schwarze Behaarung an Kopf und Bauch, dunklere Behaarung an Hals, Schulter, Vorderbrust und Vorderbein. Bereits zu diesem Zeitpunkt findet sich in der Literatur synonym für Harzziege (allerdings auch für Erzgebirgsziege) die Bezeichnung „rehfarbene deutsche Edelziege“.

Ab 1. März 1928 erfolgten Leistungsprüfungen (Milchleistung, Fettgehalt und Futteraufwand) in der Harzziegenzucht. 257 ganzjährig unter Kontrolle stehende Tiere erreichten im Mittel 766 kg Milch mit 3,55 Prozent Fett bzw. 27,56 kg Fett.

1.2 Integration der Harzziege in die Bunte deutsche Edelziege

Bereits 1911 schreibt Felix Hilpert, dass „neuerdings beabsichtigt wird, eine deutsche rehfarbige Ziege einheitlich zu züchten“. Vor dem Hintergrund einer zunehmenden Ausgeglichenheit der regionalen Ziegenrassen/-schläge legte die DLG im Jahr 1927 für die in Deutschland bodenständigen zahlreichen weißen und bunten Ziegenschläge eine einheitliche Schauordnung fest. Im Jahre 1928 erfolgte dann durch den Reichsverband der deutschen Ziegenzuchtvereinigungen die bis heute gültige Rasseneinteilung. Nach einer etwas ergänzten Gliederung unterscheidet man seitdem:

1. Die Weiße deutsche Edelziege

2. Die Bunte deutsche Edelziege in 3 Farbvarianten

a) die rehfarbige Ziege in der dunklen Zuchtrichtung: schwarzer Bauch und schwarze Stiefelung (Typ der ehem. Frankenziege bzw. Erzgebirgsziege)

b) die rehfarbige Ziege in der hellen Zuchtrichtung: heller Bauch und schwarz geschiente Beine (Typ der ehemaligen Schwarzwaldziege bzw. Harzziege)

c) die Thüringer Waldziege (ehemalige Deutsche Toggenburger)

Diese Einteilung wird durch folgende detailliertere Charakterisierung der rehfarbigen Ziegen ergänzt:

Farbunterschiede variieren von rotgrau bis schwarzgrau; charakteristisch scharf abgesetzter schwarzer Aalstrich; schwarzer Streifen vom Maul aufwärts bis über die Augen; Bei Böcken findet man bei beiden Spielarten gelegentlich schwarze Behaarung an Kopf, Bart und Hals, was jedoch bei Bewertungen nicht bestraft wird. Nach Maash et al. (1958) gehören darüber hinaus zu den phänotypischen Merkmalen der hellen Zuchtrichtung auch deutlich sichtbare schwarze Haarstreifen als Abgrenzung des hellen Bauches. Diese Forderung im Sinne eines Rassestandards wird aber allein von diesen Autoren formuliert und hat keine Basis in früheren Zuchtzielen.

Die Harzziege ist damit in der Bunten Deutschen Edelziege aufgegangen. J. Kliesch (1937) liefert in seinem Buch „Die Deutsche Bunte Edelziege“ eine umfangreiche Rassebeschreibung, die sich stark an die aus den 20er Jahren für die Harzziege anlehnt. Das Gewicht der Bunten Deutschen Edelziege lag mit 40-60 kg bei Ziegen und 55-90 kg bei Böcken. In der Leistungsprüfung realisierten 1940 die Bunten Deutschen Edelziegen (11.452 Tiere geprüft) 665 kg Milch mit 3,43 Prozent Fett und 22,87 kg Fett. Die Höchstleistung betrug 2.087 kg.

Die Verständigung auf eine einheitliche Zuchtzielgestaltung einerseits und die abnehmende Bedeutung der Ziegenhaltung andererseits bei gleichzeitiger Veränderung der Struktur der Zuchtorganisation (Schaffung von Landesverbänden) hat dazu geführt, dass in späteren Veröffentlichungen der Begriff „Harzziege“ kaum mehr gesondert gebraucht wird.

Schäfer (1942) zitiert Machens’ Beschreibung der Körperbeschaffenheit und stellt im Harz eine Bevorzugung von Tieren mit hellem Bauch und geschienten Beinen fest, weil bei Tieren der dunklen Zuchtrichtung auch schwarze, nicht zuchttaugliche Lämmer fallen.

Bezugnehmend auf Gilch, der eine Annäherung aller gleichartigen Zuchtgebiete in dem Maße anregt, dass Kreuzungen „ohne nachteilige Folgen für die Farbe“ durchführbar sind, erscheint Schäfer das Nebeneinanderbestehen der beiden Zuchtrichtungen hell- und dunkelbäuchiger Tiere unter Aufrechterhaltung der rehbraunen Grundfarbe als sinnvoll, um einen regen Austausch von Zuchtmaterial mit anderen Gebieten zu ermöglichen. Diesem Vorschlag kam das Zuchtziel im Harz entgegen.

Der II. Weltkrieg und die nachfolgende Zoneneinteilung hatten nachteilige Folgen für die Harzziegenzucht. Die Zonengrenze trennte die östlichen Zuchtgebiete vom Hauptzuchtgebiet. Zum ersten Mal nach dem II. Weltkrieg wurden am 17.-18. September 1949 auf der Harzer Landwirtschaftsschau in Hasselfelde wieder Harzziegen ausgestellt (98 Ziegen/ 90 Aussteller). Die letzte spezielle Arbeit zur Harzziege stammt wahrscheinlich von Zaage aus dem Jahr 1950 mit dem Titel „Die Ziegenzucht im Harz unter besonderer Berücksichtigung der bunten deutschen Edelziege (Unterschlag Harzziege)“. 1988 schreibt Einhorn, dass die Harzziege in der DDR kaum noch anzutreffen und somit auch züchterisch nicht mehr bearbeitbar sei. Zahlenmäßige Angaben liegen jedoch nicht vor.

1.3 Wiederbelebung der Harzziege

Vor dem Hintergrund verstärkter nationaler und internationaler Bestrebungen zur Erhaltung ehemaliger Haustierrassen als Kulturgut gab es in Sachsen-Anhalt seit 1990 bei einigen passionierten Züchtern, unterstützt durch die Lehr- und Versuchsanstalt des Landes sowie den Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt, Überlegungen, sich gezielt auch um die Harzziege zu bemühen und damit einen Schlag der Bunten Deutschen Edelziege (BDE) von regionaler Bedeutung in seiner natürlichen Umgebung zu erhalten und die noch vorhandenen Bestände zu stabilisieren. Im Ergebnis einer 1993/94 durchgeführten Bestandsanalyse wurden im östlichen Teil des Harzes etwa 30 weibliche Tiere und 4 Böcke bei insgesamt 20 Haltern registriert. Die Landesregierung unterstützt in Übereinstimmung mit entsprechenden EU-Programmen durch finanzielle Förderung der Zucht diese Bestrebungen. Darauf hin wurde die Wiederbelebung der Rasse Braune Harzer Ziege (Harzziege) unter der züchterischen Begleitung des Landesschafzuchtverbandes Sachsen-Anhalt unternommen. Hierzu wurde ein spezielles Zuchtprogramm erarbeitet, das aufgrund des Phänotyps eine Einbeziehung von Ziegen und Böcken in das Erhaltungszuchtprogramm ermöglicht.

Tabelle 1: Entwicklung der Bestände 1998 bis 2010

	98	99	00	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10
Züchter	10	10	11	15	16	16	16	14	13	11	10	12	9
Ziegen	64	112	173	267	298	278	295	301	301	234	272	242	180
Böcke	-	8	14	16	18	18	20	16	14	15	17	18	17

2 Zuchtprogramm

2.1 Zielstellung des Zuchtprogrammes

Das spezielle Zuchtprogramm für die Braune Harzer Ziege (Harzziege) ist auf die Erhaltung der Rasse ausgerichtet und beinhaltet die Wiederbelebung der Herdbuchzucht der Rasse Braune Harzer Ziege aus den vorhandenen genetischen Resten der 1927 in der hellen Farbvariante der Bunten Deutschen Edelziege aufgegangenen Bestände aus dem Gebiet des Harzes, bei – wenn nicht hierin anders geregelt - Beibehaltung der in der Zuchtbuchordnung und des Zuchtprogrammes des Landesschafzuchtverbandes Sachsen-Anhalt e.V. festgelegten allgemeinen Bestimmungen.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.2 Dauer des Zuchtprogrammes

Die Gültigkeit dieses Zusatzes zur Zuchtbuchordnung ist inhaltlich abhängig vom erreichten Konsolidierungsgrad der Rasse Braune Harzer Ziege. Diese Übergangsregelung ist vorläufig auf 5 Jahre ab Datum der Bestätigung dieses Zusatzes zur Zuchtbuchordnung befristet. Danach kann eine Verlängerung durch den Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V. beantragt werden.

2.3 Zuchtpopulation

Die Zuchtpopulation umfasst die in den Beständen der Herdbuchzüchter gehaltenen und im Zuchtbuch des Landesschafzuchtverbandes Sachsen-Anhalt eingetragenen Zuchttiere der Rasse Braune Harzer Ziege.

2.4 Zuchtmethode

Das Zuchtziel wird mit Mitteln der Reinzucht angestrebt. Zur beschleunigten Wiederbelebung bzw. zur Verbesserung erwünschter Eigenschaften ist die Immigration von Genen aus der Rasse Bunte Deutsche Edelziege (heller und dunkler Farbschlag) in Einzelfällen nach Festlegung im Vorstand möglich. Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung und der Ergebnisse der Leistungsprüfung. Auf die Erfassung des Merkmalskomplexes „Milchleistung“ kann in der Übergangsperiode verzichtet werden.

2.5 Kriterien für die Eintragung in das Zuchtbuch

2.5.1 Ziegen

Die Eintragung von weiblichen Zuchttieren richtet sich nach den allgemeinen Eintragungsbestimmungen des Landesschafzuchtverbandes Sachsen-Anhalt in das Zuchtbuch. In Abweichung zu diesen Bestimmungen können während der Übergangszeit weibliche Ziegen in die Herdbuch-Hauptabteilung (A1) und ins Herdbuch (A3) ohne Vorliegen einer Milchleistungsprüfung eintragen werden.

2.5.2 Böcke

Die Eintragung von männlichen Zuchttieren richtet sich nach den allgemeinen Eintragungsbestimmungen des Landesschafzuchtverbandes Sachsen-Anhalt in das Zuchtbuch. Abweichend von den allgemeinen Eintragungsbedingungen kann ein Zuchtbock auf Antrag des Besitzers in die Herdbuch-Hauptabteilungen A1 und A2 eingetragen werden, wenn die Eltern und Großeltern nicht in einem Zuchtbuch eingetragen sind. Für die Eintragung in die Herdbuch-Hauptabteilung A1 müssen die Ergebnisse der Milchleistungsprüfung (Nachkommen) nicht zwingend vorliegen.

2.5.3 weitere Eintragungsbedingungen

Für die Einstufung von Zuchttieren der Rasse Braune Harzer Ziege werden weiterhin folgende Anforderungen an den Typ gestellt:

Herdbuch-Hauptabteilung (A1): Auf der rehbraunen Grundfärbung müssen sich der schwarze Aalstrich und die schwarz geschienten Beine deutlich absetzen. Der helle Bauch sollte durch einen deutlich sichtbaren schwarzen Haarstreifen abgegrenzt sein. Eine dunkle Gesichtsmaske ist wünschenswert.

Herdbuch-Hauptabteilung (A2): Eine rehbraune Grundfärbung mit hellem Bauch muss ausgeprägt sein. Ein dunkler Aalstrich, eine dunkle Beinschienung sowie eine Gesichtsmaske sind wünschenswert.

Herdbuch (A3): Eine braune Grundfärbung mit hellem Bauch muss ausgeprägt sein. Ein dunkler Aalstrich, eine dunkle Beinschienung sowie eine Gesichtsmaske sind wünschenswert.

Vorherdbuch (A4): Eine braune Grundfärbung mit hellerem Bauch muss ausgeprägt sein. Ein dunkler Aalstrich, eine dunkle Beinschienung sowie eine Gesichtsmaske sind wünschenswert.

2.6 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf de n Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt.

Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung über alle Verbände zu erstellen. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit liegen nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 8 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

3 Rassebeschreibung

Die Braune Harzer Ziege (Harzziege) ist eine Farbvariante der Bunten Deutschen Edelziege, die ihren lokalen Ursprung im Gebiet um den Harz hat. Sie unterscheidet sich von der Bunten Deutschen Edelziege nur in der Farbe. Es ist eine rehfarbene Ziege, kurzhaarig, mit schwarzem, scharf abgesetztem Aalstrich und schwarz geschienten Beinen. Der helle Bauch ist durch einen deutlich sichtbaren schwarzen Haarstreifen abgegrenzt. mittlerer bis großer Rahmen hornlose und gehörnte Tiere kurze und glatt anliegende Behaarung saisonale Brunst Frühreife, Erstzulassung mit 7 - 9 Monaten gut ausgebildete, drüsige Euter klar abgesetzte, mittellange Striche leichte Melkbarkeit

Tabelle 2: Maße und Gewichte

	Ziege	Bock
Gewicht (kg)	55-75	70-100
Widerristhöhe (cm)	70-80	80-90

Leistungen

850 bis 1.000 kg Milch mit 3,2 bis 3,5 % Fett und 2,8 bis 3,0 % Eiweiß (Bei entsprechender Haltung und Fütterung sind bedeutend höhere Einzel-Milchleistungen möglich.) erste Ab-

lammung im Alter bis 15 Monate eine Ablammung pro Jahr 1,8 bis 2,0 geborene Lämmer pro Jahr

3.1 Zuchtziel

Angestrebt wird eine fruchtbare, widerstandsfähige und langlebige Ziege mit hoher Wirtschaftlichkeit aufgrund hoher Fett- und Eiweißleistungen. Der Rücken sollte möglichst straff sein, mit breit angelegtem, nicht zu stark abfallendem Becken. Das Fundament soll trocken und nicht zu fein, die Beinstellung korrekt sein. Gefordert wird ein gleichmäßiges, geräumiges, drüsiges und fest angesetztes Euter, das weit nach vorn reicht. Die mittellangen, gleichförmigen und klar abgesetzten Striche sollen sich gut zum Hand- und Maschinenmelken eignen.

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist,

im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Harzer Ziege:

Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.
Angerstr. 6
06118 Halle
Tel.: 0345/5214941
Email: roesler@lkv-st.de



5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Die Zucht der Harzer Ziege wird nur im Landesverband Sachsen-Anhalt betrieben, woraus sich auch die regionale Verteilung auf die beiden Postleitzahlbezirke dieses Verbands ergeben.

Tabelle 3: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	12	185
Gesamt(Alle Verbände)	12	185

[a] für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken

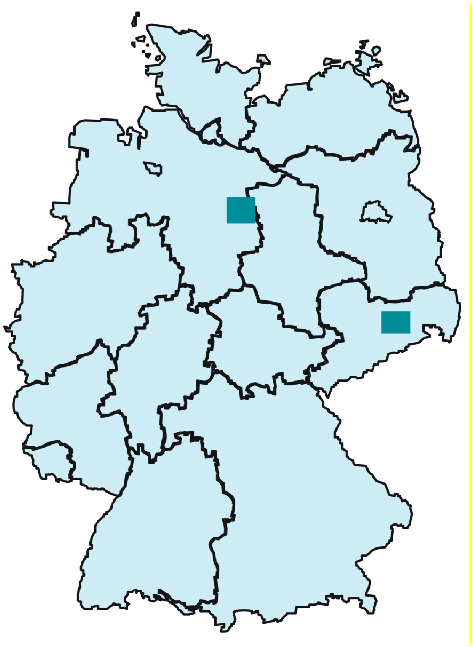


Tabelle 4: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
123	0
142	3

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.2 Herdenstruktur

Die Zucht der Harzer Ziege erfolgt in Kleinbeständen, wobei auch Herden mit grösseren Bestandszahlen zu finden sind.

Tabelle 5: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
13	LSV Sachsen-Anhalt e.V.
13	gesamt

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 6: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
5	0
8	3
13	gesamt

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 7: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
4	1 bis 9
3	10 bis 19
2	20 bis 29
1	30 bis 39
2	40 bis 49
1	80 bis 89

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

Die Anzahl der Ablammungen schwanken recht stabil über die Jahre um die 200. Erst in den letzten beiden Jahren können kontinuierliche Zahlen zur Remontierung der Zucht ermittelt werden. Dies könnte in der Nutzung des zentralen Herdbuchsystem serv.it OVICAP in diesem Zuchtverband begründet liegen.

Tabelle 8: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	109	181	1	1	
2001	179	321	5		
2002	187	333	5	4	
2003	216	389	5		
2004	197	353	6	1	1
2005	211	396	2		
2006	253	433	6		2
2007	198	343	2		
2008	164	299	6		
2009	166	295	5		5
2010	183	329	3		
2011	200	350		3	21
2012	33	21		1	50

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Zahlen zur Milchleistungsprüfung konnten nicht ermittelt werden.

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffen-

den Rasse extrahiert. In Tabelle 9 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 10 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die Anzahl geborener und registrierter Tiere der Rasse „Harzer Ziege“ schwanken zwischen 300 bis 400 je Geburtsjahr. Die Anzahl registrierte männlicher und weiblicher ist lt. Tabelle 9 ungefähr gleich groß. Laut Tabelle 10 wird die Rasse ausschließlich über den Zuchtverband in Sachsen-Anhalt betreut.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 11 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 11 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Aus Tabelle 11 ist ersichtlich, dass von 17 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Ziegenböcken noch 13 und von 227 in diesen Jahren registrierten Ziegen noch 150 leben. 13 noch lebende Ziegenböcke und 150 noch lebende Ziegen, geboren 2005 – 2010, bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring der Harzer Ziege.

Tabelle 9: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	0	3
1991	1	2
1992	0	3
1993	0	2
1994	1	4
1995	4	11
1996	15	19
1997	32	37
1998	38	54
1999	82	72
2000	92	111
2001	153	183
2002	167	176
2003	193	202
2004	184	179
2005	217	184
2006	226	214
2007	186	168
2008	142	175
2009	151	158
2010	192	141
2011	167	171

Tabelle 10: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	1.066

Tabelle 11: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	217	184	1	38	0	14
2006	226	214	4	45	1	28
2007	186	168	1	33	1	18
2008	142	175	5	52	5	40
2009	151	158	6	41	6	32
2010	192	141	0	18	0	18
Gesamt	1.114	1.040	17	227	13	150

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 12 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 13 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 12 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 13 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 14 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 14 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen nur noch 2 von 13 Ziegenböcken (=15%) und nur noch 2 von 150 Ziegen (=1%) die erforderliche Mindest-Pedigreevollständigkeit. Damit wird die für ein ordnungsgemäßes Monitoring festgelegte Monitoringpopulation C nicht mehr erreicht. Die weiteren Monitoringauswertungen zu den Fremdgenanteilen, zum Generationsintervall, zur effektiven Populationsgröße, zu effektiven Foundertieren und wichtigen Ahnen sind daher nicht mehr durchführbar.

Tabelle 12: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1993	0	0.00	1	0.00
1995	1	0.00	1	0.00
1996	0	0.00	1	0.00
1997	0	0.00	1	0.00
1998	0	0.00	4	0.00
1999	0	0.00	1	0.00
2000	1	0.25	2	0.00
2002	1	0.00	1	0.43
2003	2	0.40	2	0.40
2004	1	0.65	0	0.00
2005	0	0.00	4	0.31
2006	1	0.53	2	0.80
2007	1	0.84	1	0.71
2008	1	0.89	0	0.00
2009	1	0.76	0	0.00

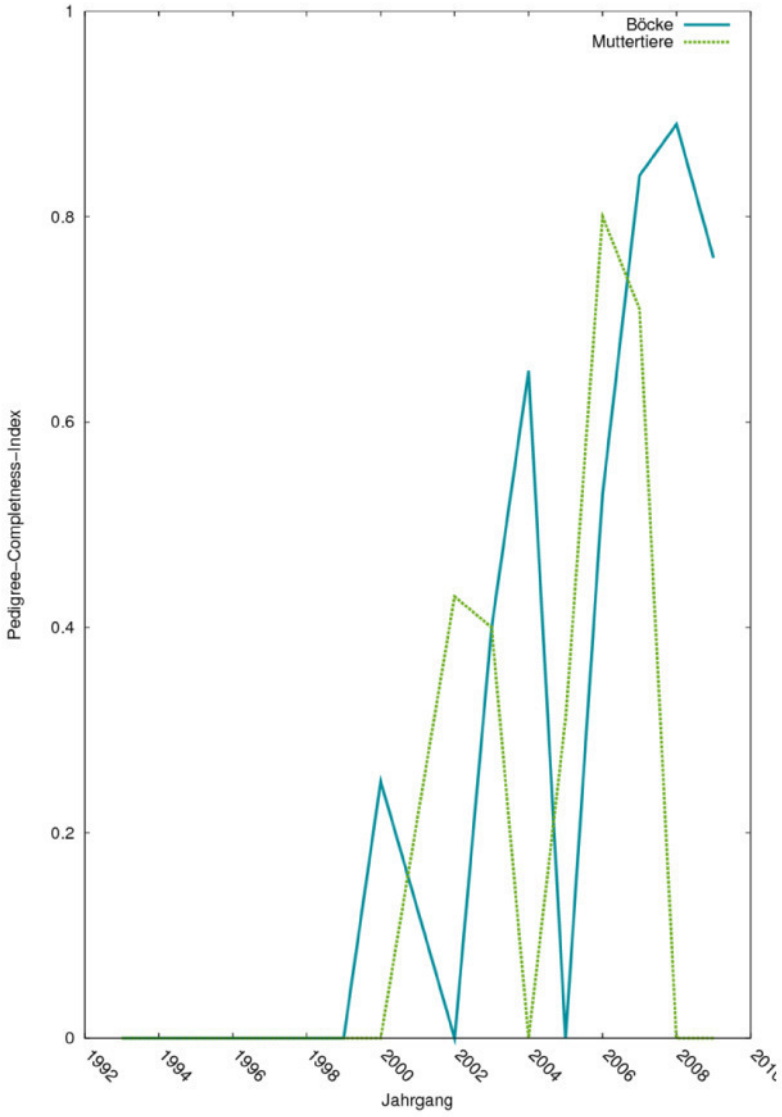
Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (31 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	2	0.82	2	0.79
2	2	0.60	4	0.43
3	3	0.26	5	0.23
4	2	0.33	4	0.00
5	1	0.43	3	0.11
6	0	0.00	2	0.00
7	0	0.00	1	0.00
Gesamt	10		21	

Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (4 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	0	0.00	1	0.72
2006	0	0.00	1	0.86
2008	1	0.89	0	0.00
2009	1	0.76	0	0.00
Gesamt	2		2	

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index



7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

- Datengrundlage für Analyse nicht mehr vorhanden -

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,

2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle **??** angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert.

- Datengrundlage für Analyse nicht mehr vorhanden -

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $>$ 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

- Datengrundlage für Analyse nicht mehr vorhanden –

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle **??** sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen

Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

- Datengrundlage für Analyse nicht mehr vorhanden –

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population.

- Datengrundlage für Analyse nicht mehr vorhanden –

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 15 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (3,28%) der 13 noch lebenden Vatertiere zu den 150 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation (Ausgangselternpopulation B) kann zwar berechnet werde, sie kann aber den Trend zur Blutlinienverengung nicht aufzeigen, da die erforderliche Pedigreeinformation/-tiefe fehlt.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 3.28 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 13
Anzahl verfügbare Mütter: 150

Tabelle 15: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
SAHA005017168	0.00	11.90	50.00	95	44
SAHA005001200	0.00	11.13	50.00	80	49
DE011500173277	0.00	9.50	50.00	78	42
SAHA022026606	0.00	2.15	50.00	51	3
SAHA011049771	0.00	2.00	25.00	12	12
SAHA019015918	0.00	1.80	25.00	58	2
SAHA022079229	0.00	1.80	25.00	58	2
SAHA022027705	0.00	0.70	25.00	20	2
THHA113082009	0.00	0.51	12.50	14	0
SAHA014011970	12.50	0.42	37.50	2	2
SAHA014049972	21.88	0.42	37.50	2	2
SAHA016010061	0.00	0.33	50.00	1	1
SAHA029002846	0.00	0.00	0.00	0	0

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage reicht für die erforderlichen genetisch statistischen Auswertungen nicht mehr aus.
- Um eventuell doch noch die entsprechenden Kennzahlen ableiten zu können, sollte zuerst geprüft werden, inwiefern die Pedigreedaten durch den Zuchtverband erweitert/vervollständigt werden können.
- Nach aktuellem Datenstand muss für diese Rasse ein Erhaltungszuchtprogramm durchgeführt werden.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- KRAINER STEINSCHAFE -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

Service & Daten aus einer Quelle

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **5**

2.1 Leistungsprüfungen 6

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 6

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 9

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 9

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 9

2.3 Zuchtwertschätzung 10

2.4 Selektion 10

3 Rassebeschreibung **11**

3.1 Zuchtziel 11

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **12**

5 Rassedachverbände oder Vereine **13**

6 Informationen aus dem Herdbuch **13**

6.1 Verteilung auf Verbände 14

6.2 Herdenstruktur 15

6.3 Kennzahlen der Zucht 16

7 Populationsanalyse **18**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 18

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 20

7.3 Genanteile 24

7.4 Mittleres Generationsintervall 25

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 26

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 30

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 32

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 33

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 15

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 23
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 28
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Krainer Steinschafe) 29

Tabellenverzeichnis

1 Leistungsspektrum 11
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände 14
3 Verteilung der Tiere auf Regionen 14
4 Anzahl Herden in den Verbänden 15
5 Verteilung der Herden auf Regionen 15
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 16
7 Entwicklung der Zucht 16
8 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 17
9 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 19
10 Verteilung auf Verbände 19
11 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 20
12 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 22
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (501 Tiere) 22
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (179 Tiere) 24
15 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 25
16 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 25
17 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 26
18 Kennzahlen zu Foundertieren 30
19 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 31
20 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 32
21 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 33

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(Christian Mendel, 2012)

Das Krainer Steinschaf ist die historische Ausgangsrasse der Bergschafzucht im Ostalpenraum. Heute gehört diese Rasse zu den am stärksten vom Aussterben bedrohten, deutschen Schafrassen.

Zu Beginn des 20. Jahrhunderts kam das Steinschaf noch in folgenden Gebieten vor: In Bayern konnte man es hauptsächlich in Berchtesgaden finden, in großen Teilen der Umgebung Traunsteins und südöstlich von Rosenheim. In Österreich war das Steinschaf in Salzburg am stärksten vertreten und hielt sich noch in Reinzucht im Oberpinzgau und Teilen des restlichen Pinzgaues sowie in den Arltälern, in Geißau, und teilweise noch im Tennengebirge. In Nord- und Osttirol waren bereits damals alle Steinschafe mit Ausnahme des Gebietes der nördlichen Hänge der Kitzbühler Alpen eingekreuzt, und in Kärnten hatte es sich auf den obersten Teil des Mölltals zurückgezogen. In Südtirol war das Steinschaf noch im Obervinschgau, Eisack-, Passeier- und oberen Pustertal beschrieben worden; 1964 war dieser Bestand auf weniger als 1 000 Stück reduziert.

Zwei neuere wissenschaftlichen Arbeiten, die sich mit der Abstammung der Bergschafrassen beschäftigten, ergaben folgende Schlussfolgerungen: WASSMUTH UND MITARBEITER (2000) stellten mit Hilfe von stichprobenartigen Blutuntersuchungen verschiedener Bergschafrassen fest, dass das Steinschaf trotz unterschiedlicher Einkreuzungen auf das neolithische Torfschaf zurückgeht. Die genetische Differenzierung der Schafrassen im Ostalpenraum untersuchte BAUMUNG (2003) anhand von 25 Microsatelliten-Loci. Alle regionalen Steinschafrassen konnten eindeutig als eigenständige Rassen eingestuft werden.

Das Krainer Steinschaf wird in seiner Heimat, Slowenien, hauptsächlich als Milchschaf genutzt. Es hat bei sehr geringer Zufütterung von Kraftfutter eine sehr gute Milchleistung und der typische Bovec Hartkäse, der nur aus Krainer Milch hergestellt werden darf, ist sehr mild und bekömmlich. Die Schafe sind ruhig im Wesen und sehr menschenbezogen, was das melken leichter macht. In seiner ursprünglichen Heimat im Nordwesten Sloweniens war es in den 80-er Jahren akut vom Aussterben bedroht. In einem Kreuzungsversuch sollten die Restbestände mit Ostfriesischen Milchschafen gepaart werden. Reinrassige Krainer Steinschafe wurden Anfang der 90-er Jahre von Dr. Reiner Seibold an interessierte Züchter im Allgäu abgegeben und dort mit großem Engagement weitergezüchtet.

Die Arbeitsgemeinschaft Krainer Steinschafe wurde am 24.03.07 in Bodelsberg / Allgäu gegründet. Hauptziel ist die Zucht und Erhaltung der Rasse und die Interessenvertretung. Insbesondere sollen die 12 verschiedene Bocklinien bzw. Mutterlinien erhalten werden. Der Schwerpunkt in der Zucht liegt bei den bisher bekannten Farbschlägen, der Mehrnutzung, guten Eutern sowie wesensstarken und freundlichen Tieren.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw.

Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht

- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht
- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt.

Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssystem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Muster-

zuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Es ist ein feingliedriges, kleines bis mittelgroßes Schaf. Das Kopfprofil ist gerade und das Nasenbein leicht gebogen, die Ohren stehen waagrecht ab. Die Böcke und Mutterschafe sind überwiegend hornlos. Der lange bewollte Schwanz reicht bis zum Sprunggelenk. Das Gesichtsfeld, der Bauch und die Füße sind in der Regel unbewollt. Das Vlies ist mischwollig und es kommen überwiegend die Wollfarben schwarz und weiß sowie verschiedene Farbzeichnungen vor. Vor allem die Köpfe sind bunt gezeichnet. Die Brunst ist asaisonal, eine zweimalige Lammung je Jahr ist möglich. Wegen der Frühreife kann die Erstzulassung im Alter von 8 bis 10 Monaten erfolgen. Aufgrund seiner Zutraulichkeit gut geeignet für die Haltung in kleinen Beständen.

Tabelle 1: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	55-70	3,5		73-78	
Jährlinge	40-55	3,0			
Lammböcke					
Mutterschaf	45-55	3,0	170-200	65-70	
Zuchtlämmer					

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Schlachtlämmern im Bereich von 200 - 250 g, das handelsübliche Lebendgewicht bei rund 35 bis 40 kg.

3.1 Zuchtziel

Züchtung eines anpassungsfähigen, widerstandsfähigen, robusten Schafes für die rauen Lagen des Hochgebirges, mit ausgezeichneter Trittsicherheit, besten Muttereigenschaften, Langlebigkeit sowie hoher Fruchtbarkeits-, Aufzucht- und Säugeleistung.

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Krainer Steinschafe:

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.
Haydnstraße 11
80336 München
Tel.: 089 / 53 62 27
Email: bhg-schafzucht@t-online.de
www.bhg-schafzucht.de

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
Kölnische Str. 48 - 50
34117 Kassel
Tel.: 0561/16984
Email:
www.schafe-hessen.de

Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 0711/16655-40
Email: Wohlfarth@schaf-bw.de
www.schaf-bw.de

Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.
Dillinger Str. 67
66822 Lebach
Tel.: 06881/928-201
Email: anton.schmitt@lwk-saarland.de

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

Arbeitsgeinschaft Krainer Steinschaf
87471 Durach
Email:diewebers@augustakom.net
www.krainer-steinschaf.de

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die

Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Die Zucht der Krainer Steinschafe wird von 3 Verbänden bestimmt, wobei im Bereich der BHG mit über 300 Elterntieren das grosse Kerngebiet zu sehen ist (siehe 2. Der organisatorischen Verteilung entspricht auch die regionale Verteilung der Zuchttiere (siehe Tabelle 1 und Abbildung 1)

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
Hessen	4	18
LSV Baden-Württemberg e.V.	6	49
BHG	28	282
Gesamt(Alle Verbände)	38	349

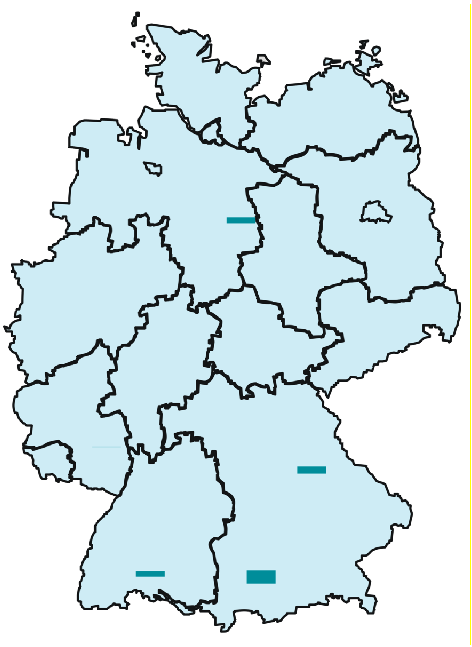
[a]für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
49	3
2	6
45	7
88	8
51	9

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



6.2 Herdenstruktur

Aktive Zuchtherden können in 4 Verbänden gefunden werden, wobei über 50% der Herden in der BHG zu finden sind (siehe Tabelle 4). Regional konzentrieren sich die Herden auf den direkten alpinen Raum (Postleitzahlbezirk 8) (siehe Tabelle 5)

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	Saarland
4	Hessen
5	LSV Baden-Württemberg e.V
14	BHG
24	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
4	3
1	6
4	7
10	8
5	9
24	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Die Zucht wird in Herden mit bis zu 20 Tieren betrieben (siehe Tabelle 6)

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
9	1 bis 9
14	10 bis 19
1	20 bis 29

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

Alle Kenngrössen aus der Zuchtarbeit deuten auf einen kontinuierlichen leichten Antieg der Population hin. Seit 2009 pendelt sich die Anzahl Ablammungen auf ca. 250 ein (siehe Tabelle 7)

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	68	99	32	2	24
2001	80	114	37	4	38
2002	98	136	30	6	61
2003	149	212	57	3	48
2004	144	189	61	12	81
2005	207	245	64	9	41
2006	248	336	63	12	93
2007	241	325	86	11	64
2008	241	302	59	8	59
2009	285	378	65	13	83
2010	237	337	74	17	84
2011	267	399	67	18	60
2012	189	268		22	38

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Beim Krainer Steinschaf sind wenige Scrapie-Untersuchungen registriert (siehe Tabelle 8).

Tabelle 8: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	13	7.7	1	7.7	1	-	-	-	-	-	-	23.1	3
2002	18	5.6	1	11.1	2	-	-	-	-	-	-	22.2	4
2003	30	3.3	1	13.3	4	3.3	1	-	-	3.3	1	20.0	6
2005	21	4.8	1	19.0	4	4.8	1	-	-	4.8	1	23.8	5

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 9 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 10 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die geborenen und registrierten Tiere der Rasse „Krainer Steinschaf“ nehmen über die Geburtsjahre auf niedrigem Level kontinuierlich zu. Das Verhältnis der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 9 ist allerdings ein Hinweis, dass nicht alle geborenen männlichen Lämmer in Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden.

Aus Tabelle 10 ist eine Verteilung über alle Regionen in Deutschland ersichtlich. Die Rasse wird im süddeutschen Bereich, und hier fast ausschließlich in Bayern, gehalten

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 11 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 11 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Laut Tabelle 11 leben von 50 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 34 und von 267 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 224.

34 noch lebende Schafböcke und 224 noch lebende Mutterschafe der Geburtsjahrgänge 2005 – 2010 bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring des Krainer Steinschafes.

Tabelle 9: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	0	2
1991	4	16
1992	2	12
1993	23	24
1994	34	36
1995	37	43
1996	66	58
1997	40	38
1998	30	62
1999	63	63
2000	59	73
2001	54	77
2002	67	94
2003	108	131
2004	84	131
2005	132	128
2006	170	183
2007	161	187
2008	174	156
2009	178	213
2010	146	206
2011	200	197

Tabelle 10: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	55
LSV Baden-Württemberg e.V.	241
Saarland	2
BHG	2.902

Tabelle 11: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Anzahl Alle (geborene Tiere)		Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	132	128	10	45	7	23
2006	170	183	7	41	5	36
2007	161	187	11	43	6	37
2008	174	156	6	52	3	48
2009	178	213	13	58	11	52
2010	146	206	3	28	2	28
Gesamt	961	1.073	50	267	34	224

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 12 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 13 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 12 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 13 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 14 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 14 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 22 von 34 Böcken (=65%) und 157 von 224 Mutterschafen (=70%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Neben der schon geringen Tierzahl ist die Pedigreevollständigkeit zusätzlich als eher unterduchschnittlich zu beurteilen. Die verbleibende Monitoring Population C des Krainer Steinschafes umfasst dann noch 501 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Mit den verbleibenden Tieren sind die nachfolgenden Auswertungen zum genetischen Monitoring kaum mehr vernünftig durchzuführen. Im Maximum sind bis zu 8 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert, in der Regel aber nur sehr wenige Ahnengenerationen verfügbar.

Tabelle 12: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1987	0	0.00	1	0.00
1988	0	0.00	2	0.00
1989	0	0.00	1	0.00
1990	0	0.00	1	0.00
1991	4	0.00	12	0.00
1992	1	0.00	2	0.25
1993	3	0.00	6	0.25
1994	3	0.17	9	0.32
1995	1	0.25	8	0.42
1996	4	0.41	10	0.36
1997	1	0.00	7	0.41
1998	3	0.57	17	0.41
1999	2	0.25	14	0.46
2000	6	0.30	15	0.53
2001	2	0.48	23	0.58
2002	4	0.67	17	0.55
2003	11	0.67	29	0.59
2004	4	0.47	16	0.45
2005	12	0.73	31	0.77
2006	8	0.80	33	0.73
2007	11	0.78	37	0.79
2008	5	0.88	44	0.86
2009	8	0.92	46	0.91
2010	2	0.97	25	0.90

Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (501 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	22	0.90	157	0.88
2	30	0.70	110	0.64
3	20	0.47	65	0.50
4	13	0.39	42	0.37
5	8	0.16	22	0.20
6	1	0.00	8	0.17
7	1	0.00	1	0.00
8	0	0.00	1	0.00
Gesamt	95		406	

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

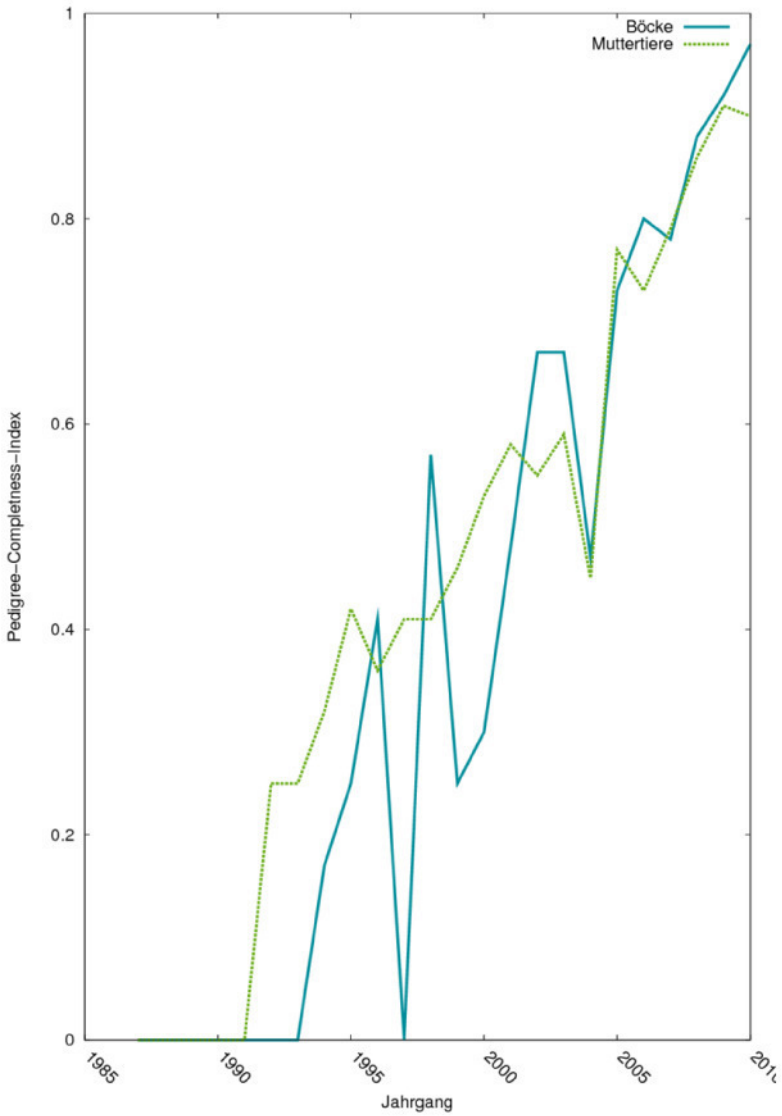


Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (179 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	4	0.83	13	0.84
2006	2	0.93	21	0.85
2007	6	0.87	23	0.84
2008	2	0.99	32	0.90
2009	6	0.92	43	0.91
2010	2	0.97	25	0.90
Gesamt	22		157	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 15 und die Muttertiere (Tabelle 16) ausgewiesen.Nur wenige fremdrassigen Tiere (Ahnen) sind in den Herdbüchern des Krainer Steinschafes registriert. Bei den noch lebenden Böcken mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) ist ein Fremdgenanteil von bis zu 10% festzustellen, auf der weiblichen Seite etwas weniger. In der Regel stammt der Fremdgenanteil von Ahnen der Alpinen Schafrassen, wie dem Alpinen Steinschaf.

Tabelle 15: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Krainer Steinschafe	sonstige	unbekannt
2005	4	1.49	95.51	4.49	0.00
2006	2	11.72	87.70	12.30	0.00
2007	6	7.02	89.06	10.94	0.00
2008	2	6.91	91.99	8.01	0.00
2009	6	5.05	90.76	9.24	0.00
2010	2	7.95	89.65	10.35	0.00
Ges.	22	5.98	90.89	9.11	0.00

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Krainer Steinschafe	sonstige	unbekannt
2005	13	3.72	92.74	7.26	0.00
2006	21	7.21	90.77	9.23	0.00
2007	23	4.79	94.00	6.00	0.00
2008	32	5.52	93.62	6.38	0.00
2009	43	6.11	92.46	7.54	0.00
2010	25	9.49	93.14	6.86	0.00
Ges.	157	6.28	92.83	7.17	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),

4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 17 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Auf der Vaterseite ist das Generationsintervall über ein Jahr kürzer als auf der Mutterseite, dies gilt für die Väter der Böcke und der Mutterschafe. Insgesamt ergibt sich für das Kreiner Steinschaf ein mittleres Generationsintervall von 2,88 Jahre. Damit liegt das mittlere Generationsintervall erheblich unter dem Mittel über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre). Vor allem die Väter sind wesentlich jünger als in anderen Rassen.

Tabelle 17: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	22	2.21
Mutter auf Vater	22	3.40
Vater auf Mutter	157	2.37
Mutter auf Mutter	157	3.52

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 2.88 Jahre

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

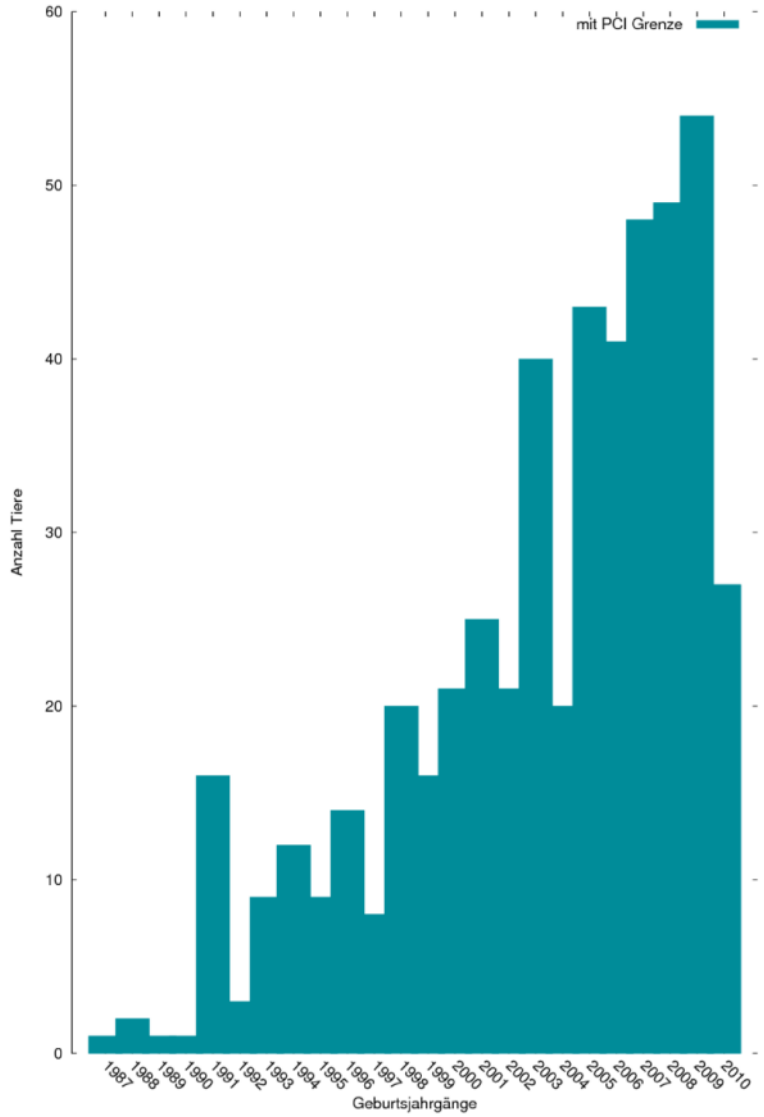
Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $> 0{,}70$ unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $> 0{,}70$ der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen Tierzahlen und der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen bei den verbleibenden Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann beim Krainer Steinschaf auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht abgeleitet werden. Daher resultiert ein weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von $N_e = 395$, also größer als die absolut noch verfügbare Ausgangseltern- bzw. Zuchtpopulation. Aufgrund der unzulänglichen Daten ist die beschriebene Methodik bei der vorliegenden

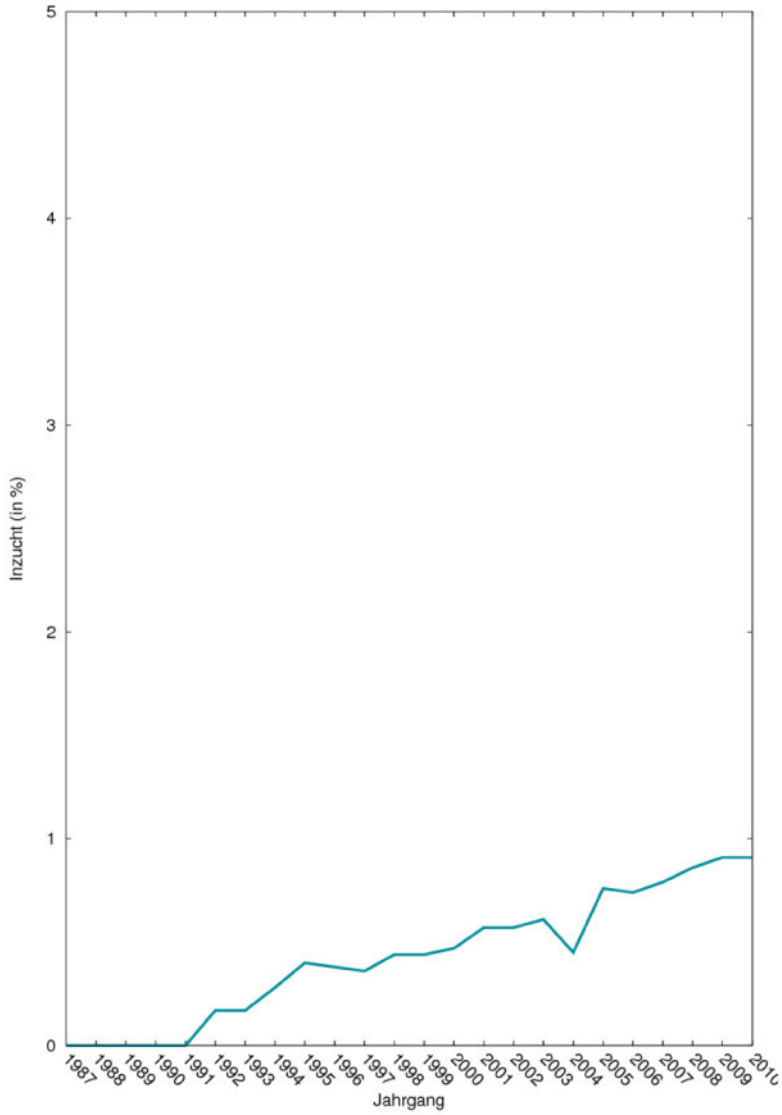
Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation



Population bzw. Datengrundlage nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Mittl. Generationsintervall : 2.88 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 394.66

Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Krainer Steinschafe)



7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 18 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 19 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 22, berechnet aus 40 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 18, dürfte aufgrund der vorliegenden Datenstruktur der Realität wesentlich näher kommen, bzw. eine stichhaltigere Maßzahl sein, um die genetische Diversität in der Rasse zu beschreiben. Lt. Tabelle 19 haben 18 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation, auch einige weibliche Founder haben dabei einen sehr hohen Einfluss.

Tabelle 18: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	40	7	7
Anzahl effektive Foundertiere	22		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 20 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, $f_a = 18$, weist deutlich auf die erheblich eingeschränkte genetische Diversität in der noch verbleibenden aktiven Zuchtpopulation hin. 12 dominante Ahnen (>2% Genanteil) sind in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 20). Ein 1995 geborener Bock hat dabei einen Genanteil von über 314% in der aktiven Zuchtpopulation. Dieses Tier, aber auch die folgenden wichtigsten Ahnen, verursachen zusätzlich einen erheblichen „Bottle Neck“ – Effekt.

Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen auf eine erheblich eingeschränkte bzw. kaum mehr vorhandene genetische Variabilität in der Rasse hin.

Tabelle 19: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit > 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
3070062020	13.10.1994	männlich	9.04
091440025	27.12.1992	männlich	7.41
091440014	19.04.1991	weiblich	7.41
091440002	01.04.1991	männlich	6.06
097350012	16.02.1988	weiblich	4.96
097350018	01.01.1993	männlich	4.96
097350001	18.02.1991	männlich	4.40
091440009	03.04.1989	weiblich	4.32
307006273020	10.03.1997	männlich	4.31
30700617300	23.03.2000	männlich	3.96
30700616605	21.03.2000	männlich	3.56
307006276020	06.12.1996	männlich	3.23
097350010	20.11.1991	männlich	3.09
097380004	04.02.1996	weiblich	3.01
097380088	08.02.2004	männlich	3.00
097350003	26.03.1991	weiblich	2.99
091440003	13.03.1991	weiblich	2.64
091440008	04.04.1991	weiblich	2.00
091440001	11.03.1991	männlich	2.00
30700614116	02.11.2000	männlich	1.80
091440013	19.12.1987	weiblich	1.61

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
30700616098	02.05.1999	männlich	1.31
097090080	16.01.2004	weiblich	1.26
097350007	15.05.1991	weiblich	1.18
097390002	24.12.1997	weiblich	1.17
097350009	19.04.1991	weiblich	1.00
097350002	21.04.1991	weiblich	0.99
097350013	08.03.1988	weiblich	0.71
097350051	25.11.1999	weiblich	0.59
097350015	07.02.1991	weiblich	0.57
097380011	23.02.1997	weiblich	0.50

Anzahl effektiver Ahnen : 18

Tabelle 20: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
091440065	14.03.1995	männlich	14.1
3070062020	13.10.1994	männlich	9.6
097370008	15.04.1993	weiblich	7.5
30700615683	16.02.1999	männlich	7.3
097380065	09.04.2000	männlich	5.1
307006273020	10.03.1997	männlich	4.8
097350018	01.01.1993	männlich	4.4
30700617300	23.03.2000	männlich	4.3
30700616605	21.03.2000	männlich	4.1
307006276020	06.12.1996	männlich	3.3
097380088	08.02.2004	männlich	2.9
097350001	18.02.1991	männlich	2.5

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 21 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (3,88%) der 34 Vatertiere zu den 224 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation zeigen ebenfalls die bereits sehr enge Blutführung auf. Insbesondere die enge Verwandtschaft einiger Vatertiere zu den verfügbaren Muttertieren ist zu beachten.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 3.88 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 34
Anzahl verfügbare Mütter: 224

Tabelle 21: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
097380171	1.17	7.32	58.25	184	21
097380164	3.13	6.63	60.19	184	12
097380128	0.00	6.56	51.67	184	18
097370101	0.20	6.24	56.45	194	9
097400097	2.93	6.03	52.93	184	7
097310166	6.25	5.61	62.50	184	12
097380233	1.67	5.48	30.79	194	5
097390049	0.00	5.35	52.15	136	17
097370089	0.00	5.19	56.25	200	7
08982434365	3.32	5.13	33.50	197	5
097380126	0.00	4.54	53.13	172	25
097380217	8.98	4.51	42.77	194	5
BY51099RP171	0.00	4.26	31.64	184	7
097370102	0.00	4.20	64.06	101	6
097380200	0.00	3.93	51.56	185	8
097370150	3.52	3.86	63.18	184	1
BW510066137	0.00	3.74	25.00	167	2
095150021	0.00	3.69	41.60	204	7
09K189	0.00	3.58	51.56	197	4
097080058	0.78	3.56	59.08	197	4
097370182	2.39	2.97	33.33	187	1
097370164	0.00	2.86	29.69	197	1
097090100	0.00	2.74	50.78	175	7
097080059	0.88	2.56	30.71	197	1
09RP209	0.00	2.47	25.78	193	1
097370184	0.00	1.93	31.59	184	1
DE010610026643	0.00	1.09	62.50	5	5

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden::aufzaehlung:

Die Datengrundlage, vor allem was die Anzahl Tiere und die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist kaum mehr ausreichend für fundierte genetisch statistische Auswertungen, vor allem nicht für die Schätzung der effektiven Populationsgröße

(N_e). Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher weit überschätzt bzw. nicht real.

Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen entspricht besser der Realität und weist auf eine kaum noch vorhandene genetische Diversität in der Rasse hin.

Nach diesen Zahlen ist ein Erhaltungszuchtprogramm für die Rasse unbedingt vorzusehen und schnellstmöglich umzusetzen.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- LEINESCHAF -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

Service & Daten aus einer Quelle

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **6**

2.1 Leistungsprüfungen 6

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 6

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 9

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 9

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 9

2.3 Zuchtwertschätzung 10

2.4 Selektion 10

3 Rassebeschreibung **11**

3.1 Zuchtziel 12

4 anerkannte Züchtervereinigungen **12**

5 Informationen aus dem Herdbuch **13**

5.1 Verteilung auf Verbände 13

5.2 Herdenstruktur 14

5.3 Kennzahlen der Zucht 15

6 Populationsanalyse **20**

6.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 20

6.2 Pedigree-Vollständigkeit 22

6.3 Genanteile 27

6.4 Mittleres Generationsintervall 28

6.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 29

6.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 33

6.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 36

6.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 37

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 14

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 25

3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 31

4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Leineschaf) 32

Tabellenverzeichnis

1 Leistungsspektrum 11
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände 13
3 Verteilung der Tiere auf Regionen 13
4 Anzahl Herden in den Verbänden 14
5 Verteilung der Herden auf Regionen 14
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 15
7 Entwicklung der Zucht 15
8 Entwicklung der Stationsprüfungen 16
9 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 19
10 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 20
11 Verteilung auf Verbände 21
12 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 22
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 24
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (4000 Tiere) 26
15 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1381 Tiere) 26
16 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 27
17 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 28
18 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 29
19 Kennzahlen zu Foundertieren 33
20 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 34
21 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 35
22 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 36

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(Arno Rudolph, 2012)

Das Leineschaf ist eine Landschafrasse, die wie viele deutsche Landschafrassen, historisch auf das Zaupel-Schaf zurückzuführen ist. Bereits um 1700 wurden deutsche Landschafe durch Einkreuzungen mit flämischen und friesischen Schafen verbessert.

Die erste eingehende Beschreibung der Rasse stammt von Bohm (1878): „In der Provinz Hessen-Cassel und darüber hinaus in das Lipp´sche bis an den Harz und nach Süd-Hannover hinein finden wir einen Schlag des deutschen schlichtwolligen Schafes, welches sich von seinem Äußeren schon mehr vom Grundtypus abhebt. Beide Geschlechter ungehörnt, von eher größerer als kleinerer Statur als das Rhönschaf, zeigt dasselbe fast durchweg weiße Gesichter. Auch ist die Wolle fast ganz schlicht, hat gar keine Wellungen, nicht einmal in der äußersten Spitze, dabei aber einen recht sanften Angriff. Der Stand auf der Haut ist ein ziemlich dichter, auch scheint der Besatz des Bauches ein mehr befriedigender zu sein als bei dem Rhönschaf und dem Rheinischen Schafe“.

Als Folge der gesunkenen Wollpreise, versuchte man um 1870 das Leineschaf durch verschiedene Einkreuzungen wirtschaftlicher zu machen. Dazu wurden Leicester-, Cotswold- und Frankenschafe angepaart. Die Bezeichnung „Leineschaf“ wurde seit den 1860-er Jahren zunehmend verwendet. In Bezug auf Widerstandsfähigkeit, Genügsamkeit und Marschfähigkeit zeigten die genannten Einkreuzungen jedoch unbefriedigende Ergebnisse, so dass nach 1906 ein systematischer Aufbau von reinrassigen Leineschafherden erfolgte, die den Anforderung an die Schafhaltung unter den gegebenen Bedingungen optimal entsprachen. Das Zuchtgebiet lag flächendeckend zwischen Göttingen und Hannover, entlang der Hügel des Leineflusses und auf dem Eichsfeld. Hier beweideten die Leineschafherden die hängigen Hutungen entlang der Ackergebiete.

Unter Regie der Landwirtschaftskammer Hannover wurden nach 1906 Eliteherden zur kontinuierlichen Zucht des Leineschafes eingerichtet. Bis zum zweiten Weltkrieg entwickelte sich das Leineschaf zu einem einheitlichen, robusten Schaf von außerordentlicher Gesundheit sowie ausreichend Fleisch- und Wollleistung. Laut einer Rasseerhebung aus dem Jahr 1948 wurden im Bundesgebiet 66.278 Leineschafe angegeben. Trotz der Wertschätzung der Rasse, war das Leineschaf ab den sechziger Jahren in der ursprünglichen Form nicht mehr zu halten. Sinkende Erlöse für die Wolle und eine steigende Nachfrage nach fleischigen Lämmern, ebenso wie die vermehrt anzutreffende Koppelschafhaltung erforderten einen anderen Typ. Die Züchter in Niedersachsen kreuzten neben Texel auch Ostfriesische Milchschafe in das Leineschaf ein. Der daraus entstandene Typ, als „Neues Leineschaf“ bezeichnet, zeichnete sich durch Frohwüchsigkeit, höhere Fleischleistung und Fruchtbarkeit aus. D.h. aus der alten Landschafrasse wurde eine den wirtschaftlichen Erfordernissen angepasste Fleischschafrasse herausgezüchtet.

Anders verlief die Zuchtgeschichte in der DDR, im Eichsfeld. Ohne Einkreuzung anderer Rassen ging der Bestand drastisch zurück. Die Führung des Zuchtbuches wurde aufgegeben. Einzelne, kleine Bestände hielten sich als schlichtwollige Landschafe bis zur Wiedervereinigung. Zur Erhaltung der Rasse im ursprünglichen Typ trug ein weiterer Umstand bei. Leineschafe gelangten nach dem zweiten Weltkrieg als Reparationszahlungen Deutschlands nach Polen, wo die Rasse bis zur politischen Wende 1990 im Herdbuch geführt wurde. Thüringen nahm die Rasse Leineschaf im ursprünglichen Typ 1993 in das Programm zur Erhaltung vom Aussterben bedrohter Nutztierrassen auf. Durch Vermittlung des Landesverbandes Thüringer Schafzüchter erfolgte 1995 ein Reimport von Leineschafen aus Polen. Entsprechend dem Zuchtziel für das Leineschaf im ursprünglichen Typ selektiert, begründeten die Zuchtböcke

daraus Vaterlinien, in denen bis heute gezüchtet wird. Sie werden vorwiegend in Thüringen, Niedersachsen und Sachsen in der Zucht eingesetzt.

Unter Leitung des Landschaftspflegeverbandes des Landkreises Göttingen arbeitet seit 1999 eine Interessengemeinschaft, in der die Züchter der Landesschafzuchtverbände Thüringen, Niedersachsen, Sachsen gemeinsam mit der GEH den Erhalt und die Zucht dieser alten Landschafrasse fördern.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 6.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 5.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens

7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)

- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht
- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL

mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt. Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssystem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 5.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Mittelgroßes bis großrahmiges Schaf in weißer Wolle, z.T. mit leicht rosafarbenem Schimmer an den Beinen und ohne schwarze Pigmentflecken. Der lange nur mittelbreite Kopf ist bis hinter die Ohren unbewollt und hornlos. Die schlichte, weiße Crossbred-Wolle mit einer Feinheit von C bis CD entsprechend 31 bis 36 Mikron wächst in einem dichten geschlossenen Stapel bei guter Bauch-Bewollung. Das Leineschaf ist sowohl für Koppel- als auch für Hütehaltung gut geeignet. In Verbindung mit einer guten Grundfutterverwertung wird die Rasse auch gern für Maßnahmen der Landschaftspflege eingesetzt. Das Leineschaf verfügt über eine lange Brunstsaison und die Erstzulassung kann ab dem 10. Monat erfolgen.

Tabelle 1: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	100-120	4,0-6,0		80-90	85-100
Jährlinge	90-110	4,0-6,0		70-85	80-95
Lammböcke					
Mutterschaf	70-85	3,5-4,0	160-220	70-80	75-90
Zuchtlämmer	40-55				

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Mastlämmern im Bereich von 300 - 400 g, die Schlachtausbeute beträgt bei einem handelsüblichen Lebendgewicht von ca. 40 kg fast 50 %.

3.1 Zuchtziel

Bei mittlerem bis großem Rahmen wird ein langer Rumpf mit breitem Rücken und Becken angestrebt, der von einem trockenen Fundament auf harten Klauen getragen wird. Neben hoher Fleischleistung durch volle Bemuskelung an Rücken und Keulen wird besonderer Wert auf Widerstandsfähigkeit, Anpassungsfähigkeit, Härte und Marschfähigkeit gelegt. Erstzulassung im Alter von 7 bis 8 Monaten bei langer Brunstsaison. Frühreife, hohe Fruchtbarkeit, Leichtlammigkeit sind weitere besondere Zuchtzielkriterien.

4 anerkannte Züchtervereinigungen

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/329777
Email: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de
schafzucht-niedersachsen.de

Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.
Angerstr. 6
06118 Halle
Tel.: 0345/5214941
Email: roesler@lkv-st.de

Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.
Ostende 5
04288 Leipzig
Tel.: 034297/919651
Email: sszv leipzig@sszv.de
www.sszv.de

Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.
Bleichstr. 41
33102 Paderborn
Tel.: 05251-32561
Email: schafzuchtverband@lwk.nrw.de
www.schafzucht-nrw.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

5 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

5.1 Verteilung auf Verbände

Die Leineschaf-Zucht wird von 5 Verbänden bestimmt, wobei die Verbände LSV Niedersachsen und LV Thür. Schafzüchter e.V. den Grossteil der Elterntiere stellen (siehe 2). Regionaler Schwerpunkt ist der Postleitzahlbereich 3, der sich auf die Bundesländer der genannten Zuchtverbände erstreckt (siehe Tabelle 1 und Abbildung 1)

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
SSZV (Sachsen)	1	16
Berlin-Brandenburg	4	37
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	5	103
LSV Niedersachsen	36	1206
LV Thür. Schafzüchter e.V.	16	871
Gesamt(Alle Verbände)	62	2233

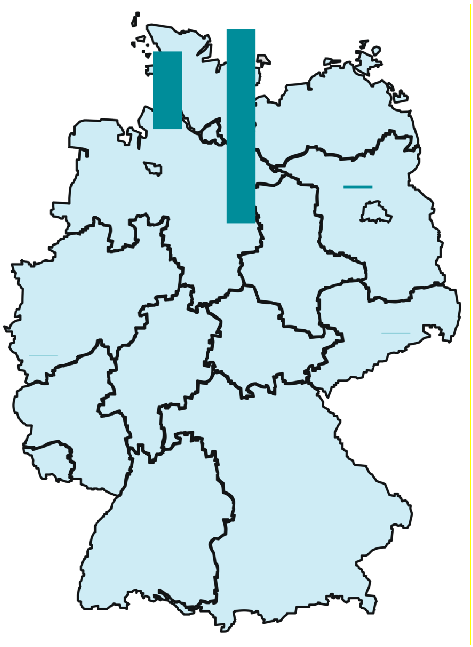
[a]für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
2	0
18	1
426	2
1049	3
3	5

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



5.2 Herdenstruktur

Fast 70% der Herden werden im Landesverband Niedersachsen betreut (vergl. Tabelle 1)

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	SZV NRW e.V.
2	Berlin-Brandenburg
2	LSV Sachsen-Anhalt e.V.
31	LSV Niedersachsen
36	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
1	0
1	1
12	2
19	3
1	5
34	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Bezüglich der Herdengrössen ist festzustellen, dass alle Grössenklassen vertreten sind und kein Schwerpunkt erkennbar ist (siehe 5)

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
7	1 bis 9
7	10 bis 19
5	20 bis 29
6	30 bis 39
2	40 bis 49
1	50 bis 59
1	60 bis 69
2	70 bis 79
5	100 und mehr

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

5.3 Kennzahlen der Zucht

In Tabelle 7 wird anhand der Tierzahlen in den einzelne Stufen des Zuchtprogramms deutlich, dass die Zucht trotz jährlicher Schwankungen sich auf einen stabilen Niveau entwickelt hat. Die Bedeutung der Feldprüfung auf Gewichtserfassungen erscheint sich nach einer starken Einbruchphase etwas zu erholen. Neben der Feldpüfung hatte die Stationsprüfung auf Fleischleistung in der Leineschafzucht eine gewisse Bedeutung. Über die Jahre kontinerlich, wenn auch mit abnehmender Tendenz wurde die Stationsprüfung lediglich in der thüringer Station Schöndorf durchgeführt (vergl. Tabelle Entwicklung der Stationspruefungen).

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	1121	1821	27	2	255
2001	984	1638	19	2	258
2002	1075	1739	56	2	319
2003	1044	1774	78		250
2004	1188	2055	72	5	262
2005	1154	2025	111	2	216
2006	1042	1890	58	17	263
2007	1066	1995	42		135
2008	1002	1763	45	29	183
2009	1078	1990	27	25	322
2010	1091	2156	39	18	181
2011	1006	2042	155	35	293
2012	953	1551	285	18	140

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 8: Entwicklung der Stationsprüfungen

Prüfjahr	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011
Groß Kreutz												
Anzahl Prüfkandidaten	10	-	8	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Anzahl Prüfgruppen	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Anzahl geprüfte Väter	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Iden												
Anzahl Prüfkandidaten	-	-	-	8	-	-	8	8	-	7	7	-
Anzahl geprüfte Väter	-	-	-	1	-	-	1	1	-	1	1	-
Anzahl Prüfgruppen	-	-	-	1	-	-	1	1	-	1	1	-
Köllitsch												
Anzahl Prüfkandidaten	-	-	-	-	-	-	-	-	10	10	10	-
Anzahl geprüfte Väter	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	1	-
Anzahl Prüfgruppen	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	1	-
Laage												
Anzahl Prüfkandidaten	9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Anzahl geprüfte Väter	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Anzahl Prüfgruppen	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Rohrsen												
Anzahl Prüfkandidaten	7	34	4	30	6	8	8	8	13	-	-	-
Anzahl geprüfte Väter	1	4	1	4	1	1	1	1	2	-	-	-
Anzahl Prüfgruppen	1	4	1	4	1	1	1	1	2	-	-	-

Weiter auf nächster Seite

Prüfjahr	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011
Schöndorf												
Anzahl Prüfkandidaten	132	53	80	79	69	65	36	51	140	101	59	25
Anzahl geprüfte Väter	11	8	5	9	7	7	7	9	15	12	6	6
Anzahl Prüfgruppen	11	8	5	9	7	7	7	9	15	12	6	6
gesamt												
Anzahl Prüfkandidaten	158	87	92	117	75	73	52	67	163	118	76	25
Anzahl geprüfte Väter	14	12	7	14	8	8	9	11	18	14	8	6
Anzahl Prüfgruppen	14	12	7	14	8	8	9	11	18	14	8	6

Von jeweils über 200 Tieren aus den Geburtsjahren 2003 bis 2006 liegen Scrapie-Untersuchungsergbnisse vor (siehe Tabelle 9). In den jüngeren Jahrgängen ist ein starker Rückgang der Untersuchungsdichte zu verzeichnen. Ein Grund für den Rückgang ist sicherlich in der erfolgreichen Umsetzung des TSE-Resistenzuchtprogramms zu sehen (vergl. Abschnitt 2.2 auf Seite 9)

Tabelle 9: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	57	31.6	18	26.3	15	7.0	4	-	-	3.5	2	17.5	10
2001	57	36.8	21	29.8	17	1.8	1	1.8	1	5.3	3	12.3	7
2002	51	45.1	23	33.3	17	3.9	2	2.0	1	-	-	2.0	1
2003	121	14.9	18	40.5	49	1.7	2	-	-	8.3	10	22.3	27
2004	95	29.5	28	41.1	39	5.3	5	-	-	2.1	2	15.8	15
2005	89	33.7	30	42.7	38	2.2	2	-	-	3.4	3	13.5	12
2006	97	49.5	48	35.1	34	2.1	2	1.0	1	-	-	6.2	6
2007	64	57.8	37	26.6	17	6.3	4	-	-	-	-	1.6	1
2008	72	51.4	37	34.7	25	5.6	4	-	-	-	-	6.9	5
2009	43	51.2	22	37.2	16	4.7	2	-	-	-	-	4.7	2
2010	44	38.6	17	47.7	21	2.3	1	-	-	-	-	2.3	1
2011	37	48.6	18	37.8	14	10.8	4	-	-	-	-	-	-
2012	11	27.3	3	45.5	5	-	-	-	-	-	-	-	-

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6 Populationsanalyse

6.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 10 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 11 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Tabelle 10: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	639	674
1991	739	720
1992	683	764
1993	732	769
1994	703	807
1995	751	933
1996	748	955
1997	781	1.058
1998	951	1.175
1999	1.087	1.179
2000	1.219	1.392
2001	1.076	1.147
2002	1.280	1.306
2003	1.232	1.334
2004	1.441	1.668
2005	1.356	1.403
2006	1.558	1.600
2007	1.519	1.505
2008	1.205	1.309
2009	1.723	1.845
2010	1.432	1.430
2011	1.587	1.665

Die geborenen und registrierten Tiere der Rasse „Leineschafe“ nehmen kontinuierlich über die Geburtsjahre zu. Aufgrund des Verhältnisses der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 10 kann davon ausgegangen werden, dass alle geborenen Lämmer in Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden.

Aus Tabelle 11 ist eine regionale Konzentration der Leineschafe auf die Bundesländer Niedersachsen, Thüringen, Sachsen und Sachsen-Anhalt ersichtlich.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 12 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind

unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 12 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Laut Tabelle 12 leben von 92 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 71 und von 2.253 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 1940.

71 noch lebende Schafböcke und 1.940 noch lebende Mutterschafe der Geburtsjahrgänge 2005 – 2010 bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring der Leineschafe.

Tabelle 11: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	35
LSV Niedersachsen	7.811
LV Thür. Schafzüchter e.V.	5.257
SSZV (Sachsen)	1.675
Berlin-Brandenburg	50
SZV NRW e.V.	10
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	470

Tabelle 12: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	1.356	1.403	17	282	6	167
2006	1.558	1.600	12	396	8	308
2007	1.519	1.505	25	433	20	378
2008	1.205	1.309	22	479	21	442
2009	1.723	1.845	10	534	10	517
2010	1.432	1.430	6	129	6	128
Gesamt	8.793	9.092	92	2.253	71	1.940

6.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 13 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 14 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 13 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 14 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 15 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 15 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	3	0.22	16	0.04
1981	4	0.26	17	0.08
1982	6	0.37	12	0.12
1983	5	0.45	29	0.19
1984	6	0.46	27	0.25
1985	6	0.50	25	0.28
1986	8	0.57	28	0.41
1987	9	0.21	41	0.58
1988	2	0.62	30	0.63
1989	14	0.62	38	0.63
1990	9	0.57	51	0.61
1991	7	0.60	42	0.64
1992	9	0.36	48	0.62
1993	10	0.63	61	0.54
1994	15	0.38	64	0.68
1995	16	0.42	110	0.31
1996	22	0.50	122	0.45
1997	16	0.47	131	0.42
1998	18	0.66	141	0.52
1999	10	0.71	135	0.62
2000	17	0.75	165	0.66
2001	21	0.66	160	0.65
2002	17	0.78	147	0.74
2003	15	0.77	193	0.72
2004	24	0.83	214	0.75
2005	20	0.81	172	0.85
2006	16	0.84	249	0.89
2007	26	0.89	302	0.88
2008	19	0.90	325	0.92
2009	9	0.94	360	0.92
2010	6	0.97	116	0.98

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen nur 56 von 71 Böcken (=79%) und 1.325 von 1.940 Mutterschafen (=68%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Dieser Anteil an Tieren mit ausreichenden Abstammungsinformationen ist über alle Rassen gesehen leicht unterdurchschnittlich. Die verbleibende Monitoring Population C der Leineschafe umfasst dann 4.000 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen).

Im Maximum sind bis zu 19 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert.

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

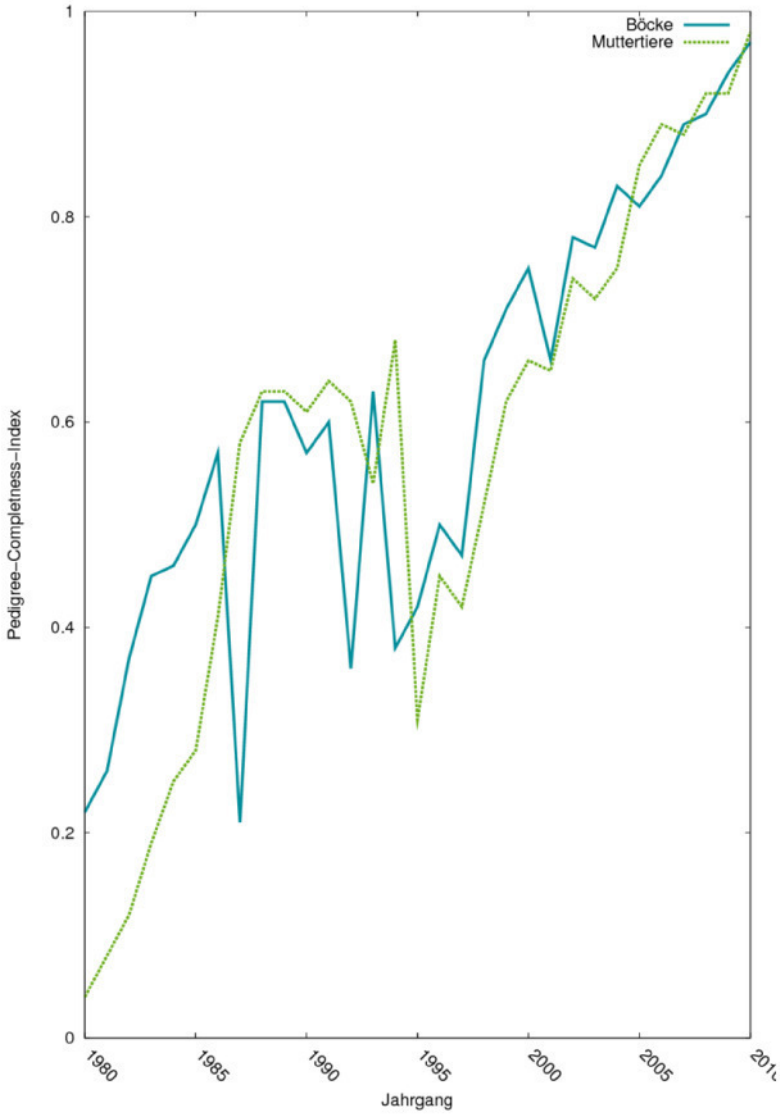


Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (4000 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	56	0.93	1325	0.92
2	87	0.81	811	0.75
3	77	0.65	563	0.60
4	65	0.50	400	0.47
5	34	0.43	222	0.49
6	28	0.57	116	0.48
7	23	0.44	76	0.39
8	13	0.39	49	0.22
9	9	0.21	20	0.23
10	3	0.26	15	0.06
11	2	0.15	3	0.12
12	0	0.00	3	0.00
Gesamt	397		3603	

Tabelle 15: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1381 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	2	0.94	101	0.89
2006	6	0.97	185	0.92
2007	16	0.90	247	0.91
2008	17	0.91	317	0.92
2009	9	0.94	359	0.92
2010	6	0.97	116	0.98
Gesamt	56		1325	

6.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 16 und die Muttertiere (Tabelle 17) ausgewiesen.
Da fast keine fremdrassigen Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern des Leineschafs registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) nur ein Fremdgenanteil $< 1\%$ festzustellen. Hier sind u.a. Tiere der Rassen Merinofleischschaf und Texel zu finden.

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Leineschaf	sonstige	unbekannt
2005	2	8.60	100.00	0.00	0.00
2006	6	3.73	100.00	0.00	0.00
2007	16	4.09	100.00	0.00	0.00
2008	17	4.05	99.26	0.74	0.00
2009	9	3.62	100.00	0.00	0.00
2010	6	4.21	98.96	1.04	0.00
Ges.	56	4.14	99.67	0.33	0.00

Tabelle 17: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Leineschaf	sonstige	unbekannt
2005	101	3.21	99.75	0.25	0.00
2006	185	3.06	99.93	0.07	0.00
2007	247	4.94	99.63	0.37	0.00
2008	317	3.84	99.80	0.20	0.00
2009	359	3.13	99.76	0.24	0.00
2010	116	4.28	100.00	0.00	0.00
Ges.	1325	3.73	99.79	0.21	0.00

6.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 18 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße

(N_e) korrespondiert.
Auf der Vaterseite ist das Generationsintervall um fast 1 Jahr kürzer als auf der Mutterseite. Insgesamt ergibt sich für die Leineschafe ein mittleres Generationsintervall von 3,49 Jahre. Damit liegt das mittlere Generationsintervall der Leineschafe etwas unter dem Mittel über alle Schafrassen.

Tabelle 18: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	56	2.93
Mutter auf Vater	56	3.90
Vater auf Mutter	1.325	3.19
Mutter auf Mutter	1.325	4.04

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.51 Jahre

6.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 6.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 6.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $>$ 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $>$ 0,70 der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen kaum die Chance besteht für ausreichend viele Tiere die reale Inzucht festzustellen, kann bei den Leineschafen auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht abgeleitet werden. Daher resultiert ein weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von N_e = 546. Aufgrund der unzulänglichen Daten scheint die beschriebene Methodik bei den Leineschafen nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Mittl. Generationsintervall : 3.51 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 545.89

Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation

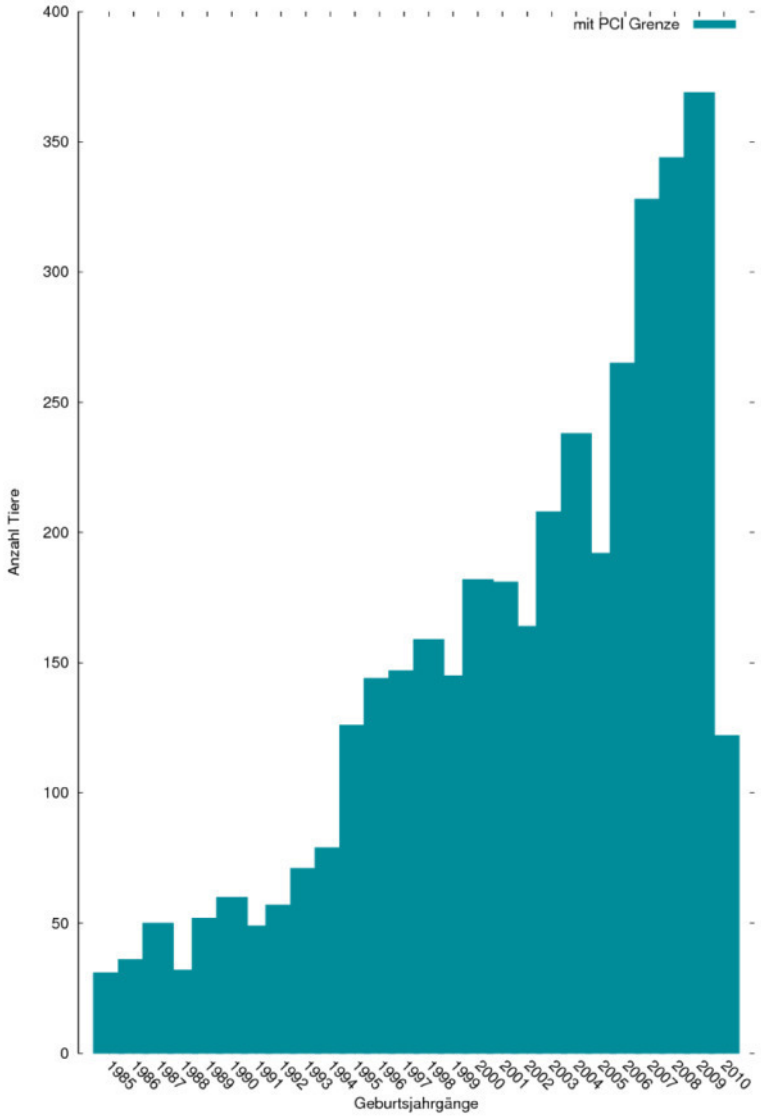
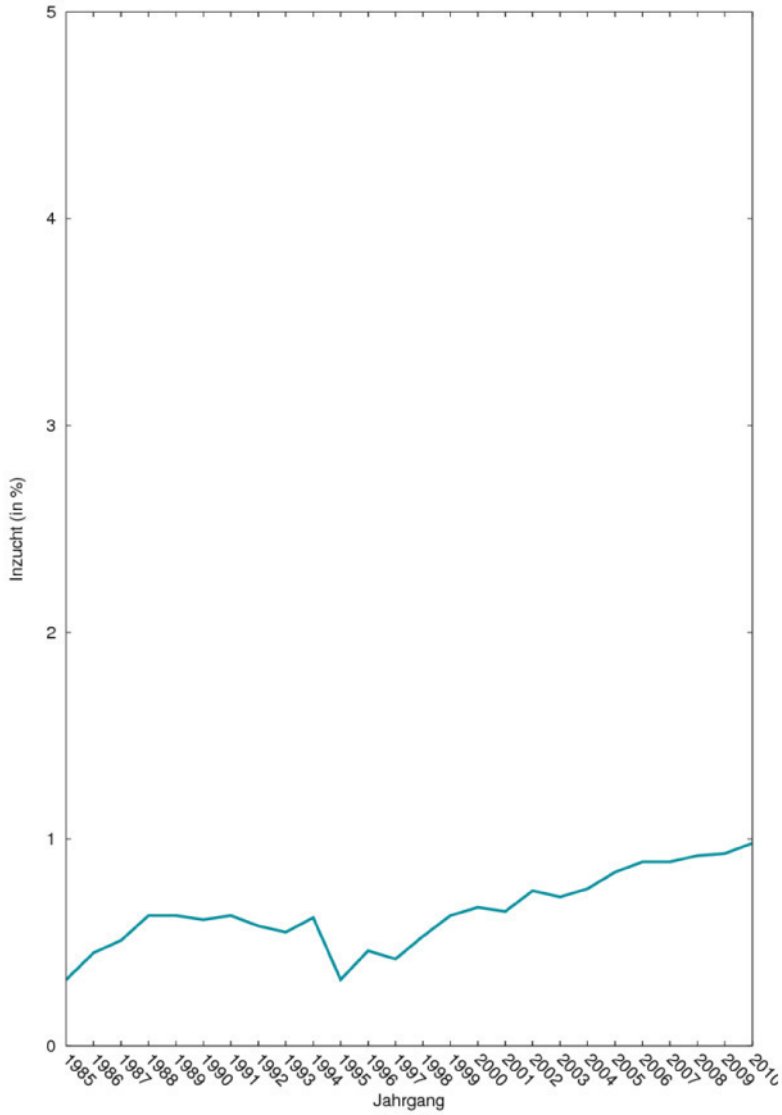


Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Leineschaf)



6.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 19 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 20 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 72, berechnet aus 249 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 19), 136 weiblichen und 51 männlichen, weist auf eine wesentlich engere Blutführung und genetische Variabilität hin als der Wert der effektiven Populationsgröße. Lt. Tabelle 20 gibt es 12 Founder mit einem Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation.

Tabelle 19: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	249	136	51
Anzahl effektive Foundertiere	72		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Tabelle 20: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit > 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
PL10817564	20.02.1995	männlich	4.91
PL10817567	23.02.1995	männlich	3.20
LG10001005933	15.02.1987	männlich	3.13
PL108172819	01.01.1992	männlich	2.72
PL10817563	13.02.1995	männlich	2.72
PL10817791	16.03.1997	männlich	2.42
NI10015000487	01.01.1970	weiblich	2.33
PL10817569	24.02.1995	männlich	2.32
PL10817003736	01.03.1992	männlich	2.17
NI10015000768	01.01.1977	weiblich	2.16
NI10015001121	24.02.1981	männlich	2.16
PL1081796610	22.02.1996	männlich	1.86
PL817006409	16.02.1987	männlich	1.69
NI10015000869	22.03.1978	männlich	1.43
TH10091976214	25.03.1997	weiblich	1.39
NI10015000805	01.01.1978	weiblich	1.38
TH1009395634	28.02.1995	weiblich	1.33
NI10015000633	01.01.1976	weiblich	1.29
TH10001001007	01.07.1991	weiblich	1.20
PL10817003070	01.01.1991	männlich	1.15
PL10817003830	01.03.1994	männlich	1.11
NI10015000610	01.01.1976	weiblich	1.09
PL10817003912	21.02.1995	männlich	1.09
PL10817004956	21.02.1992	weiblich	1.08
PL10817003846	13.03.1994	männlich	1.07
NI10015000804	01.01.1978	weiblich	0.99
NI10006304	01.01.1993	männlich	0.99
NI10015000601	01.01.1976	weiblich	0.99
LG10001001671	01.01.1979	männlich	0.98
LG10001006663	19.02.1987	männlich	0.98
PL10817003347	15.02.1990	weiblich	0.97
NI10015000900	29.03.1979	männlich	0.91
PL10817461	07.03.1994	männlich	0.87
NI10017082211	21.02.1982	weiblich	0.86
NI10018000873	23.01.1978	männlich	0.82
NI10018040039	01.01.1974	weiblich	0.82
CZ10001005110D	01.11.1999	männlich	0.82
TH1009395646	25.02.1995	weiblich	0.79
NI10006085551	16.02.1985	weiblich	0.76
PL10817004077	22.02.1996	männlich	0.73
NI10015000761	27.01.1977	weiblich	0.71
TH100013013	07.04.1993	weiblich	0.70
TH10091976106	04.02.1997	weiblich	0.69
PL10817000792	28.02.1997	männlich	0.67
PL10817003491D	27.02.1991	männlich	0.65
NI10015005100	01.01.1975	weiblich	0.64

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
NI10015000844	14.02.1978	männlich	0.64
TH1009395653	18.02.1995	weiblich	0.60
TH1009197684	18.02.1997	weiblich	0.60
NI10015081128	28.02.1981	weiblich	0.56
NI10004751	28.12.1996	männlich	0.56
TH1009192055	01.01.1992	weiblich	0.56
TH1009395650	28.02.1995	weiblich	0.53
TH1009395656	20.02.1995	weiblich	0.53
TH1009196384	11.07.1996	weiblich	0.53
NI10004081132	01.01.1981	weiblich	0.51

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 21 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, $f_a = 56$ weist bei den Leineschafen ebenso auf die Überschätzung von Ne hin. Ebenso wie bei den Foundertieren sind einige sehr dominante Ahnen in der Population festzustellen (siehe Tabelle 21).

Der einflussreichste Founder und zugleich auch der dominanteste Ahne ist ein 1995 geborener Schafbock des LV Thüringer Schafzüchter mit einem Genanteil von ca. 5% in der aktiven Zuchtpopulation.

Anzahl effektiver Ahnen : 55

Tabelle 21: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
PL10817564	20.02.1995	männlich	5.1
SN10001096001D	07.04.1996	männlich	3.9
TH10091204911	13.02.2004	männlich	3.9
NI10004000904	07.01.1989	männlich	3.4
NI10017000904	04.01.1989	männlich	3.4
NI10017000768	07.03.1997	männlich	3.3
LG10001005933	15.02.1987	männlich	3.1

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
TH10093201904	16.12.2000	männlich	3.0
TH100939762	12.12.1996	männlich	2.6
NI10015000021	12.03.1980	männlich	2.4
TH10091200913	13.02.2000	männlich	2.3
PL10817569	24.02.1995	männlich	2.3
TH10093200905	11.12.1999	männlich	2.1

6.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 22 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern.
Mit ca. 2% mittlerer Verwandtschaft der 71 Vatertiere zu den 1940 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation liegt das Leineschaf ziemlich genau im Mittel über alle untersuchten Schafrassen. Die mittlere Verwandtschaft ist also nicht problematisch, allerdings sollte bei der Anpaarungsplanung der aufgelisteten Vatertiere darauf geachtet werden, dass sie nicht an ihre Geschwister oder andere eng verwandte Mutterschafe verpaart werden.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 1.95 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 71
Anzahl verfügbare Mütter: 1940

Tabelle 22: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE011610008932	3.91	3.17	58.20	827	94
DE011610051047	2.25	3.03	53.03	1161	38
DE011610008953	3.13	2.93	53.13	1044	61
DE011610009031	0.10	2.86	50.10	1270	62
DE010310595305	7.81	2.73	45.70	939	44
DE011610041238	2.34	2.63	36.13	921	11
DE011610041234	1.56	2.63	35.74	1002	11
DE011610041286	0.20	2.48	50.20	1055	47
SA10001001415	25.64	2.36	57.70	689	48
DE011610009116	0.00	2.17	51.95	1187	25
DE010310660569	0.94	2.16	54.16	689	51

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE010310860012	0.00	2.11	33.13	1637	2
DE011509999126	0.23	2.10	51.42	689	48
DE010310619082	6.25	2.07	31.25	678	12
DE011610022936	0.00	2.06	50.39	967	17
DE010310619084	0.00	1.88	34.38	951	12
DE010310073687	1.97	1.86	35.30	689	39
DE010310860011	0.00	1.84	32.32	1637	3
DE011610022919	0.00	1.80	50.78	1199	22
DE010310739244	1.02	1.75	51.30	689	8
DE010310340780	1.45	1.66	51.92	1025	12
DE010310889812	0.44	1.66	51.20	689	40
DE010310337135	2.50	1.60	37.93	1019	11
DE011610041405	0.39	1.57	50.44	1272	17
DE011400088709	0.00	1.57	37.50	714	11
DE011610008944	0.00	1.41	32.81	710	23
DE010310595155	0.00	1.19	50.00	1027	34
DE011400242971	15.63	1.15	65.63	761	26
DE010310461856	0.65	0.87	31.95	1019	8
DE011400111122	0.00	0.63	50.00	635	15

6.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist am unteren Limit für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e). Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt.

- Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen dürfte eher die Realität treffen.

- Nach diesen Zahlen wären züchterische Maßnahmen einzuplanen, um die genetische Variabilität in der Rasse gezielt zu erhalten. Hier wäre in erster Linie an den systematischen Austausch von Vatertieren zwischen Herden zu denken. Diese Vatertiere sollten jeweils eine möglichst niedrige Verwandtschaft zu den Mutterschafen in der Ziel-/Einsatzherde aufweisen.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- MERINOFLEISCHSCHAF -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

Service & Daten aus einer Quelle

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **6**

2.1 Leistungsprüfungen 7

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 7

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 9

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 10

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 10

2.3 Zuchtwertschätzung 11

2.4 Selektion 11

3 Rassebeschreibung **12**

3.1 Zuchtziel 12

4 anerkannte Züchtervereinigungen **12**

5 Informationen aus dem Herdbuch **13**

5.1 Verteilung auf Verbände 14

5.2 Herdenstruktur 15

5.3 Kennzahlen der Zucht 16

6 Populationsanalyse **20**

6.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 20

6.2 Pedigree-Vollständigkeit 22

6.3 Genanteile 26

6.4 Mittleres Generationsintervall 27

6.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 28

6.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 32

6.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 34

6.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 35

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 15

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 25

3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 30

4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Merinofleischschaf) 31

Tabellenverzeichnis

1 Leistungsspektrum . . . 12
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände . . . 14
3 Verteilung der Tiere auf Regionen . . . 14
4 Anzahl Herden in den Verbänden . . . 15
5 Verteilung der Herden auf Regionen . . . 15
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen . . . 16
7 Entwicklung der Zucht . . . 16
8 Entwicklung der Stationsprüfungen . . . 17
9 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen . . . 19
10 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht . . . 20
11 Verteilung auf Verbände . . . 21
12 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) . . . 22
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) . . . 24
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (6527 Tiere) . . . 26
15 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (2002 Tiere) . . . 26
16 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage . . . 27
17 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage . . . 27
18 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden . . . 28
19 Kennzahlen zu Foundertieren . . . 32
20 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) . . . 33
21 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 34
22 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren . . . 35

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(nach Dr. Regina Walther, 2012)

Das Merinofleischschaf gehört, wie es der Name bereits sagt, zu den Merinoschafen. Diese waren ursprünglich in Spanien beheimatet und ihren Namen sollen sie vom Berber – Stamm der Ber–Merines erhalten haben, der im 12. Jahrhundert von Nordafrika nach Spanien zog und die Vorfahren der Merinoschafe – westasiatische Wollschafe – mit sich brachte. Bedingt durch die klimatischen und wirtschaftlichen Verhältnisse konnte sich die Merinozucht in Spanien zur Hochkultur der Feinwollzucht entwickeln. Das Merinofleischschaf gehört damit zu den feinwolligen Merinoschafen. Der Zusatz Fleisch weist auf den Charakter des Zweinutzungstypes von Wolle und Fleisch hin.

Kulturhistorisch betrachtet gab es bis in das 18. Jahrhundert hinein im wesentlichen zwei Länder, die sich durch ihre fein- und langwolligen Schafe auszeichneten, England und Spanien. Beide Länder belieferten den europäischen Kontinent mit Wolle und Wollprodukten. Vom 13. bis zum 18. Jahrhundert stand die Merinozucht unter dem Schutz der spanischen Könige, die auf ein Ausfuhrverbot für Zuchttiere bestanden. Erst 1751 wurde dieses Verbot aufgehoben und Spanien ging das europäische Wollmonopol verloren. Denn bis in den kleinsten Feudalstaat in Europa wurden spanische Merinoböcke zur Verbesserung der heimischen Schafe eingesetzt.

1748 erfolgte der erste Export spanischer Merinoschafe nach Preußen, diese Tiere konnten infolge mangelnder Kenntnisse bezüglich Fütterung und Haltung jedoch nicht überleben. Erst das Geschenk an den Kurfürsten von Sachsen im Jahr 1765 öffnete den Weg für eine erfolgreiche Feinwollzucht in ganz Europa. Dieses Jahr wird auch als Geburtsstunde für eine zielstrebige Schafzucht bezeichnet, die das Zeitalter des „Goldenen Vlieses“ einleitete. Dieses Aufblühen der sächsischen Schafzucht, wurde zu Ehren des Kurfürsten „Elektoralzucht“ genannt. Weitere Tiere gelangten 1783 nach Preußen, 1786 nach Württemberg und 1802 nach Bayern.

Einen besonders nachhaltigen Einfluss auf die züchterische Entwicklung der Merinozucht ist Albrecht Daniel Thaer zuzuschreiben, der 1823 auf dem Wollkonvent der Leipziger Wollmesse die Grundsätze zur Zuchtarbeit, zu Problemen des Wollhandels und zu Bekämpfungsmethoden von Schafkrankheiten formulierte.

Im historischen Rückblick zeigt sich, dass sich die Merinozucht immer den wirtschaftlichen Bedingungen unterordnete und anpasste. So wurde je nach Verwendungszweck in Tuch-, Stoff- und Kammwollschafe unterteilt. Tuch- und Kammwollschafe unterschieden sich vor allem in Feinheit und Stapellänge – die Wollproduktion stand im Vordergrund, die Fleischleistung wurde vernachlässigt. Dies sollte sich bitter rächen.

Bereits 1856 veröffentliche Herrmann von Nathusius „Ansichten und Erfahrungen über die Zucht von Schafen zum Zweck der Fleischproduktion“. Nathusius und Rudolph Behmer betrieben bereits ab 1860 die Zucht eines Merino- Fleischschafes in Hundisburg, ein Name der für die Merinofleischschafzucht in Deutschland steht.

Durch die Einfuhr billigerer Überseewollen sanken im Jahr 1880 die Wollpreise, die Entwicklung der Landwirtschaft hinsichtlich Ackerbau sowie die stärkere Betonung der Rinder- und Schweinezucht, der Entwicklung der Seiden-, Baumwoll- und Kunstfaserindustrie taten ein Übriges um der Wirtschaftlichkeit der Schafhaltung nachhaltig zu schaden.

In Frankreich und England, wo von jeher der Schaffleischproduktion starke Beachtung geschenkt worden war, entstand auf dem Weg der Kombinationszucht das Kammwollschaf. Drei Typen dieser Zuchtrichtung verbesserten von 1862 an die Fleischleistung der Merino-

schafe in Deutschland.

So wurde Im Jahre 1903 im Ergebnis einer Kombinationszüchtung auf der DLG- Ausstellung das „Deutsche Merinofleischschaf„ anerkannt. Es wurde der Zweinutzungstyp Wolle – Fleisch geschaffen. Das Merinofleischschaf etablierte sich in den Ackerbaugebieten östlich und westlich der Elbe zu der bestimmenden Rasse.

Nach dem zweiten Weltkrieg wurde das Merinofleischschaf in der DDR in der Zuchtrichtung Wolle / Fleisch gezüchtet. Mit 72 % am Herdenbestand stellte diese Rasse den Hauptteil des Schafbestandes.

In der Bundesrepublik Deutschland richtete sich die Zucht entsprechend den Marktbedingungen hauptsächlich auf die Verbesserung der Fleischleistung und der Fruchtbarkeit aus. Merinofleischschafe wurden in viele Staaten zur Verbesserung der einheimischen Population exportiert. Hauptzuchtgebiet war Niedersachsen. Somit wurden zwei unterschiedliche Rassetypen in Ost und West gehalten.

Nach der Wiedervereinigung wurde bereits 1992 ein gemeinsames Zuchtziel für verbindlich erklärt, in dem die Mast- und Schlachtleistung der Lämmer und die Fleischleistung dominiert, den Bestandsrückgang konnte die Umzüchtung jedoch nicht aufhalten.

Unter den gegebenen marktwirtschaftlichen Anforderungen gibt es hinsichtlich der Fleischproduktion effektivere Rassen, hinsichtlich der Kombination Feinwolle – Fruchtbarkeit – Fleischqualität ist das Merinofleischschaf unschlagbar. Verbreitet ist das Merinofleischschaf gegenwärtig in Niedersachsen, Brandenburg, Sachsen sowie dem Hauptzuchtgebiet Sachsen-Anhalt. Kleinere Zuchttierbestände sind in Bayern und Baden- Württemberg zu finden. Festzuhalten bleibt, das Merinofleischschaf gehört heute zu den bedrohten Schafrassen, dessen Erhalt nicht nur aus kulturhistorischer Sicht notwendig ist.

Das Merinofleischschaf muss wirtschaftlich eingebunden sein, die hohe Fruchtbarkeit und die Asonalität sind ein Vorzug gegenüber den spezialisierten Fleischschafrassen. Das Merinofleischschaf liefert marktfähige Schlachtkörper und Feinwolle, durch dieses Schaf werden wertvolle Aufgaben in der Landschaftspflege und in der Grünlandnutzung erfüllt - Erhalt durch Nutzung - muss die Zielstellung sein und dient der Bereicherung der genetischen Vielfalt.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 6.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 5.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht
- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt. Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssystem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 5.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Das Merinofleischschaf ist ein mittelgroßes bis großes Schaf mit guter Fruchtbarkeit und betonter Fleischleistung. Es ist besonders geeignet für futterwüchsige Böden in Acker- und Grünlandgebieten. Der Kopf mit ausgeprägtem Geschlechtstyp ist mittelgroß, breit und bis zur Augenlinie bewollt. Die Mutterschafe sind hornlos. Bei den Böcken werden auftretende Hornstummel toleriert. Der Körper zeichnet sich durch eine tiefe, breite Brust, Rumpfigkeit, einen langen, festen und gut bemuskelten Rücken, ein breites, nicht abfallendes Becken und volle Innen- und Außenkeulen aus. Das Fundament ist korrekt gestellt, trocken mit straffen Fesseln. Die feine, weiße Wolle hat Merinocharakter mit möglichst ausgeglichener Feinheit von A - AB (22 - 28 Mikron). Hautfalten sind unerwünscht.

Tabelle 1: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	110-140	6,0-8,0		75-95	85-105
Jährlinge	80-120	5,0-7,0		70-90	80-100
Lammböcke	50-75	3,5-6,0			
Mutterschaf	70-85	4,0-6,0	150-200	70-85	75-95
Zuchtlämmer	40-60	3,5-6,0			

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Mastlämmern im Bereich von 350 - 450 g, die Schlachtausbeute beträgt bei einem handelsüblichen Lebendgewicht von 42 kg 48 bis 50 %.

3.1 Zuchtziel

Das Merinofleischschaf eignet sich für die Hüte-, Koppel- und Stallhaltung. Es liefert beste Schlachtkörper. Züchtung eines mittelgroßen bis großen Schafes im Zweinutzungstyp Fleisch-Wolle mit betonter Fleischleistung, hoher saisonunabhängiger Fruchtbarkeit, guter Futterverwertung und guter Konstitution. Das Merinofleischschaf soll gut gekräuselte, ausgeglichene, feine, reinweiße Merinowolle erzeugen.

4 anerkannte Züchtervereinigungen

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.
Haydnstraße 11
80336 München
Tel.: 089 / 53 62 27
Email: bhg-schafzucht@t-online.de
www.bhg-schafzucht.de

Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 0711/16655-40
Email: Wohlfarth@schaf-bw.de
www.schaf-bw.de

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/329777
Email: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de
schafzucht-niedersachsen.de

Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.
Angerstr. 6
06118 Halle
Tel.: 0345/5214941
Email: roesler@lkv-st.de

Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431/332608
Email: info@schafzucht-kiel.de
www.schafzucht-kiel.de

Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.
Ostende 5
04288 Leipzig
Tel.: 034297/919651
Email: sszv leipzig@sszv.de
www.sszv.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

5 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen

Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

5.1 Verteilung auf Verbände

Im Wesentlichen entstammen die Elterntiere der Merinofleischschafzucht den vier Verbänden LSV Sachsen-Anhalt, LSV Niedersachsen, Berlin-Brandenburg und SSZV(Sachsen), wobei der erstgenannte Verband eindeutig dominiert (siehe 2) Demzufolge lässt sich auch eine starke Konzentration der Zucht auf die Regionen mit der Postleitzahlen beginnend mit 0 und 3 feststellen (siehe Tabelle 1 und Abbildung 1).

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
LSV Baden-Württemberg e.V.	7	31
BHG	2	62
Berlin-Brandenburg	29	553
SSZV (Sachsen)	18	701
LSV Niedersachsen	15	527
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	58	4481
Gesamt(Alle Verbände)	133	6360

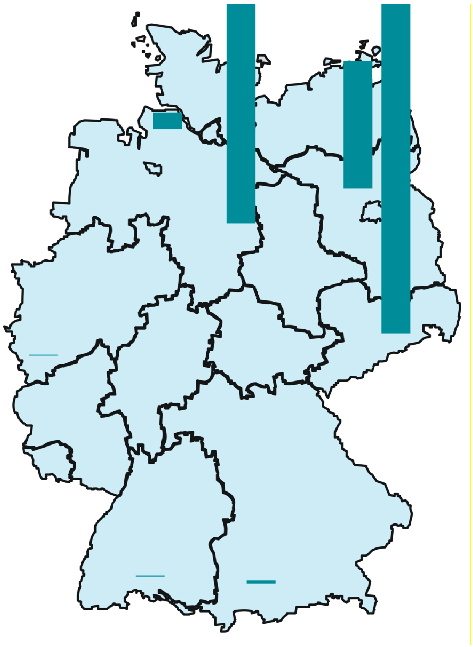
[a]für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
4522	0
685	1
95	2
3235	3
6	5
8	7
20	8
1	9

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



5.2 Herdenstruktur

Ca. 50% der Herden sind in den Verbänden Sachsen-Anhalt und Berlin-Brandenburg anzutreffen, die somit auch den regionalen Schwerpunkt bilden (vergl. Tabellen 4 und 5)

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	LSV Baden-Württemberg e.V
2	BHG
8	LSV Niedersachsen
8	SSZV (Sachsen)
15	LSV Sachsen-Anhalt e.V.
17	Berlin-Brandenburg
51	gesamt

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
21	0
7	1
2	2
16	3
1	7
2	8
49	gesamt

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Bezüglich der Herdengrössen sind vornehmlich kleinere Herden mit bis zu 20 Tieren und in gleichem Masse Herden mit mehr als 100 Zuchttieren anzutreffen (siehe Tabelle 6).

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
13	1 bis 9
11	10 bis 19
2	20 bis 29
3	30 bis 39
2	40 bis 49
2	50 bis 59
1	80 bis 89
21	100 und mehr

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

5.3 Kennzahlen der Zucht

Die Anzahl der Ablammungen in Tabelle 7 weist z.T. grosse Schwankungen auf, die sich aber stets im gleichen Rahmen bewegen und nicht unter 3000 Ablammungen abrutschen. Die Remontierungen im Bereich Körungen und Herdbuchbaufnahmen sind in den letzten 3 Jahren relativ gleichbleibend. Im Bereich der Leistungsprüfung auf Fleischleistung ist ein Anstieg der Tierzahlen bei den Feldprüfungen zu verzeichnen.

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	5823	8252	138	22	1104
2001	5648	8051	108	21	907
2002	4322	6490	131	28	936
2003	4635	7265	185	36	599
2004	4300	6831	170	43	691
2005	3746	6138	136	24	494
2006	3557	5676	106	31	355
2007	3041	5066	403	27	2776
2008	5604	8553	497	46	1961
2009	5336	8305	370	51	1669
2010	5643	8738	354	61	1489
2011	4846	7401	582	60	1713
2012	2809	4419	653	42	784

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Daneben spielt in der Leistungsprüfung insbesondere in den Verbänden Sachsen-Anhalt, Sachsen und Berlin-Brandenburg die Stationsprüfung eine wichtige Rolle, wobei eine stark abnehmende Tendenz festzustellen ist (vergl. Tabelle Entwicklung der Stationspruefungen). In den letzen Jahren wurde noch 12 Nachkommengruppen geprüft.

Tabelle 8: Entwicklung der Stationsprüfungen

Prüfjahr	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011
Groß Kreutz												
Anzahl Prüfkandidaten	45	60	8	15	8	8	23	7	16	-	19	48
Anzahl Prüfgruppen	5	7	1	2	1	1	3	1	2	-	3	3
Anzahl geprüfte Väter	5	7	1	2	1	1	3	1	2	-	3	3
Iden												
Anzahl Prüfkandidaten	127	88	124	63	84	57	80	45	69	66	46	25
Anzahl geprüfte Väter	16	11	15	8	11	7	10	6	9	9	6	3
Anzahl Prüfgruppen	16	11	15	8	11	7	10	6	9	9	6	3
Köllitsch												
Anzahl Prüfkandidaten	-	34	52	33	27	18	18	24	38	25	25	56
Anzahl geprüfte Väter	-	4	6	4	3	2	2	3	5	3	3	6
Anzahl Prüfgruppen	-	4	6	4	3	2	2	3	5	3	3	6
Marbach												
Anzahl Prüfkandidaten	-	-	-	-	-	4	-	-	-	-	-	-
Anzahl geprüfte Väter	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-
Anzahl Prüfgruppen	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-
Rohrsen												
Anzahl Prüfkandidaten	77	31	37	23	56	39	8	8	-	-	-	-
Anzahl geprüfte Väter	10	4	5	3	7	5	1	1	-	-	-	-
Anzahl Prüfgruppen	10	4	5	3	7	5	1	1	-	-	-	-
gesamt												
Anzahl Prüfkandidaten	249	213	221	134	175	126	129	84	123	91	90	129
Anzahl geprüfte Väter	31	26	27	17	22	16	16	11	16	12	12	12
Anzahl Prüfgruppen	31	26	27	17	22	16	16	11	16	12	12	12

Mit Beginn des TSE-Resistenzuchtprogramms können hohe Untersuchungszahlen festgestellt werden (siehe Tabelle 9). In den jüngeren Jahrgängen ist ein starker Rückgang der Untersuchungsdichte zu verzeichnen. Ein Grund für den Rückgang ist sicherlich in der erfolgreichen Umsetzung des TSE-Resistenzuchtprogramms zu sehen (vergl. Abschnitt 2.2 auf Seite 10).

Tabelle 9: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	334	24.0	80	47.3	158	11.7	39	-	-	4.5	15	8.4	28
2001	418	23.9	100	38.5	161	17.5	73	-	-	2.9	12	11.7	49
2002	289	31.5	91	43.6	126	15.2	44	-	-	3.8	11	5.2	15
2003	461	36.7	169	43.2	199	7.4	34	0.2	1	3.3	15	7.8	36
2004	207	45.9	95	34.8	72	13.0	27	-	-	0.5	1	4.3	9
2005	140	50.7	71	32.1	45	11.4	16	-	-	0.7	1	2.1	3
2006	84	59.5	50	32.1	27	7.1	6	-	-	-	-	-	-
2007	60	50.0	30	40.0	24	8.3	5	-	-	-	-	-	-
2008	105	66.7	70	22.9	24	9.5	10	-	-	-	-	-	-
2009	78	66.7	52	25.6	20	7.7	6	-	-	-	-	-	-
2010	111	68.5	76	25.2	28	2.7	3	-	-	2.7	3	0.9	1
2011	50	80.0	40	16.0	8	2.0	1	-	-	-	-	-	-
2012	42	85.7	36	14.3	6	-	-	-	-	-	-	-	-

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6 Populationsanalyse

6.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 10 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 11 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die geborenen und registrierten Tiere der Rasse „Merinofleischschaf“ variieren erheblich von Jahr zu Jahr ohne gerichteten Trend. Aufgrund des Verhältnisses der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 10 kann davon ausgegangen werden, dass bei weitem nicht alle geborenen Lämmer in Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden. Aus Tabelle 11 ist eine Verteilung über alle Regionen in Deutschland ersichtlich. Die Rasse wird fast ausschließlich in Sachsen-Anhalt, Sachsen und Niedersachsen gehalten.

Tabelle 10: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	1.692	2.606
1991	2.282	3.167
1992	2.626	3.925
1993	3.309	4.477
1994	3.085	3.992
1995	4.027	5.325
1996	3.896	4.531
1997	4.151	5.100
1998	3.655	4.120
1999	3.713	4.219
2000	3.986	4.398
2001	3.856	4.394
2002	3.292	3.650
2003	3.648	4.123
2004	3.447	3.952
2005	3.191	3.572
2006	2.873	3.564
2007	2.516	3.294
2008	4.221	5.002
2009	4.018	5.079
2010	4.142	4.534
2011	2.644	2.668

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 12 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge

vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 12 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet. Laut Tabelle 12 leben von 123 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 97 und von 5.565 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 4.676. 97 noch lebende Schafböcke und 4.676 noch lebende Mutterschafe der Geburtsjahrgänge 2005 – 2010 bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring des Merinofleischschafes.

Tabelle 11: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
LSV Baden-Württemberg e.V.	88
LSV Niedersachsen	4.471
SSZV (Sachsen)	10.358
Berlin-Brandenburg	2.416
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	19.545
BHG	1.821

Tabelle 12: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	3.191	3.572	19	939	10	582
2006	2.873	3.564	27	1.159	23	924
2007	2.516	3.294	21	1.116	14	942
2008	4.221	5.002	33	1.369	28	1.277
2009	4.018	5.079	19	883	18	852
2010	4.142	4.534	4	99	4	99
Gesamt	20.961	25.045	123	5.565	97	4.676

6.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \quad (1)$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \quad (2)$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 13 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 14 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 13 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 14 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 15 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 15 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 95 von 97 Böcken (=98%) und 1.907 von 4.676 Mutterschafen (=41%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Die Pedigreevollständigkeit bei den männlichen Tieren ist also sehr gut, bei den weiblichen Tieren aber sehr schlecht und muss - wie die Ergebnisse des Monitorings in den späteren Schnitten zeigen – als nicht ausreichend bezeichnet werden. Die verbleibende Monitoring Population C der Merinofleischschafe umfasst dann noch 5.527 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Im Maximum sind bis zu 11 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert.

Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	12	0.08	24	0.05
1981	13	0.23	29	0.06
1982	8	0.20	35	0.08
1983	9	0.23	54	0.20
1984	12	0.24	36	0.25
1985	13	0.31	44	0.26
1986	15	0.27	49	0.26
1987	12	0.17	68	0.21
1988	25	0.28	116	0.19
1989	16	0.28	155	0.17
1990	35	0.19	124	0.19
1991	25	0.24	102	0.15
1992	35	0.30	159	0.29
1993	34	0.35	170	0.22
1994	34	0.35	136	0.28
1995	23	0.49	227	0.28
1996	27	0.58	164	0.44
1997	24	0.42	253	0.49
1998	37	0.50	185	0.57
1999	24	0.61	198	0.61
2000	19	0.59	253	0.63
2001	22	0.78	282	0.69
2002	25	0.75	221	0.71
2003	24	0.82	300	0.80
2004	25	0.75	197	0.83
2005	18	0.93	281	0.87
2006	28	0.93	443	0.89
2007	18	0.94	430	0.92
2008	29	0.94	619	0.95
2009	17	0.96	304	0.96
2010	4	0.98	51	0.95

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

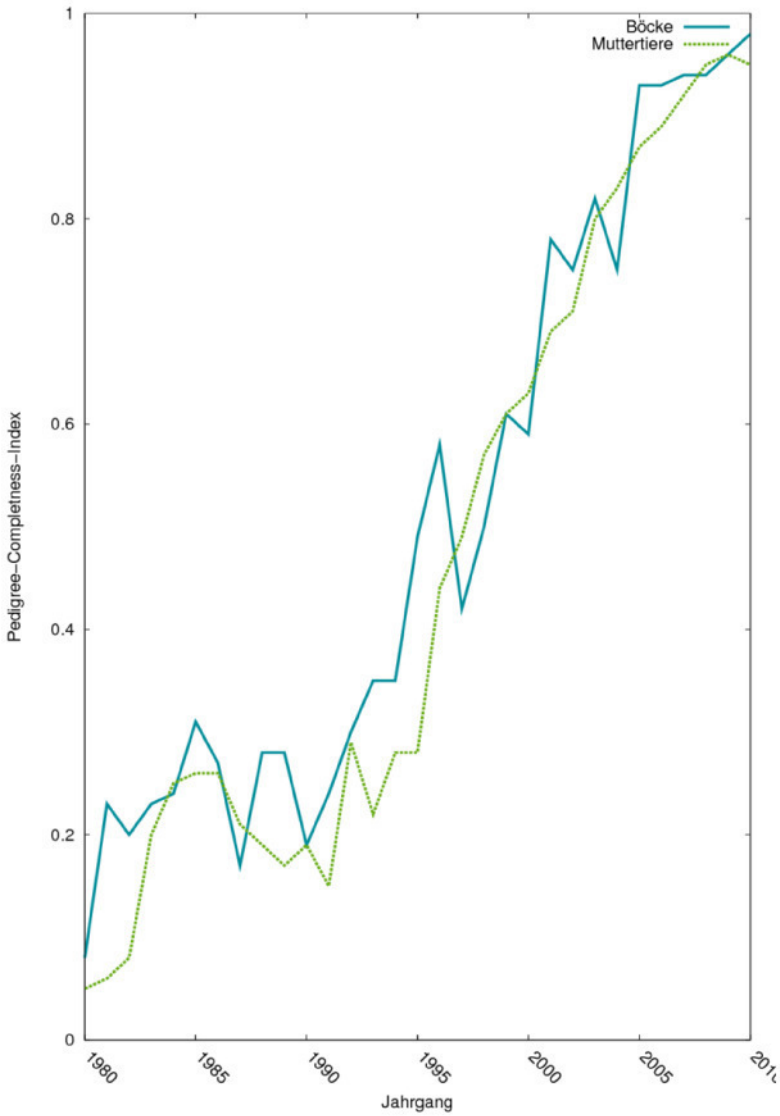


Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (6527 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	95	0.94	1907	0.94
2	96	0.83	1231	0.75
3	135	0.53	947	0.53
4	129	0.38	762	0.30
5	97	0.26	488	0.23
6	71	0.25	256	0.18
7	35	0.19	151	0.12
8	25	0.07	61	0.05
9	8	0.14	23	0.02
10	1	0.00	8	0.00
11	0	0.00	1	0.00
Gesamt	692		5835	

Tabelle 15: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (2002 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	10	0.94	196	0.91
2006	23	0.93	354	0.92
2007	14	0.94	390	0.93
2008	27	0.94	612	0.95
2009	17	0.96	304	0.96
2010	4	0.98	51	0.95
Gesamt	95		1907	

6.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung

von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 16 und die Muttertiere (Tabelle 17) ausgewiesen.Da so gut wie keine fremdrassigen Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern des Merinofleischschafes registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) nur ein Fremdgenanteil von weniger als 1% festzustellen. Hier sind u.a. sehr geringe Anteile von Tieren der Rassen Merinolandschaf, Charollais und Ile de France zu finden.

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Merinofleischschaf	sonstige	unbekannt
2005	10	3.30	100.00	0.00	0.00
2006	23	1.21	100.00	0.00	0.00
2007	14	1.05	100.00	0.00	0.00
2008	27	0.84	99.54	0.46	0.00
2009	17	0.81	98.53	1.47	0.00
2010	4	6.00	100.00	0.00	0.00
Ges.	95	1.43	99.61	0.39	0.00

Tabelle 17: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Merinofleischschaf	sonstige	unbekannt
2005	196	1.82	99.36	0.64	0.00
2006	354	1.55	99.36	0.64	0.00
2007	390	1.45	99.39	0.61	0.00
2008	612	1.52	99.18	0.82	0.00
2009	304	2.05	99.06	0.94	0.00
2010	51	2.35	96.94	3.06	0.00
Ges.	1907	1.65	99.20	0.80	0.00

6.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 18 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Auf der Vaterseite ist das Generationsintervall um fast ein Jahre kürzer als auf der Mutterseite, dies gilt für die Väter/Mütter der Böcke und der Mutterschafe. Insgesamt ergibt sich für das Merinofleischschaf ein mittleres Generationsintervall von 3,99 Jahre. Damit liegt das mittlere Generationsintervall erheblich über dem Mittel über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre). Vor allem die Mütter sind wesentlich älter als in anderen Rassen.

Tabelle 18: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	95	3.50
Mutter auf Vater	95	4.58
Vater auf Mutter	1.907	3.52
Mutter auf Mutter	1.907	4.35

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.99 Jahre

6.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter

(mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 6.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

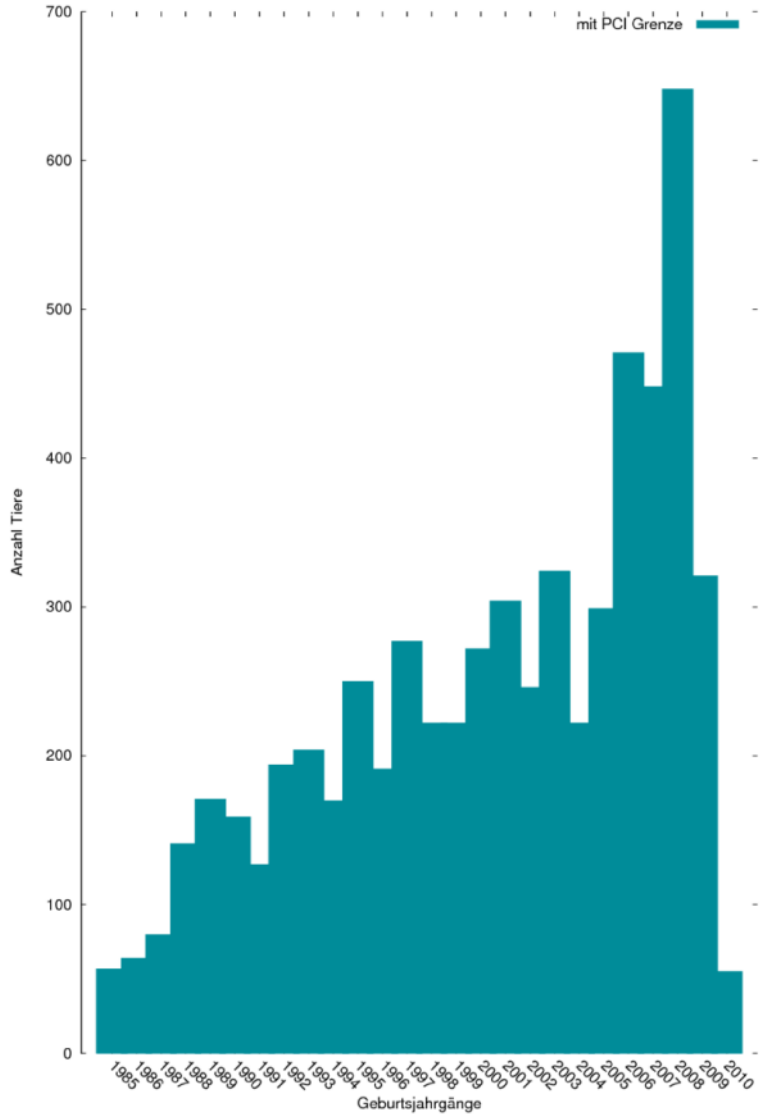
Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 6.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation

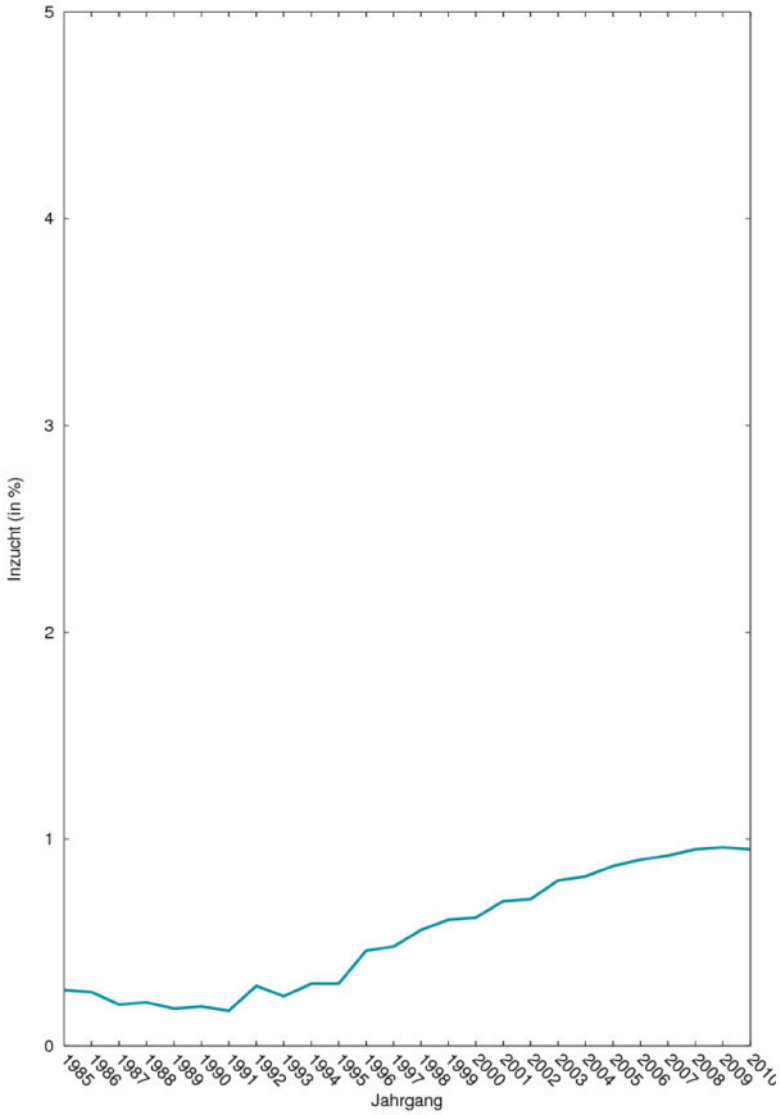
Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation



(C) einbezogen, die einen PCI $> 0{,}70$ unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $> 0{,}70$ der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen bei vielen Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann beim Merinofleischschaf auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden. Daher resultiert ein weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von $N_e = 351$. Aufgrund der unzulänglichen Daten scheint die beschriebene Methodik bei der vorliegenden Population bzw. Datengrundlage nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Merinofleischschaf)



Mittl. Generationsintervall : 3.99 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 350.98

6.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 19 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 20 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 228, berechnet aus 756 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 19, dürfte aufgrund der vorliegenden Datenstruktur ebenfalls keine stichhaltige Maßzahl sein, um die genetische Diversität in der Rasse zu beschreiben. Lt. Tabelle 20 hat kein Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation.

Tabelle 19: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	756	201	366
Anzahl effektive Foundertiere	228		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 21 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, $f_a = 71$, dürfte der Realität näher kommen, ist aber aufgrund der vorliegenden Datengrundlage auch vorsichtig zu interpretieren. Es sind nur 6 dominante Ahnen (>2% Genanteil) in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 21). Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen zwar auf eine noch breite genetische Variabilität in der Rasse hin, sind jedoch aufgrund der wahrscheinlich nicht vollständig registrierten Abstammungen vorsichtig zu interpretieren.

Tabelle 20: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
NI01002083359	29.04.1983	weiblich	1.72
NI01008080013	24.04.1980	weiblich	1.63
NI01008083303	25.09.1982	weiblich	1.29
NI01014081102	20.07.1980	weiblich	1.24
SA01007002604	02.02.1992	weiblich	1.16
SA01023090140	05.03.1990	weiblich	1.09
NI01010000803	16.12.1989	männlich	1.02
NI01024000768	02.08.1976	weiblich	1.00
NI01031000238	02.01.1972	weiblich	0.93
NI01002081155	21.05.1981	weiblich	0.92
NI01015000319	19.01.1993	männlich	0.92
NI01010091108	06.12.1990	weiblich	0.90
NI01029082210	08.09.1981	weiblich	0.87
NI01002000460	07.06.1994	männlich	0.87
SA01007094410	09.02.1994	weiblich	0.87
ES01002008222	11.10.1998	männlich	0.83
NI01024000847	10.10.1977	weiblich	0.73
NI01002081106	21.10.1980	weiblich	0.72
NI01012000452	17.09.1993	männlich	0.70
NI01015080511	14.07.1977	männlich	0.69

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
NI01024000805	27.10.1977	weiblich	0.69
NI01025000511	26.07.1974	weiblich	0.69
SA01007000610	17.02.1996	männlich	0.68
SA01007000615	15.03.1990	weiblich	0.68
NI01024080237	27.07.1977	männlich	0.67
NI01024000237	14.07.1971	weiblich	0.67
NI01010090015	18.12.1989	weiblich	0.66
SA01060008064	14.05.1988	weiblich	0.66
MV01004007071	15.02.1992	männlich	0.64
NI01024000982	10.07.1978	weiblich	0.62
FR12001000046	12.10.1999	männlich	0.62
NI01024082223	04.04.1982	weiblich	0.61
NI01010089919	28.12.1988	weiblich	0.61
NI01024000934	18.07.1978	weiblich	0.61
NI01024000920	16.07.1978	weiblich	0.61
NI01010089903	20.11.1988	weiblich	0.61
SA01012009147	09.04.1989	weiblich	0.60
SA01012094103	26.12.1993	weiblich	0.60
NI01002000712	04.11.1976	weiblich	0.55
NI01002020801	25.10.1981	männlich	0.53
NI01002000801	03.08.1977	weiblich	0.53
SA01057006682	23.03.1990	männlich	0.53
SA01012004160	29.03.1988	männlich	0.52
SA01023091107	28.02.1991	weiblich	0.50

Anzahl effektiver Ahnen : 71

Tabelle 21: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
NI01004000242	15.10.2001	männlich	6.4
NI01008000918	29.09.1998	männlich	3.9
SA01040021110	02.01.2001	männlich	3.6
NI01002000359	13.04.1990	männlich	3.2
NI01012000913	04.08.1998	männlich	2.9
SA01007000508	23.01.1995	männlich	2.3

6.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 22 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte

Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (1,05%) der 97 Vatertiere zu den 4.676 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation wären sehr positiv zu beurteilen, d.h. es ist noch genügend genetische Variabilität vorhanden. Allerdings ist auch hier wiederum zu berücksichtigen, dass aufgrund der unvollständigen Abstammungsinformation die tatsächliche Verwandtschaft wahrscheinlich nicht korrekt ermittelt werden kann.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 1.05 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 97
Anzahl verfügbare Mütter: 4676

Tabelle 22: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
SA01070001814	0.51	1.93	50.60	2368	13
SA01060029950	0.05	1.44	32.21	2293	68
SA01060029953	0.41	1.39	50.41	2365	35
DE011400189783	0.81	1.30	32.05	2362	13
DE011210138240	0.05	1.18	53.18	2364	2
SA01050029978	0.37	1.17	31.33	2367	17
DE011500331964	0.07	1.15	32.13	2284	46
DE011400189916	12.50	1.15	39.45	2362	13
SA01070099461	0.15	1.08	50.25	2365	42
SA01042056565	0.05	1.05	50.05	2367	22
SA01042056563	0.04	1.04	50.04	2367	22
DE011400220109	0.01	1.02	28.49	2299	46
DE011400220110	0.01	1.02	28.88	2299	46
SA01050029980	0.27	0.99	50.86	2367	18
DE011400189596	0.00	0.96	32.03	2367	24
SA01070099480	0.18	0.94	50.18	2367	17
DE011500332606	6.64	0.94	56.84	2260	30
DE010310441480	3.66	0.76	54.66	2366	17
SA01042056564	0.26	0.72	33.78	2270	22
DE010310698356	0.06	0.70	31.77	2339	2
DE010310441450	2.18	0.66	52.66	2300	20
DE011210186022	0.00	0.19	50.10	2281	3
039327794502	0.00	0.00	0.00	0	0

6.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden::aufzaehlung:

Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist relativ über alle Schafrassen gesehen zwar gut, aber trotzdem für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) noch nicht ausreichend. Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt.

Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen entspricht besser der Realität, ist aber aufgrund der vorliegenden Datenstruktur auch unsicher geschätzt.

Nach diesen Zahlen ist noch genügend genetische Variabilität in der Rasse vorhanden, um auch in Zukunft bei entsprechendem Anpaarungsmanagement Inzucht zu vermeiden bzw. die Rasse züchterisch intensiv zu bearbeiten.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- MERINOLANDSCHAF -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

Service & Daten aus einer Quelle

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **6**

2.1 Leistungsprüfungen 7

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 7

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 9

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 10

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 10

2.3 Zuchtwertschätzung 11

2.4 Selektion 11

3 Rassebeschreibung **12**

3.1 Zuchtziel 12

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **12**

5 Rassedachverbände oder Vereine **15**

6 Informationen aus dem Herdbuch **15**

6.1 Verteilung auf Verbände 15

6.2 Herdenstruktur 17

6.3 Kennzahlen der Zucht 18

7 Populationsanalyse **24**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 24

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 26

7.3 Genanteile 30

7.4 Mittleres Generationsintervall 31

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 33

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 37

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 39

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 40

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 17

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 29
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 35
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Merinolandschaf) 36

Tabellenverzeichnis

1 Leistungsspektrum 12
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände 16
3 Verteilung der Tiere auf Regionen 16
4 Anzahl Herden in den Verbänden 17
5 Verteilung der Herden auf Regionen 18
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 18
7 Entwicklung der Zucht 19
8 Entwicklung der Stationsprüfungen 20
9 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 23
10 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 25
11 Verteilung auf Verbände 25
12 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 26
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 28
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (25319 Tiere) 30
15 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (7816 Tiere) 30
16 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 31
17 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 31
18 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 32
19 Kennzahlen zu Foundertieren 37
20 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 38
21 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 39
22 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 39

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(Christian Mendel, 2012)

Das Ursprungsgebiet des Merinolandschafs ist Süddeutschland. Die Ausgangspopulation ging auf drei Rassen zurück:

- das mischwollige Zaupelschaf
- weit bedeutender war das schlichtwollige Flämische oder niederrheinische Marschschaf
- das Merinoschaf, das aus Spanien und Frankreich ab Ende des 18. Jahrhunderts eingeführt wurden

Die eigentliche Entwicklung der Merinolandschafzucht begann im Jahr 1786 als Herzog Carl Eugen von Württemberg 104 feinwollige Merinoschafe aus Segovia in Spanien sowie aus Roussillon in Frankreich importierte. 1788 folgten weitere Importe durch den Markgrafen Christian Friedrich Carl Alexander von Ansbach, der spanische Merinos aus Lohmen bei Dresden nach Triesdorf brachte. Im gleichen Jahr wurden Merinos (46 Böcke und 48 Schafe) aus Spanien nach Pforzheim in Baden importiert.

Weitere Importe in den Folgejahren waren: 200 aus Xerena stammenden Merinos (Escurial) nach Baden, der Markgraf von Ansbach brachte 1790 aus den Herden des Don Perella Originaltiere aus Spanien nach Neusss bei Ansbach und Rothenhof, die kurfürstliche Schäferei Schleißheim von König Max Josef I. bezog 1802 die ersten reinen Merinos, denen in den Jahren 1808 bis 1812 weitere Einfuhren folgten. 1811 schenkte Napoleon I. seinem Stiefsohn, dem Großherzog von Würzburg, Ferdinand von Toskana, eine wertvolle Rambouilletherde. Max Schönleutner brachte 1815 eine „hochfeine“ Merinoherde (Escurials) nach Weihenstephan.

Das „Bastardschaf“ wird seit ca. 1850 in zwei Zuchtrichtungen gezüchtet:

- als Feinbastardschaf mit einer B-Wolle
- als Rauhbastardschaf mit einer C-Wolle.

Ab 1850 wurden ausgesprochene Fleischrassen aus England importiert. In Franken wurden vor allem Leicesterschafe aber auch Bergschafe im Bergamasker-Typ als Kreuzungsböcke benützt, die zum Entstehen der Rasse Frankenschaf führte. Im Jahr 1912 wurde in Bayern der Verband zur Züchtung des Frankenschaf, Gunzenhausen von der DLG als Zuchtverband anerkannt.

Der DLG-Unterausschuss für Landschafe beschließt 1915 die Bezeichnung „Württembergisches Landschaf“ anstelle des alten Namens „Bastardschaf“ zu verwenden. Von Württemberg aus hatten sich die Bastardschafe schon vor 1914 nach Elsass-Lothringen, Rheinland, Hessen-Nassau und Brandenburg verbreitet.

Durch Verdrängungskreuzung mit Böcken des Württemberger Schafes ist das Frankenschaf restlos im „Württemberger Schaf“ aufgegangen. Seit 1923 wird das Frankenschaf offiziell nicht mehr gezüchtet. Mit dieser Verdrängungskreuzung blieben trotzdem die guten Eigenschaften des Frankenschafes, wie Härte, Genügsamkeit, Gängigkeit erhalten.

Bis 1924 wurden auch Merinofleischschafböcke eingekreuzt. Seit 1926 wird die neue Rasse durch die Verbände Baden, Bayern und Württemberg nach völlig gleichen Grundsätzen und Verfahren gezüchtet mit dem Erfolg, dass eine völlige Vereinheitlichung der gesamten Rasse in Wolle und Körper erzielt werden konnte. Als größter Zuchterfolg der „Dreißiger Jahre“ gilt die weitgehend erreichte Vereinheitlichung der Wollfeinheit im gesamten Zuchtgebiet.

Die Namensänderung in „Deutsches veredeltes Landschaf“ erfolgte für alle süddeutschen Verbände einheitlich im Jahr 1935, nachdem diese Rasse nicht mehr auf Württemberg beschränkt war, sondern sich in ganz Süddeutschland durchgesetzt hatte. Damit kam das großräumig stärker vereinheitlichte Zuchtziel zum Ausdruck.

Erst nach der ersten DLG-Schau nach dem Zweiten Weltkrieg in Frankfurt 1950 wurde die Rassebezeichnung „Merinolandschaf“ durchgesetzt, denn die ausländischen Interessenten konnten mit der alten Rassebezeichnung nichts anfangen. Für sie war das Merinoschaf und die Merinowolle ein Begriff. Es gelang während der 200-jährigen Zuchtarbeit, den Charakter der weltbekannten Merinowolle mit den geringen Haltungsansprüchen der Landschafe genetisch zu kombinieren und zu festigen.

Gewaltige Fortschritte hinsichtlich Körperform und Typentwicklung wurden in den Jahrzehnten vor 1945 und besonders nach dem Zweiten Weltkrieg gemacht. Infolge der Liberalisierung des Wollmarktes ab 1950 fielen die Wollpreise rapide und die Fleischpreise verbesserten sich. Dies hatte Auswirkungen auf das Zuchtziel. Es wurde eine rasche und tief greifende Typumstellung zum Zweinutzungsschaf notwendig. Der sog. „Wirtschaftstyp“, ein tiefes, gut bemuskeltes Tier wurde gefordert, ein Schaf mit hoher Mast- und Schlachtleistung.

Heute ist das Merinolandschaf die wichtigste deutsche Schafrasse. Anfang Juli treffen sich die Rassevertreter und Zuchtleiter der Zuchtverbände aus Süd- und Ostdeutschland zur jährlichen Rasseausschusssitzung in Würzburg. Dort werden die wesentlichen züchterischen Beschlüsse gefasst. Züchterischer Höhepunkt ist die gemeinsame Eliteveranstaltung am Anfang des Jahres, die im jährlichen Turnus zwischen Baden-Württemberg und Bayern wechselt. Im Jahr 2012 wurde sie bereits zum 45. Mal abgehalten.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht
- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt. Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssystem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Ein mittelgroßes bis rahmiges weißes Schaf mit keilförmigem, langem Kopf, mit typischem Wollschopf (Schaupe) und breiten, leicht hängenden Ohren. Die Brust ist breit und genügend vorgeschoben. Die Mittelhand ist möglichst lang, mit straffem, breitem Rücken, guter Rippenwölbung und langen, tiefen Flanken. Die Hinterhand zeigt ein langes, breites Becken und gut befleischte Innen- und Außenkeulen, Hautfalten sind unerwünscht. Die weiße Wolle hat Merinocharakter mit einem Sortiment von AB - AB/B (26 - 28 Mikron).

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Mastlämmern im Bereich von 400 - 500 g, die Schlachtausbeute beträgt bei einem handelsüblichen Lebendgewicht von 42 kg 48 bis 50 %.

Tabelle 1: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	120-160	6,5-7,0		85-95	100-110
Jährlinge	90-120	6,0-7,0		80-90	95-105
Lammböcke	60-80				
Mutterschaf	70-100	4,0-5,0	150-200	70-85	80-100
Zuchtlämmer	50-60				

3.1 Zuchtziel

Widerstandsfähigkeit, Robustheit, wirtschaftliche Lammfleischerzeugung bei unterschiedlichen Produktionsintensitäten während des gesamten Jahres. Frohwüchsigkeit, hohe Mastleistung und Schlachtkörperqualität bei sehr guter Futterverwertung. Weide-, Marsch- und Pferchfähigkeit, beste Eignung zur Landschaftspflege bei Hüte- und Koppelhaltung. Hohe Fruchtbarkeit und Säugeleistung, asaisonale Brunst und gute Muttereigenschaften. Erstzulassung im Alter von 10 - 15 Monaten. Hautfalten, Pigmentflecken und Hörner sind unerwünscht. Typische Merinowolle.

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Merinolandschaf:

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.
Haydnstraße 11
80336 München
Tel.: 089 / 53 62 27
Email: bhg-schafzucht@t-online.de
www.bhg-schafzucht.de

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
Kölnische Str. 48 - 50
34117 Kassel
Tel.: 0561/16984
Email:
www.schafe-hessen.de

Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 0711/16655-40
Email: Wohlfarth@schaf-bw.de
www.schaf-bw.de

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/329777
Email: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de
schafzucht-niedersachsen.de

Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.
Angerstr. 6
06118 Halle
Tel.: 0345/5214941
Email: roesler@lkv-st.de

Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.
Dillinger Str. 67
66822 Lebach
Tel.: 06881/928-201
Email: anton.schmitt@lwk-saarland.de

Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.
Peter-Klöckner Str. 3
56073 Koblenz
Tel.: 0261/91593231
Email: rainer.wulff@lwk-rlp.de

Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.
Am Johannishof 3
99085 Erfurt
Tel.: 0361/7498070
Email: lv@thueringer-schafzucht.de
www.thueringer-schafzucht.de

Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.
Ostende 5
04288 Leipzig
Tel.: 034297/919651
Email: sszv leipzig@sszv.de
www.sszv.de

Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.
Bleichstr. 41
33102 Paderborn
Tel.: 05251-32561
Email: schafzuchtverband@lwk.nrw.de
www.schafzucht-nrw.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

Stader Schafzuchtverband e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/36654495
Email:

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Mit über 5000 Müttern stellt die BHG den Hauptanteil der Elterntiere. Mit jeweils 1700 Müttern sind auch die Verbände Thüringen und Baden-Württemberg bestimmend für die Merinolandschafzucht. Auf der Vaterseite sind BHG und der Schafzuchtverband Baden-Württemberg bestimmend. (siehe 2)

Regionale Schwerpunkte haben sich in den Postleitzahlbezirken 0,1,3 und besonders in der Region 9 gebildet (siehe Tabelle 1 und Abbildung 1)

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
LV Thür. Schafzüchter e.V.	12	1726
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	10	881
Berlin-Brandenburg	13	789
LSV Baden-Württemberg e.V.	201	1812
BHG	255	5332
SSZV (Sachsen)	6	462
Hessen	12	993
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	9	820
Saarland	3	88
LSV Niedersachsen	1	14
SZV NRW e.V.	1	36
Gesamt(Alle Verbände)	523	12953

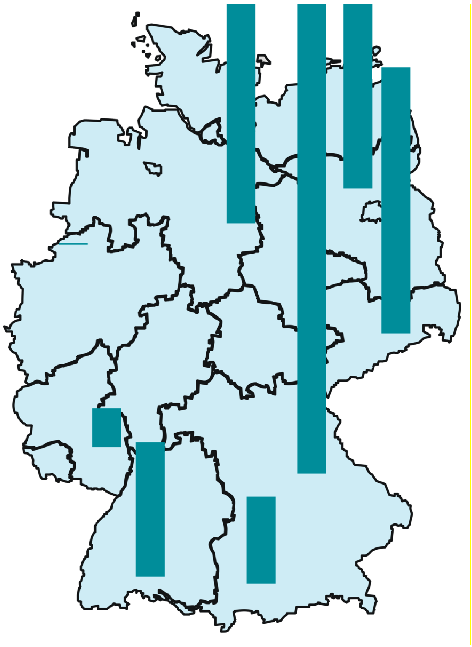
[a]für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
1417	0
1144	1
1467	3
10	4
221	6
775	7
526	8
3595	9

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



6.2 Herdenstruktur

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	LSV Niedersachsen
1	Saarland
2	SZV NRW e.V.
3	LSV Sachsen-Anhalt e.V.
3	SSZV (Sachsen)
4	Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz
6	Hessen
9	LV Thür. Schafzüchter e.V.
10	Berlin-Brandenburg
12	LSV Baden-Württemberg e.V.
27	BHG
78	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Fast 50% der Herden sind den Verbänden Bayern und Baden-Württemberg zugeordnet. In den Regionen 8 und 9 sind ebenfalls ca. 50% der Herden konzentriert (vergl. Tabellen 4 und 5).

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
7	0
2	1
8	3
1	4
6	6
8	7
15	8
30	9
77	gesamt

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Die Zuchtherden verteilen sich auf alle Grössenklassen, wobei Schwerpunkte in Bereich bis 20 und über 100 Tiere zu finden sind (siehe Tabelle 6).

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
15	1 bis 9
7	10 bis 19
6	20 bis 29
5	30 bis 39
3	40 bis 49
6	50 bis 59
3	60 bis 69
4	70 bis 79
4	80 bis 89
3	90 bis 99
22	100 und mehr

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

Die Zucht hat sich über die Jahre auf einer relativ stabilen Grössenordnung gehalten. Die Zahl der Ablammungen nach 2009 deuten einen negativen Trend an, der sich aber nicht in den Zahlen zu Körungen, Herdbuchaufnahmen und Feldprüfungen widerspiegelt (siehe 7)

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	13733	17954	2356	122	1420
2001	13315	17530	2022	145	1260
2002	12604	16950	2165	181	1459
2003	13232	17497	2478	183	1959
2004	13678	18351	2174	210	1755
2005	13051	17958	2134	157	1639
2006	12846	17288	2343	194	1345
2007	14594	18455	2543	138	1779
2008	12936	16614	2117	287	2490
2009	13407	18730	2543	342	2282
2010	11688	18603	2605	344	1981
2011	10534	17360	2286	382	2586
2012	4525	7615	1597	636	1543

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Die Stationsprüfung hat in der Merinolandschafzucht einen hohen Stellenwert. Über alle Prüfstation hält sich seit 2000 eine relativ stabile Prüfdichte von über 60 Böcken. Dominierend ist mit über 20 geprüften Böcken die bayrische Station in Grub gefolgt von Marbach, Neumühle und Schöndorf (vergl. Tabelle Entwicklung der Stationspruefungen).

Tabelle 8: Entwicklung der Stationsprüfungen

Prüfjahr	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011
Groß Kreutz												
Anzahl Prüfkandidaten	33	49	31	54	58	-	31	44	36	29	21	15
Anzahl Prüfgruppen	4	7	4	7	7	-	4	6	5	4	3	2
Anzahl geprüfte Väter	4	7	4	7	7	-	4	6	5	4	3	2
Grub												
Anzahl Prüfkandidaten	246	238	136	163	182	196	156	205	137	200	187	148
Anzahl geprüfte Väter	32	30	19	22	22	24	20	25	20	29	23	21
Anzahl Prüfgruppen	32	30	19	22	22	24	20	25	20	29	23	21
Iden												
Anzahl Prüfkandidaten	57	33	75	49	40	32	33	55	62	52	47	8
Anzahl geprüfte Väter	7	4	9	8	5	4	4	7	8	7	6	1
Anzahl Prüfgruppen	7	4	9	8	5	4	4	7	8	7	6	1
Köllitsch												
Anzahl Prüfkandidaten	-	16	16	24	30	16	8	32	24	-	-	8
Anzahl geprüfte Väter	-	2	2	3	4	2	1	4	3	-	-	1
Anzahl Prüfgruppen	-	2	2	3	4	2	1	4	3	-	-	1
Marbach												
Anzahl Prüfkandidaten	106	68	104	62	102	88	92	58	85	55	60	105
Anzahl geprüfte Väter	13	9	13	8	14	12	13	8	12	8	10	15
Anzahl Prüfgruppen	13	9	13	8	14	12	13	8	12	8	10	15
Neumühle												
Anzahl Prüfkandidaten	44	25	46	53	54	41	58	83	61	84	50	69
Anzahl geprüfte Väter	6	4	6	8	7	6	7	11	9	12	6	11
Anzahl Prüfgruppen	6	4	6	8	7	6	7	11	9	12	6	11

Weiter auf nächster Seite

Prüfjahr	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011
						Schöndorf						
Anzahl Prüfkandidaten	81	63	91	64	83	149	97	81	93	83	65	70
Anzahl geprüfte Väter	10	6	12	11	8	16	10	9	9	5	8	9
Anzahl Prüfgruppen	10	6	12	11	8	16	10	9	9	5	8	9
						gesamt						
Anzahl Prüfkandidaten	567	492	499	469	549	522	475	558	498	503	430	423
Anzahl geprüfte Väter	72	62	65	67	67	64	59	70	66	65	56	60
Anzahl Prüfgruppen	72	62	65	67	67	64	59	70	66	65	56	60

Mit Beginn des TSE-Resistenzuchtprogramms können hohe Untersuchungszahlen festgestellt werden (siehe Tabelle 9). In den jüngeren Jahrgängen ist ein starker Rückgang der Untersuchungsdichte zu verzeichnen. Ein Grund für den Rückgang ist sicherlich in der erfolgreichen Umsetzung des TSE-Resistenzuchtprogramms zu sehen (vergl. Abschnitt 2.2 auf Seite 10)

Tabelle 9: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	590	4.6	27	29.3	173	3.9	23	-	-	5.3	31	51.9	306
2001	950	4.0	38	30.4	289	4.6	44	-	-	4.4	42	49.5	470
2002	1451	5.2	75	40.5	587	3.9	57	-	-	4.3	63	37.1	538
2003	1565	13.7	214	50.0	782	5.4	85	-	-	3.6	56	24.3	381
2004	1352	16.9	229	51.3	693	5.9	80	-	-	2.8	38	21.2	286
2005	1010	21.9	221	52.6	531	6.9	70	-	-	0.4	4	16.6	168
2006	601	31.4	189	47.3	284	7.2	43	-	-	1.3	8	11.0	66
2007	653	36.8	240	46.6	304	6.1	40	-	-	0.6	4	8.1	53
2008	529	37.1	196	44.0	233	7.2	38	-	-	1.3	7	9.3	49
2009	521	39.5	206	40.3	210	5.6	29	-	-	0.2	1	9.0	47
2010	602	36.5	220	42.0	253	4.3	26	-	-	0.8	5	15.1	91
2011	371	43.7	162	39.4	146	3.2	12	-	-	-	-	11.6	43
2012	37	35.1	13	43.2	16	2.7	1	-	-	-	-	10.8	4

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 10 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 11 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die geborenen und registrierten Tiere der Rasse „Merinolandschaf“ steigen bis 1997 an und sind seither auf einigermaßen konstantem Niveau mit ca. 8.000 männlichen und ca. 10.0000 weiblichen Lämmern pro Jahr. Aufgrund des Verhältnisses der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 10 kann davon ausgegangen werden, dass bei weitem nicht alle geborenen männlichen Lämmer in Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden. Aus Tabelle 11 ist eine Verteilung über alle Regionen in Deutschland ersichtlich. Die Rasse wird hauptsächlich in Bayern gehalten, mit weitem Abstand folgen die Bundesländer Thüringen, Baden-Württemberg, Hessen Sachsen, Brandenburg Sachsen-Anhalt und Rheinland-Pfalz.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 12 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 12 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Laut Tabelle 12 leben von 362 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 236 und von 10.528 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 8.829. 236 noch lebende Schafböcke und 8.829 noch lebende Mutterschafe der Geburtsjahrgänge 2005 – 2010 bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring des Merinolandschafes.

Tabelle 10: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	5.547	7.041
1991	5.414	6.940
1992	5.764	7.890
1993	5.957	8.346
1994	5.919	8.489
1995	6.692	9.381
1996	6.739	9.837
1997	7.926	10.159
1998	8.144	10.696
1999	7.893	9.876
2000	8.698	10.308
2001	8.624	10.278
2002	8.111	10.005
2003	8.383	10.313
2004	9.012	10.301
2005	8.731	10.156
2006	8.377	9.635
2007	8.808	10.469
2008	7.959	9.290
2009	9.174	10.010
2010	9.060	9.453
2011	7.744	8.233

Tabelle 11: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	5.463
LSV Baden-Württemberg e.V.	6.621
LSV Niedersachsen	56
Weser-Ems	74
LV Thür. Schafzüchter e.V.	17.480
SSZV (Sachsen)	7.817
Berlin-Brandenburg	4.816
SZV NRW e.V.	896
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	4.378
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	3.042
Saarland	377
BHG	256.277

Tabelle 12: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	8.731	10.156	77	2.304	39	1.530
2006	8.377	9.635	71	2.050	40	1.609
2007	8.808	10.469	96	2.428	64	2.111
2008	7.959	9.290	61	1.866	41	1.746
2009	9.174	10.010	47	1.525	42	1.483
2010	9.060	9.453	10	355	10	350
Gesamt	52.109	59.013	362	10.528	236	8.829

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 13 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 14 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 13 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 14 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 15 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 15 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 207 von 236 Böcken (=88%) und 7.609 von 8.829 Mutterschafen (=86%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Die Pedigreevollständigkeit bei den männlichen Tieren und bei den weiblichen Tieren ist im Vergleich zu anderen Schafrassen als leicht überdurchschnittlich zu beurteilen. Die verbleibende Monitoring Population C der Merinolandschafe umfasst dann noch 25.319 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Im Maximum sind bis zu 16 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert.

Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	22	0.60	182	0.37
1981	29	0.53	166	0.35
1982	45	0.54	196	0.32
1983	37	0.45	260	0.35
1984	28	0.66	247	0.37
1985	41	0.55	288	0.42
1986	40	0.50	253	0.47
1987	40	0.49	235	0.52
1988	53	0.53	257	0.51
1989	39	0.55	439	0.44
1990	49	0.63	296	0.49
1991	46	0.55	361	0.56
1992	64	0.63	464	0.46
1993	55	0.70	551	0.44
1994	51	0.64	604	0.47
1995	76	0.64	618	0.54
1996	65	0.73	668	0.57
1997	81	0.72	686	0.60
1998	70	0.72	804	0.68
1999	70	0.74	735	0.70
2000	80	0.83	864	0.73
2001	48	0.78	818	0.78
2002	78	0.87	1.034	0.79
2003	78	0.89	1.176	0.82
2004	84	0.87	957	0.83
2005	77	0.88	1.698	0.90
2006	77	0.90	1.683	0.92
2007	85	0.91	2.039	0.94
2008	43	0.91	1.575	0.94
2009	35	0.95	1.294	0.95
2010	9	0.95	291	0.94

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

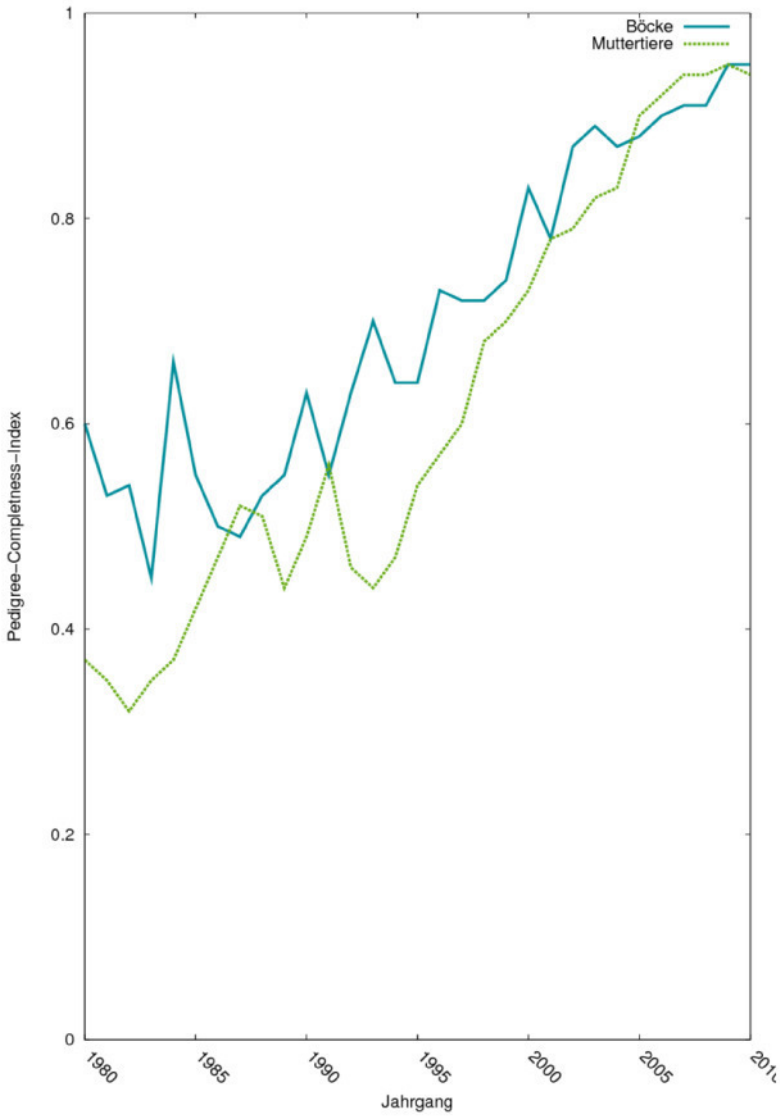


Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (25319 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	207	0.94	7609	0.94
2	332	0.88	5078	0.81
3	356	0.76	3492	0.64
4	283	0.67	2441	0.51
5	233	0.56	1581	0.46
6	169	0.61	1026	0.44
7	127	0.50	720	0.44
8	92	0.48	522	0.39
9	65	0.48	389	0.31
10	56	0.34	243	0.22
11	40	0.20	129	0.17
12	21	0.14	60	0.15
13	11	0.03	24	0.04
14	4	0.00	6	0.08
15	2	0.15	0	0.00
16	0	0.00	1	0.00
Gesamt	1998		23321	

Tabelle 15: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (7816 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	33	0.92	1280	0.93
2006	40	0.93	1368	0.94
2007	54	0.95	1845	0.95
2008	36	0.93	1534	0.94
2009	35	0.95	1291	0.95
2010	9	0.95	291	0.94
Gesamt	207		7609	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres

RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 16 und die Muttertiere (Tabelle 17) ausgewiesen. Da so gut wie keine fremdrassigen Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern des Merinolandschafes registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) nur ein Fremdgenanteil von weniger als 0,5% festzustellen. Hier sind u.a. sehr geringe Anteile von Tieren der Rassen Merinofleischschaf und Texel zu finden.

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Merinolandschaf	sonstige	unbekannt
2005	33	2.33	100.00	0.00	0.00
2006	40	2.06	100.00	0.00	0.00
2007	54	2.16	100.00	0.00	0.00
2008	36	1.77	100.00	0.00	0.00
2009	35	2.06	100.00	0.00	0.00
2010	9	1.48	100.00	0.00	0.00
Ges.	207	2.06	100.00	0.00	0.00

Tabelle 17: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Merinolandschaf	sonstige	unbekannt
2005	1280	2.29	100.00	0.00	0.00
2006	1368	2.51	99.99	0.01	0.00
2007	1845	2.14	99.99	0.01	0.00
2008	1534	2.33	99.98	0.02	0.00
2009	1291	2.22	99.99	0.01	0.00
2010	291	2.79	99.96	0.04	0.00
Ges.	7609	2.31	99.99	0.01	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von

der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 18 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Auf der Vaterseite ist das Generationsintervall um fast ein Jahr kürzer als auf der Mutterseite, dies gilt für die Väter/Mütter der Böcke und der Mutterschafe. Die Eltern der Böcke sind etwas jünger als die Eltern der Muttertiere. Insgesamt ergibt sich für das Merinolandschaf ein mittleres Generationsintervall von 3,62 Jahre. Damit liegt das mittlere Generationsintervall genau im dem Mittel über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre).

Tabelle 18: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	207	3.12
Mutter auf Vater	207	3.93
Vater auf Mutter	7.609	3.24
Mutter auf Mutter	7.609	4.20

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.62 Jahre

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $>$ 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $>$ 0,70 der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen bei vielen Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann beim Merinolandschaf auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden. Daher resultiert ein weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von N_e = 713. Aufgrund der unzulänglichen Daten scheint die beschriebene Methodik bei der vorliegenden Population bzw. Datengrundlage nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Mittl. Generationsintervall : 3.62 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 712.87

Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation

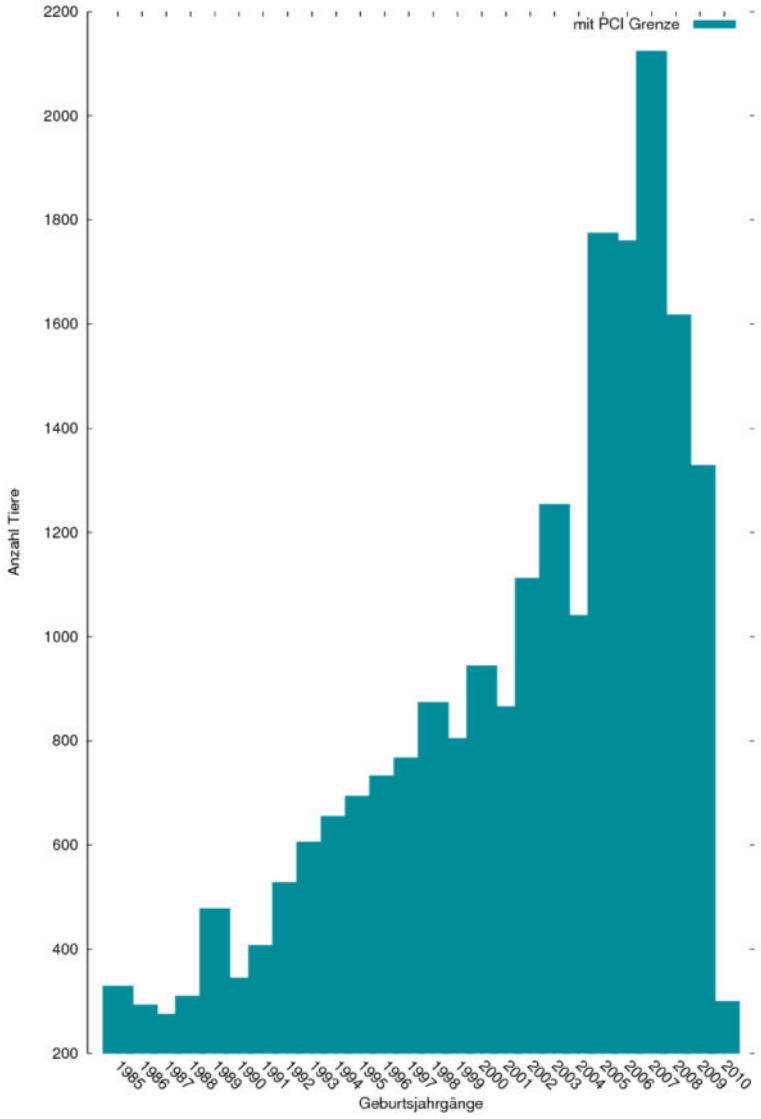
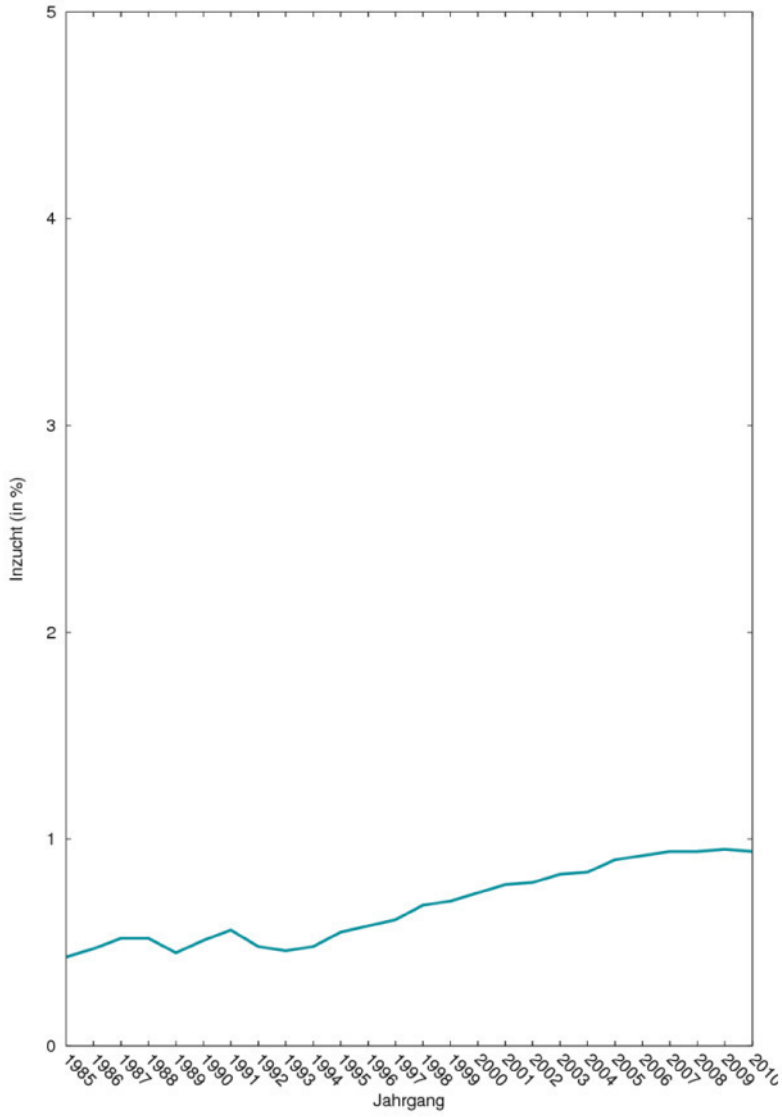


Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Merinolandschaf)



7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 19 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 20 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 179, berechnet aus 1822 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 19, dürfte aufgrund der vorliegenden Datenstruktur ebenfalls keine stichhaltige Maßzahl sein, um die genetische Diversität in der Rasse zu beschreiben. Lt. Tabelle 20 haben lediglich 2 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation.

Tabelle 19: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	1822	999	722
Anzahl effektive Foundertiere	179		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 21 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, $f_a = 82$, dürfte der Realität näher kommen. Es sind nur 7 dominante Ahnen (>2% Genanteil) in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 21). Ein Bottle Neck Effekt durch einen sehr dominanten Ahnen ist nicht festzustellen. Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen auf eine noch ausreichende genetische Variabilität in der Rasse hin.

Tabelle 20: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
091780362	14.10.1961	männlich	3.15
094710050	06.03.1985	weiblich	2.02
091780475	03.09.1965	männlich	1.91
0997660240	01.01.1975	männlich	1.88
0997660310	06.06.1981	männlich	1.79
095721482	15.02.1985	weiblich	1.73
094710044	06.12.1984	weiblich	1.51
091780312	27.10.1959	männlich	1.44
BW00004890	06.12.1991	männlich	1.16
0996610290	12.11.1966	männlich	1.02
094710022	06.03.1984	weiblich	0.96
RP00/BBY00113376	27.12.1991	männlich	0.86
091780485	15.09.1966	männlich	0.81
094710037	06.12.1984	weiblich	0.80
094710030	28.12.1984	weiblich	0.78
0996600167	01.10.1976	männlich	0.77
095680242	15.12.1989	weiblich	0.75
095721238	30.11.1980	weiblich	0.67
094710613	15.04.1998	weiblich	0.67
094700266	30.12.1990	weiblich	0.64
0998830386	15.11.1958	männlich	0.62
094700067	06.03.1984	weiblich	0.62
096480396	15.05.1997	weiblich	0.59
095680169	15.12.1987	weiblich	0.58
097770600	31.01.1977	weiblich	0.54

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
094710075	01.02.1986	weiblich	0.53
092720827	01.09.1976	weiblich	0.52
BY000211606	04.07.1991	männlich	0.50

Anzahl effektiver Ahnen : 82

Tabelle 21: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
095731745	03.11.1985	männlich	5.3
094700800	04.04.2000	männlich	4.3
091780683	20.01.1972	männlich	3.1
095771004	01.09.1986	männlich	2.9
094710650	30.11.1998	männlich	2.6
096480800	01.08.2001	männlich	2.3
091780362	14.10.1961	männlich	2.1

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 22 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (1,21%) der 236 Vatertiere zu den 8.829 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation ist positiv zu beurteilen, d.h. es sind noch genügend nicht oder wenig verwandte Anpaarungspartner vorhanden.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 1.21 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 236
Anzahl verfügbare Mütter: 8829

Tabelle 22: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE010910117090	0.46	2.48	51.68	8353	83
094712004	0.12	2.14	31.52	8351	99
DE010994700117	0.36	2.09	32.20	8351	9
DE010710158478	0.99	1.63	38.18	8378	28

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
095723810	0.76	1.63	52.55	8352	42
096482291	0.36	1.61	50.37	8351	12
095723891	1.28	1.58	30.50	8352	6
096482268	0.34	1.50	53.69	8352	14
096691882	0.42	1.49	30.13	8351	2
DE010996460005	0.52	1.49	50.91	8351	17
DE010910397219	0.55	1.41	50.85	8354	24
DE010610196800	0.05	1.32	50.19	8381	8
094712018	0.11	1.26	50.11	8361	7
DE010610196796	0.02	1.22	50.04	8354	6
DE010991990100	0.16	1.22	50.27	8352	16
094712014	0.00	1.18	25.16	8352	99
095723878	3.30	1.17	54.12	8351	23
DE010710158479	0.89	1.15	34.34	8378	27
DE011500301200	0.38	1.06	26.29	8356	4
096482263	0.00	1.04	27.72	8351	12
095723877	0.85	1.04	30.51	8351	22
094702113	0.05	0.98	28.20	8354	74
DE010996780059	0.00	0.96	28.45	8361	15
096440615	0.14	0.89	29.15	8352	14
DE010910395824	0.19	0.86	28.79	8351	23
097710087	0.19	0.77	50.19	8355	8
092722369	0.30	0.72	50.31	8355	32
DE010997660018	0.00	0.67	26.62	8351	15
096482289	0.00	0.57	50.00	8354	10

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist relativ über alle Schafrassen gesehen zwar gut, aber trotzdem für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) noch nicht ausreichend. Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt.
- Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen entspricht besser der Realität und weist auf noch ausreichende genetische Diversität hin.
- Nach diesen Zahlen ist noch genügend genetische Variabilität in der Rasse vorhanden, um auch in Zukunft bei entsprechendem Anpaarungsmanagement Inzucht zu vermeiden bzw. die Rasse züchterisch intensiv zu bearbeiten.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- MERINOLANGWOLLSCHAF -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

Service & Daten aus einer Quelle

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

1.1 Anpassung an die Bedingungen nach 1989 5

2 Zuchtprogramm **5**

2.1 Leistungsprüfungen 6

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 6

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 9

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 9

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 9

2.3 Zuchtwertschätzung 10

2.4 Selektion 10

3 Rassebeschreibung **11**

3.1 Zuchtziel 11

4 anerkannte Züchtervereinigungen **12**

5 Informationen aus dem Herdbuch **12**

5.1 Verteilung auf Verbände 12

5.2 Herdenstruktur 13

5.3 Kennzahlen der Zucht 14

6 Populationsanalyse **17**

6.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 17

6.2 Pedigree-Vollständigkeit 19

6.3 Genanteile 23

6.4 Mittleres Generationsintervall 24

6.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 25

6.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 29

6.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 32

6.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 32

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 13

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 22

3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 27

4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Merinolangwollschaf) 28

Tabellenverzeichnis

1 Leistungsspektrum 11
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände 12
3 Verteilung der Tiere auf Regionen 12
4 Anzahl Herden in den Verbänden 13
5 Verteilung der Herden auf Regionen 13
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 13
7 Entwicklung der Zucht 14
8 Entwicklung der Stationsprüfungen 15
9 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 16
10 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 17
11 Verteilung auf Verbände 18
12 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 19
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 21
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (8273 Tiere) 21
15 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (3078 Tiere) 23
16 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 24
17 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 24
18 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 25
19 Kennzahlen zu Foundertieren 29
20 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 30
21 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 31
22 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 32

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(aus *Merinolangwollschaf - vom Aussterben bedroht oder Rasse mit Perspektive?* von Dr. Heike Lenz Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft)

Um 1800 begann die Einkreuzung von Merinos aus Spanien und Südfrankreich zur Verbesserung der Wollqualität in bodenständige schlichtwollige Württemberger Landschafe. Nach dem zweiten Weltkrieg wurde das Deutsche veredelte Landschaf in Thüringen weiter im Feinwolltyp unter Beachtung der Fleischleistung gezüchtet. 1966 erfolgte die Umbenennung in ‚Merinolandschaf'. Das neue Zuchtziel stellte höhere Anforderungen an die Eigenleistung und an die Qualität der erzeugten Produkte - ohne den Rassestandard grundsätzlich zu verändern.

Begründet durch die Devisenknappheit in der DDR wurde die Ablösung von Wollimporten beschlossen und den Züchtern des Merinolandschafes die Aufgabe zur Entwicklung einer Halbfeinwollpopulation gestellt. Das Zuchtziel von 1972 (Merinolangwollschaf) forderte frohwüchsige, frühreife, ganzjährig konzeptionsbereite Zuchtschafe mit lang abgewachsener, klar gestapelter Wolle im Sortiment BC/C, geeignet für ausgedehnten Weidegang in Verbindung mit der Haltung im Nachtpferch. So entstand unter Nutzung der künstlichen Besamung in 15 jähriger intensiver Zuchtarbeit das Merinolangwollschaf als Ergebnis einer Kombinationskreuzung mit den Genanteilen 50 Prozent Merinolandschaf 25 Prozent Nordkaukasisches Fleischwollschaf, 25 Prozent Lincoln oder Corriedale

1.1 Anpassung an die Bedingungen nach 1989

1989/90 erforderte die veränderte Marktsituation die konsequente Ausrichtung aller Zuchtmaßnahmen auf die Verbesserung der Fleischleistung in Menge und Qualität. Damit gingen an sich schon Veränderungen in der Mast- und Schlachtleistung einher. Zur schnellen Umsetzung der neuen Zuchtstrategie erfolgte zeitlich begrenzt der Einsatz besonders geeigneter Merinolandschafböcke in Form der Blutauffrischung. Danach ist auf der Grundlage exakter Zuchtwertermittlung die Paarung nur noch innerhalb der Rasse vorgenommen worden. Das Zuchtziel der 90er Jahre verbindet Leistungen vorangegangener Züchtergenerationen mit der aktuellen Aufgabenstellung für die Züchtung des Merinolangwollschafes. Dabei engagieren sich die Züchter dieser Rasse in ganz besonderem Maß für konsequente Leistungsprüfung und Selektion auf die geprüften Merkmale.

Deutschlandweit ist die Rasse die einzige, bei der konsequent bei allen in der Herdbuchzucht eingesetzten Vätern die Nachkommen einer stationären Prüfung unterzogen werden. Die dort erreichten Ergebnisse entscheiden über den Weitereinsatz in der Zucht. Dadurch können unterdurchschnittliche Vererber umgehend eliminiert werden und ein kontinuierlicher Leistungszuwachs ist erreichbar. Aus diesem Grund zeigten die durchschnittlichen Zuchtwerte der vergangenen Jahre beim Merinolangwollschaf eine stetige Verbesserung.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine

bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 6.3 entsprechend deutlich. Auch die Rasse Merinolangwollschaf, in die zur Verbesserung der Population in den 90er Jahren Merinolandschafe eingekreuzt wurden, wird in jüngster Zeit in Reinzucht weiterentwickelt (vergl. Abschnitt 1).

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 5.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht

- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht
- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt.

Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssystem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Muster-

zuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 5.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Ein mittelgroßes bis rahmiges weißes Schaf geeignet zur Produktion hochwertiger Schlachtkörper und kammfähiger Halbfeinwolle sowie bester Eignung zur Landschaftspflege in Koppel- und Hütehaltung. Die Tiere sind lang und tief, mit guter Bemuskelung, bei asaisonalem Brunstverhalten fruchtbar, frohwüchsig und frühreif. Kopf, Oberarm und Bauch zeigen einen ausreichenden Wollbesatz. Die weiße Wolle hat Merinocharakter, ist gut gestapelt, langabgewachsen und dicht mit einem Sortiment von B - BC (28 - 32 Mikron), dadurch für den Einsatz in Regionen mit etwas höheren Niederschlägen geeignet.

Tabelle 1: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	130-140	9,0-11,0		80-90	100-110
Jährlinge	100-110	9,0-11,0			
Lammböcke					
Mutterschaf	80-90	6,0-7,0	150-200	70-80	90-100
Zuchtlämmer					

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Mastlämmern im Bereich von 380 - 450 g, die Schlachtausbeute beträgt bei einem handelsüblichen Lebendgewicht von 42 kg, 48 bis 50 %.

3.1 Zuchtziel

Gezüchtet werden mittelrahmige, gut bemuskelte, lange, tiefe Schafe mit kräftigem Fundament, die bei asaisonalem Brunstverhalten fruchtbar, frohwüchsig und frühreif sind. Die Zuchtschafe sind anpassungsfähig und robust, für die ganzjährige Futternutzung auf der Weide und zur Haltung im Nachtpferch geeignet. Die weiße halbfeine Wolle mit einer Feinheit von 28 - 32 ?m ist ausgeglichen bei geschlossenem Stapel und guter Bauchbewollung. (Diese soll für die Herstellung von Kammzug geeignet sein.)

4 anerkannte Züchtervereinigungen

Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.
Am Johannishof 3
99085 Erfurt
Tel.: 0361/7498070
Email: lv@thueringer-schafzucht.de
www.thueringer-schafzucht.de

5 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

5.1 Verteilung auf Verbände

Das Merinolangwollschaf ist nur in Thüringen beheimatet und wird dort intensiv durch den Landesschafzuchtverband betreut.

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
LV Thür. Schafzüchter e.V.	38	3572
Gesamt(Alle Verbände)	38	3572

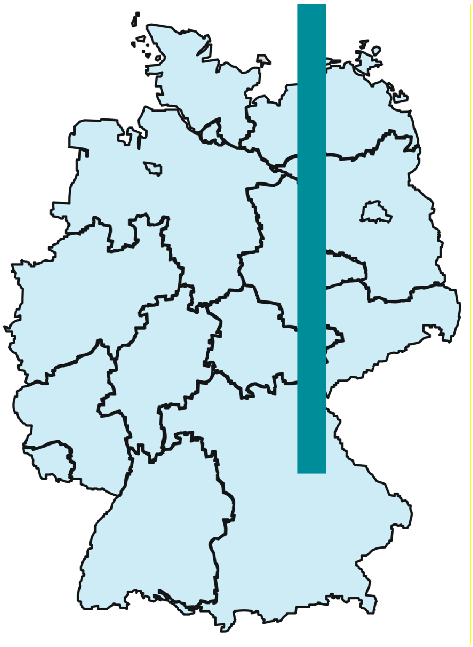
[a] für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
4469	9

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



5.2 Herdenstruktur

Nicht nur der regionale Schwerpunkt der Zucht ist räumlich eingeschränkt. In Tabellen 4 und 5 wird deutlich, dass die Zuchtarbeit in wenigen Herden erfolgt, die zudem eine relativ einzigartige Grösse aufweisen (siehe Tabelle 6). Die Zucht erfolgt z.T. in Herden mit mehr als 2000 Zuchtschafen.

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
5	LV Thür. Schafzüchter e.V.
5	gesamt

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
5	9
5	gesamt

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
5	100 und mehr

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

5.3 Kennzahlen der Zucht

Die grossen Zuchtherden bringen bei Aufgabe der Zucht in einem Betrieb auch schnell ein starke Verringerung der Zahlen in den einzelen Selektionsstufen. So ist der starke Abfall der Ablammungen in 2011 mit den daraus resultierenden Anzahl geborener Lämmmer von 2010 auf 2011 zu erklären (siehe Tabelle 7).

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	6302	9523	1255	20	
2001	5527	8495	901	26	
2002	5533	8437	1162	46	
2003	5158	7659	1076	82	
2004	5427	8308	916	53	
2005	4765	7432	951	44	
2006	3767	5806	912	62	1
2007	3504	5365	707	13	140
2008	3413	4901	70	115	1006
2009	3978	5849	52	83	820
2010	3938	5943	59	60	1106
2011	3886	6042	71	50	691
2012	2525	3875		56	719

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Die Stationsprüfung wird entsprechend der Verbreitung der Zucht nur in der thürigischen Station Schöndorf durchgeführt. Seit 2000 ist die Prüfdichte um 2 Drittel zurückgegangen (vergl. Tabelle Entwicklung der Stationspruefungen).

Tabelle 8: Entwicklung der Stationsprüfungen

Prüfjahr	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011
Schöndorf												
Anzahl Prüfkandidaten	449	362	302	293	207	302	275	155	243	128	169	139
Anzahl geprüfte Väter	33	29	25	28	17	22	19	16	12	12	17	10
Anzahl Prüfgruppen	33	29	25	28	17	22	19	16	12	12	17	10
gesamt												
Anzahl Prüfkandidaten	449	362	302	293	207	302	275	155	243	128	169	139
Anzahl geprüfte Väter	33	29	25	28	17	22	19	16	12	12	17	10
Anzahl Prüfgruppen	33	29	25	28	17	22	19	16	12	12	17	10

Tabelle 9: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	259	6.6	17	33.6	87	3.5	9	1.9	5	-	-	43.6	113
2001	652	11.2	73	44.6	291	2.9	19	0.6	4	-	-	33.1	216
2002	897	23.9	214	47.9	430	4.1	37	1.6	14	-	-	16.3	146
2003	444	22.5	100	52.3	232	5.0	22	0.9	4	-	-	12.6	56
2004	300	38.0	114	51.0	153	7.7	23	-	-	-	-	-	-
2005	238	46.2	110	40.3	96	12.6	30	-	-	-	-	-	-
2006	225	49.3	111	41.3	93	9.3	21	-	-	-	-	-	-
2007	204	64.7	132	32.4	66	2.5	5	-	-	-	-	-	-
2008	107	74.8	80	24.3	26	0.9	1	-	-	-	-	-	-
2009	91	72.5	66	24.2	22	2.2	2	-	-	-	-	-	-
2010	67	92.5	62	7.5	5	-	-	-	-	-	-	-	-
2011	29	75.9	22	10.3	3	13.8	4	-	-	-	-	-	-

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Die Bedeutung der Scrapie-Untersuchungen nimmt wie bei allen anderen Rassen kontinierlich ab. Dies erfolgt vor dem Hintergrund der erfolgreichen Umsetzung des TSE-Programms in den ersten Jahren des dritten Jahrtausends (siehe Abschnitt 2.2) und damit einer weitgehenden Sanierung der Zuchten.

6 Populationsanalyse

6.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 10 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 11 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die geborenen und registrierten Tiere der Rasse „Merinolangwollschaf“ nehmen zunächst bis ca. Geburtsjahr 2000 zu, sind danach aber kontinuierlich abnehmend und pendeln sich auf ca. 6.000 geborene Lämmer pro Jahr ein. Aufgrund des Verhältnisses der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 10 kann davon ausgegangen werden, dass alle geborenen Lämmer in Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden. Laut Tabelle 11 wird die Rasse fast ausschließlich über den Landesverband Thüringer Landschafzüchter betreut.

Tabelle 10: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	2.582	3.713
1991	2.783	4.304
1992	2.005	2.882
1993	2.381	3.302
1994	2.310	3.283
1995	2.560	3.988
1996	3.192	3.845
1997	3.913	4.477
1998	4.227	4.442
1999	5.011	4.986
2000	4.677	4.853
2001	4.128	4.377
2002	4.201	4.251
2003	3.832	3.836
2004	4.110	4.215
2005	3.706	3.729
2006	2.924	2.894
2007	2.615	2.757
2008	2.385	2.525
2009	2.893	2.956
2010	2.934	3.001
2011	2.097	2.193

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 12 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 12 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Aus Tabelle 12 ist ersichtlich, dass von 49 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 40 und von 3.355 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 3.146 leben. 40 noch lebende Schafböcke und 3.146 noch lebende Mutterschafe der Geburtsjahrgänge 2005 – 2010 bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring der Merinolangwollschafe

Tabelle 11: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
LV Thür. Schafzüchter e.V.	30.399
SSZV (Sachsen)	9

Tabelle 12: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	3.706	3.729	7	788	4	650
2006	2.924	2.894	9	731	9	673
2007	2.615	2.757	13	621	10	611
2008	2.385	2.525	17	668	14	665
2009	2.893	2.956	3	506	3	506
2010	2.934	3.001	0	41	0	41
Gesamt	17.457	17.862	49	3.355	40	3.146

6.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \quad (1)$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \quad (2)$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 13 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 14 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 13 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 14 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 15 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 15 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 40 von 40 Böcken (=100%) und 3.038 von 3.146 Mutterschafen (=97%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Dieser Anteil an Tieren mit ausreichenden Abstammungsinformationen für das Monitoring ist als sehr gut zu bewerten. Die verbleibende Monitoring Population C der Merinolangwollschafe umfasst dann 8273 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Im Maximum sind bis zu 10 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert.

Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1982	0	0.00	1	0.00
1983	0	0.00	7	0.00
1984	0	0.00	12	0.00
1985	0	0.00	23	0.00
1986	0	0.00	36	0.00
1987	0	0.00	48	0.00
1988	1	0.00	82	0.00
1989	1	0.00	92	0.00
1990	7	0.00	149	0.00
1991	13	0.04	209	0.01
1992	13	0.02	189	0.02
1993	20	0.11	207	0.06
1994	16	0.19	263	0.13
1995	20	0.16	327	0.20
1996	24	0.16	299	0.26
1997	28	0.35	350	0.33
1998	15	0.41	275	0.43
1999	19	0.44	372	0.48
2000	22	0.61	386	0.56
2001	12	0.71	310	0.62
2002	15	0.81	416	0.71
2003	10	0.81	274	0.78
2004	20	0.85	373	0.84
2005	8	0.88	712	0.89
2006	15	0.93	701	0.91
2007	12	0.95	663	0.94
2008	14	0.95	655	0.95
2009	3	0.95	493	0.97
2010	0	0.00	41	0.99

Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (8273 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	40	0.94	3038	0.93
2	62	0.82	1936	0.70
3	94	0.41	1348	0.38
4	75	0.20	931	0.16
5	27	0.14	487	0.07
6	10	0.00	183	0.01
7	0	0.00	38	0.00
8	0	0.00	3	0.00
9	0	0.00	1	0.00
Gesamt	308		7965	

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

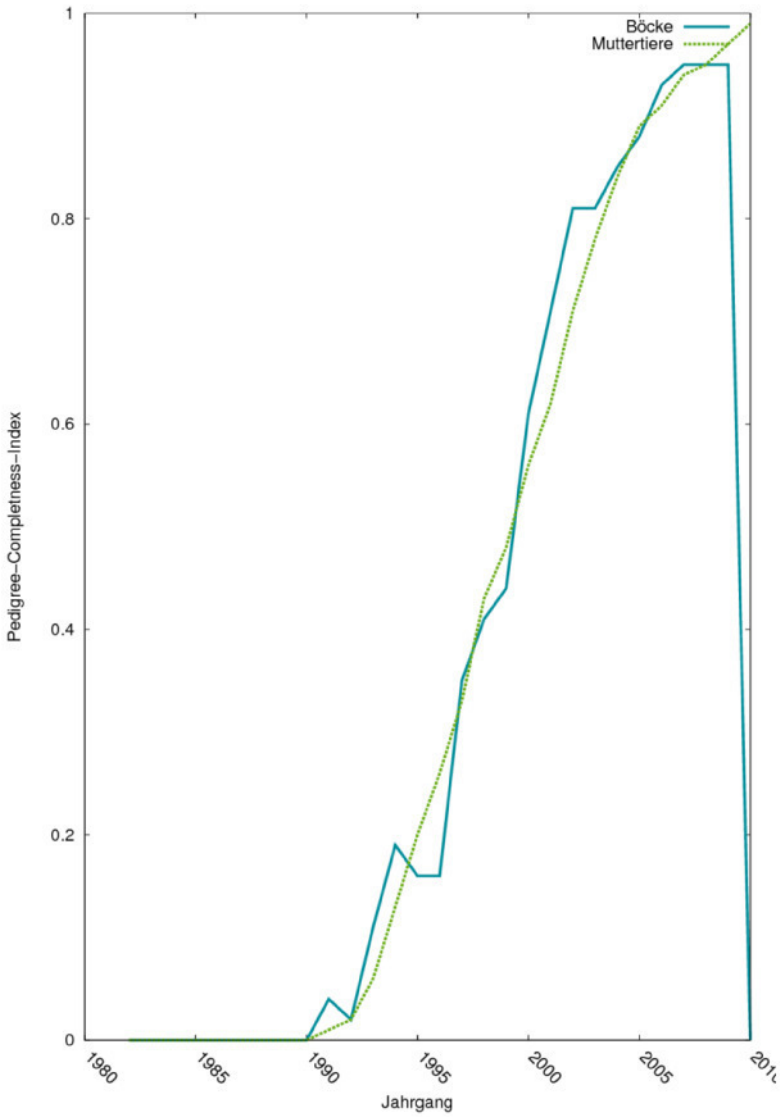


Tabelle 15: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (3078 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	4	0.86	616	0.89
2006	9	0.94	632	0.91
2007	10	0.95	604	0.94
2008	14	0.95	652	0.95
2009	3	0.95	493	0.97
2010	0	0.00	41	0.99
Gesamt	40		3038	

6.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 16 und die Muttertiere (Tabelle 17) ausgewiesen.

Die Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation C (PCI>0,70) der Rasse MLW führen zu ca. 30% Genanteile anderer Herkunftsrassen, dies gilt für männliche und weibliche Tiere. In dieser Rasse wird also kein „geschlossenes Herdbuch“ geführt, wie in den meisten anderen Schafrassen. Eine Unterteilung von „sonstige Herkünfte“ wurde nicht vorgenommen, da sich dahinter zum größten Teil die Rasse Merinolandschaf verbirgt. In sehr geringen Anteilen können noch Tiere der Rassen Ile de France und als Kreuzungsschafe gekennzeichnete Tiere in den Abstammungen gefunden werden.

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Merinolangwollschaf	sonstige	unbekannt
2005	4	0.05	66.21	33.79	0.00
2006	9	0.47	68.14	31.86	0.00
2007	10	1.31	69.69	30.31	0.00
2008	14	3.56	71.29	28.71	0.00
2009	3	1.09	70.83	29.17	0.00
Ges.	40	1.77	69.64	30.36	0.00

Tabelle 17: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Merinolangwollschaf	sonstige	unbekannt
2005	616	0.61	70.12	29.88	0.00
2006	632	0.58	66.02	33.98	0.00
2007	604	0.80	68.35	31.65	0.00
2008	652	1.25	68.22	31.78	0.00
2009	493	1.22	68.66	31.34	0.00
2010	41	1.06	66.45	33.55	0.00
Ges.	3038	0.88	68.22	31.78	0.00

6.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),

4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 18 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Abgeleitet aus dem Alter der Eltern der Monitoring-Ausgangspopulation C zeichnet sich die Rasse durch den Einsatz sehr junger Väter aus. Die Mütter dagegen sind im Vergleich zu anderen Rassen eher älter. Auf der Vaterseite ist das Generationsintervall um ca. 1,5 Jahre kürzer als auf der Mutterseite, dies gilt für die Väter/Mütter der Böcke und der Mutterschafe. Insgesamt ergibt sich für das Merinolangwollschaf ein mittleres Generationsintervall von 3,55 Jahre. Damit liegt das mittlere Generationsintervall etwas unter dem Mittel über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre).

Tabelle 18: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	40	2.63
Mutter auf Vater	40	4.29
Vater auf Mutter	3.038	2.70
Mutter auf Mutter	3.038	4.59

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.55 Jahre

6.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 6.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 6.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $> 0{,}70$ unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $> 0{,}70$ der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen bei vielen Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann beim Merinolangwollschaf auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden. Daher resultiert ein überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von $N_e = 250$. Aufgrund der unzulänglichen Daten scheint die beschriebene Methodik beim Merinolangwollschaf nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation

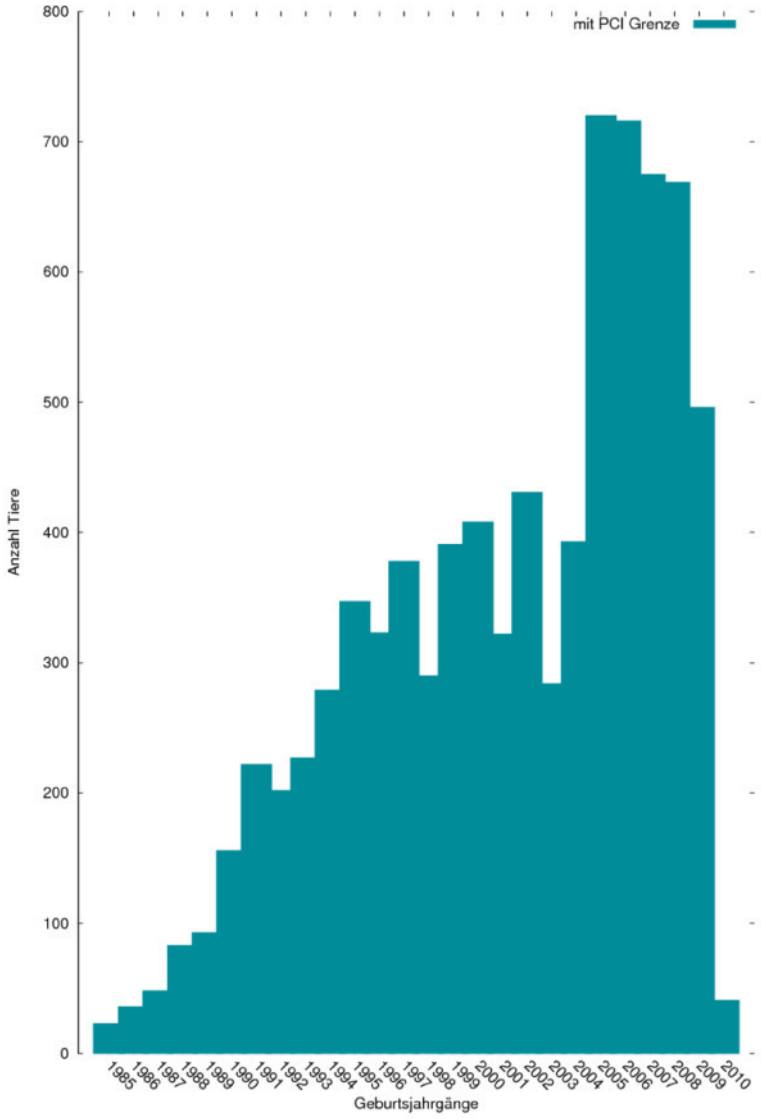
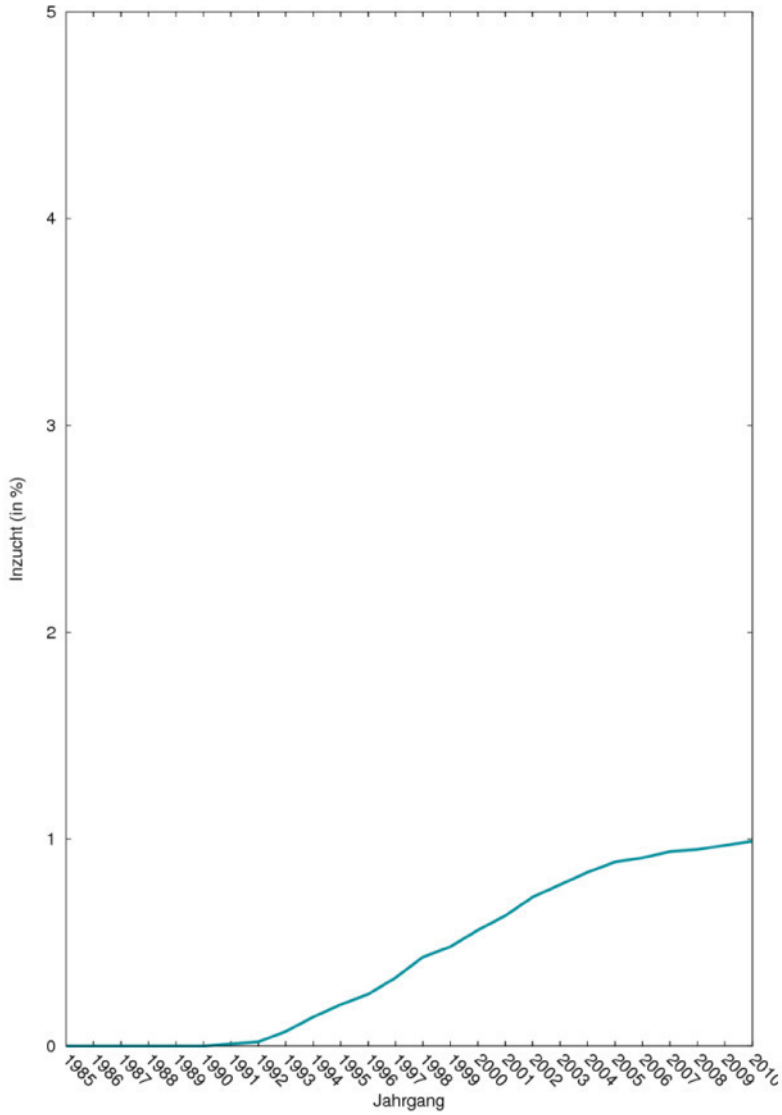


Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Merinolangwollschaf)



Mittl. Generationsintervall : 3.55 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 250.43

6.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 19 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 20 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 101, berechnet aus 830 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 19, weist auf eine engere Blutführung und genetische Variabilität hin als der Wert der effektiven Populationsgröße. Lt. Tabelle 20 haben 5 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation.

Tabelle 19: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	830	248	486
Anzahl effektive Foundertiere	101		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 21 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, $f_a = 56$ weist beim Merinolangwollschaf ebenso auf die Überschätzung von Ne hin. Es sind 13 dominante Ahnen (>2% Genanteil) in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 21). Neben dem einflussreichsten Founder (4,7% Genanteil), ein 1991 geborener Bock, wurde ein noch wesentlich einflussreicherer Ahne (5,9% Genanteil), ein 2000 geborener Bock, gefunden. Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen damit auf eine doch bereits eingeschränkte genetische Variabilität in der Rasse hin.

Tabelle 20: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
BY000211606	04.07.1991	männlich	4.78
091762965	11.08.1988	männlich	2.86
	20.05.1991	männlich	2.66
TH0000898021	06.01.1998	männlich	2.63
TH000089404D	29.11.1993	männlich	2.31
097773138	29.06.1993	männlich	1.69
	20.12.1991	männlich	1.68
096782632	20.01.1997	männlich	1.66
TH0200695269	06.01.1995	weiblich	1.47
097771873	28.09.1990	männlich	1.46
TH020088847	18.02.1988	weiblich	1.27
TH0000892057	15.06.1992	männlich	1.27
TH02021952693	15.01.1995	männlich	1.27
TH0201790187	07.02.1990	weiblich	1.25
TH0000893015D	14.03.1993	männlich	1.21
TH02015952724	22.03.1995	männlich	1.14
TH0001593029	02.02.1993	männlich	1.08
TH02008962314	16.01.1996	männlich	1.06
TH0200694101	20.02.1994	weiblich	1.03
			Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
TH0000895012	19.01.1995	männlich	1.03
TH0201092016	10.02.1992	weiblich	0.81
TH02008891221	14.03.1989	weiblich	0.73
TH0000892056	10.06.1992	männlich	0.73
TH0201585042	22.03.1985	weiblich	0.71
TH020159131D	20.02.1991	männlich	0.71
TH0200890795	11.02.1990	weiblich	0.69
TH02008891340	02.03.1989	weiblich	0.69
TH0000892050	13.06.1992	männlich	0.69
TH02008932181	29.01.1993	männlich	0.69
TH0201589107	10.04.1989	weiblich	0.67
TH0200695098	09.02.1995	weiblich	0.66
TH0200694293	18.02.1994	weiblich	0.66
TH02003910020	15.02.1991	weiblich	0.64
TH020158950	20.03.1989	weiblich	0.63
TH0200889133	06.02.1989	weiblich	0.59
TH02015952717	04.04.1995	männlich	0.58
TH0200887789	05.04.1987	weiblich	0.56
TH0200892245D	22.05.1992	männlich	0.56
TH02008962325	12.02.1996	männlich	0.56
TH020159263	18.01.1992	weiblich	0.55
TH00008970024	24.12.1996	männlich	0.55
TH0201589627	27.02.1989	weiblich	0.54
TH020089476	13.02.1994	weiblich	0.54
TH0200891135	24.01.1991	weiblich	0.54
TH020109182	17.03.1991	weiblich	0.53
TH02008891287	04.03.1989	weiblich	0.53
TH02008902019	03.02.1990	weiblich	0.53
TH0200694288	18.01.1994	weiblich	0.53
TH0201093062	23.02.1993	weiblich	0.53
TH0201787460	02.02.1987	weiblich	0.52
TH0201790178	03.03.1990	weiblich	0.52
TH0000892052	12.07.1992	männlich	0.52
TH020158727	09.02.1987	weiblich	0.50

Anzahl effektiver Ahnen : 56

Tabelle 21: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
TH02006201398D	17.12.2000	männlich	5.9
BY000211606	04.07.1991	männlich	4.7
TH02010202294	14.01.2002	männlich	3.9
TH02017205487	03.11.2004	männlich	3.8
TH02015200223	15.01.2000	männlich	3.7
TH02006200166	30.12.1999	weiblich	2.7
TH02021204435	28.11.2003	männlich	2.6
TH02008200124D	12.01.2000	männlich	2.6
TH0200898175D	12.01.1998	männlich	2.2

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
TH02006203263	05.02.2003	männlich	2.1
091762965	11.08.1988	männlich	2.1
TH0201098441	11.02.1998	männlich	2.0

6.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 22 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (2,47%) der 40 Vatertiere zu den 3.146 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation (Ausgangselternpopulation B) weist ebenfalls auf eine etwas verengte Blutführung hin, d.h. bei der Anpaarung bzw. dem Bockzukauf sollte auf den Verwandtschaftsgrad der Zuchttiere geachtet werden um den Inzuchtzuwachs in Zukunft möglichst gering zu halten.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 2.47 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 40
Anzahl verfügbare Mütter: 3146

Tabelle 22: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE011610035760	0.98	3.11	30.57	2826	105
DE011610031017	1.95	2.95	39.65	2814	132
DE011610035526	0.15	2.77	32.06	2944	31
DE011610036319	0.00	2.57	50.00	3006	94
DE011610036007	0.20	2.48	50.29	3061	94
DE011610027772	0.39	2.41	32.67	2946	22
DE011610020380	12.89	1.65	44.53	2926	78
DE011610027739	0.00	0.98	26.07	2650	21
DE011610020375	12.70	0.83	56.35	1947	26
DE011610020309	0.00	0.71	26.56	2868	24

6.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Ab-

stammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist relativ über alle Schafrassen gesehen zwar sehr gut, aber trotzdem für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) noch nicht optimal. Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt.

- Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen entspricht besser der Realität.

- Nach diesen Zahlen wären züchterische Maßnahmen einzuplanen, um die genetische Variabilität in der Rasse gezielt zu erhalten. Hier wäre in erster Linie an den systematischen Austausch von Vatertieren zwischen Herden zu denken. Diese Vatertiere sollten jeweils eine möglichst niedrige Verwandtschaft zur Ziel-/Einsatzherde aufweisen.

- Auch wenn die beiden letzten Kriterien niedrig erscheinen, sind sie durchaus in der Größenordnung wie bei Milchviehrassen und daher nicht zu dramatisieren.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- OSTFRIESISCHES MILCHSCHAF -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

Service & Daten aus einer Quelle

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **8**

2.1 Leistungsprüfungen 8

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 9

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 11

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 12

2.1.4 Milchleistungsprüfung 12

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 13

2.3 Maediprogramm 14

2.4 Zuchtwertschätzung 14

2.5 Selektion 14

3 Rassebeschreibung **15**

3.1 Zuchtziel 16

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **16**

5 Rassedachverbände oder Vereine **19**

6 Informationen aus dem Herdbuch **19**

6.1 Verteilung auf Verbände 20

6.2 Herdenstruktur 21

6.3 Kennzahlen der Zucht 22

7 Populationsanalyse **26**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 26

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 28

7.3 Genanteile 32

7.4 Mittleres Generationsintervall 33

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 35

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 39

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 41

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 42

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 21
2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 31
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 37
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Ostfriesisches Milchschaf) 38

Tabellenverzeichnis

1 Niederländische Väter 7
2 Leistungsspektrum 15
3 Verteilung Elterntiere auf Verbände 20
4 Verteilung der Tiere auf Regionen 20
5 Anzahl Herden in den Verbänden 21
6 Verteilung der Herden auf Regionen 22
7 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 22
8 Entwicklung der Zucht 23
9 Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein 23
10 Anzahl Tiere mit Milchleistungsprüfungen nach Geburtsjahr 24
11 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 25
12 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 27
13 Verteilung auf Verbände 27
14 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 28
15 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 30
16 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (6542 Tiere) 32
17 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1720 Tiere) 32
18 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 33
19 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 33
20 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 34
21 Kennzahlen zu Foundertieren 39
22 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 40
23 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 41
24 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 42

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(Klaus Gerdes, 2012)

Über die Herkunft des Ostfriesischen Milchschafes gibt es unterschiedliche Aussagen. Während Henricus Ubbius aus Ostermarsch bereits im Jahr 1530 über die Schafe seiner Heimat berichtete, die alle anderen Schafrassen an Körpergröße, Fruchtbarkeit und Milchergiebigkeit übertrafen, vermuteten die Gelehrten zu einem späteren Zeitpunkt, das Milchschaf sei ein Produkt einer Kreuzung mit Schafen welches Seefahrer Anfang des 17. Jahrhunderts aus Ost-Indien mitbrachten. Friedrich Ahrends weist in seiner Beschreibung Ostfrieslands und des Jeverlandes 1820 auf zwei ähnelnde Marschschaftypen hin, die Groninger und die Friesen. Erstere waren gute Milchlieferanten, die friesischen Schafe waren größer und mit besserer Wollleistung. Die Vorzüge dieser beiden Typen finden wir im Ostfriesischen Milchschaf.

Ab 1832 versuchte man in einigen Küstenregionen, die Fleischleistung der Marschschafe durch Einkreuzung englischer Fleischschafrassen zu verbessern, um sie den Anforderungen des englischen Marktes anzupassen. Die Regionen Ostfriesland und das Jeverland blieben von diesen Einkreuzungen unberührt und der Typ des vorhandenen Marschschafs blieb erhalten. 1897 wurde der Ostfriesische Milchschaf-Zuchtverein zu Norden gegründet. Dieses Datum gilt als Beginn der organisierten Milchschafzucht. Am 31.10.1898 wurde ein Stammbuch für Böcke angelegt und der erste Zuchtbock mit dem Namen „Erster“ eingetragen. Zunächst wurden nur Körpermerkmale erfasst und in den nachfolgenden Generationen konnte der Abstammungsnachweis geführt werden. Somit war auch eine wichtige Voraussetzung für die Anerkennung durch die DLG als Züchtervereinigung gegeben.

Ab 1902 regelte eine Polizeiordnung die Körung der Böcke – zur damaligen Körung wurden 562 Böcke vorgestellt - und bereits um 1909 wurden die ersten Milchleistungsprüfungen durchgeführt. Dieses geschah damals wie heute durch die Milchkontrollvereine und die Leistungsergebnisse konnten für die züchterische Selektion verwendet werden. Auch im Jeverland (1910) und in mehreren ostfriesischen Regionen bildeten sich Milchschafzüchterverbände, die sich 1912 zum Verband Ostfriesischer Milchschafzüchtervereinigungen (VOM) zusammen schlossen. 1937 wurde der Verband dem Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems unterstellt, behielt aber weitgehend seine Eigenständigkeit. Erst 1965 wurde der VOM aufgelöst und dem Schafzuchtverband Weser-Ems eingegliedert.

Nach Sachsen kam das Ostfriesische Milchschaf um 1890 und bereits 1909 konnte ein sächsischer Züchter auf der DLG–Ausstellung einen ersten Preis entgegennehmen. 1919 erfolgte die erste Vereinsgründung von Milchschafhaltern im Raum Meißen und Dresden. Milchkontrollen wurden erstmalig 1937 durchgeführt und das Herdbuch 1938 eingerichtet. Zu dieser Zeit wurden in Sachsen schätzungsweise 20. 000 ostfriesische Milchschafe gehalten. Dies entsprach 13,4 % der in Sachsen gehaltenen Schafe und 13,9 % des Milchschafbestandes in Deutschland. Den Höhepunkt erreichte die Milchschafzucht in der DDR zweifellos in den 80er Jahren. Zur Genreserve für die osteuropäischen Länder erklärt, wurden jährlich Exporte von Zuchttieren vor allem nach Ungarn und Bulgarien durchgeführt

Bereits 1953 gründete Sepp Ehrmann den Milchschafzuchtverein Südbayern. Dieser Verein förderte die Milchschafzucht, führte bis 1974 auch das Zuchtbuch und war für die Leistungsprüfungen und die Zuchtzielbeschreibung zuständig. 1986 wurde das Vereinsgebiet auf ganz Bayern ausgedehnt. Von 1986 -2006 wurde in Bayern eine eigene Absatzveranstaltung für Milchschafe durchgeführt. Seit 2006 gibt es eine gemeinsame Veranstaltung der süddeutschen Verbände.

Ostfriesische Milchschafe wurden bereits frühzeitig auf nationalen DLG Schauen ausgestellt: 1925 in Stuttgart, 1929 in München, 1936 in Frankfurt usw. Dadurch wurde die Rasse national und international bekannt und gefragt. Bereits damals konkurrierten die Züchter aus Ostfriesland mit Züchtern aus Nordrhein-Westfalen, Sachsen und anderen Bundesländern, wo das Milchschaf inzwischen Verbreitung gefunden hatte. Erste Exporte von Zuchttieren erfolgten 1905 nach Bulgarien, 1907 nach Rumänien und in eine Vielzahl anderer Länder.

Ende 1946 wurden in Ostfriesland in 1.710 Betrieben 5.125 weibliche und 430 gekörte Böcke gehalten. Im Weser-Ems-Gebiet gab es damals 2 Auktionsstandorte, in Apen (Geest) und in Jever (Marsch) wodurch auch unterschiedliche Typen ausgestellt wurden. Ab 1962 fand nur noch eine Auktion in Oldenburg und ab 1998 in Cloppenburg statt. Eine Besonderheit gab es Anfang der 50er Jahre. In den Jahren 1952 (Krefeld), 1953 (Oldenburg) und 1954 (Hamm) fanden zentrale VDL- Elite - Absatzveranstaltungen statt. Es beteiligten sich allerdings nur Züchter aus Westfalen, dem Rheinland und dem Weser-Ems-Gebiet. Die Veranstaltung diente dem Leistungsvergleich und dem Blutaustausch.

Mit steigendem Wirtschaftswunderwohlstand wurde dem Ostfriesischen Milchschaf in den 60er Jahren immer weniger Beachtung geschenkt. Die bäuerliche Milchschafhaltung reduzierte sich dramatisch und vielfach ging die Zucht in die Hände von Hobbytierhaltern über. Viele Deutsche verbrachten in den 60er Jahren erstmals ihren Urlaub in Südeuropäischen Ländern und lernten dort auch den Schafkäse kennen. Das animierte wiederum Milchschafhalter in Deutschland, diese Produkte selber herzustellen. In den Folgejahren entstanden bundesweit eine Reihe Hofkäsereien und Selbstvermarktungsbetriebe, da Produkte gerne direkt beim Erzeuger eingekauft werden. Auch der Trend zur Selbstversorgung war in einigen Bevölkerungsgruppen zur Mode geworden. In diesen Betrieben war damals das Milchschaf auch als Lieferant von Milch, Fleisch, Wolle und Fellen sehr beliebt. Die erhöhte Nachfrage nach Zuchttieren beflügelte Mitte der 80er Jahre die Milchschafauktionen. Bis heute müssen alle Schafmelkbetriebe ihre erzeugte Schafmilch selber verarbeiten und die erzeugten Schafmilchprodukte selber verkaufen. Nur in Bayern gibt es derzeit eine Molkerei, die Schafmilch abnimmt.

In den letzten 20 Jahren gab es zwei bedeutende Einflüsse, die die Milchschafzucht nachhaltig beeinflusst haben:

Maedisanierung: Ende der 80er Jahre forderten einige Exportländer den Nachweis der Maedifreiheit. Daraufhin wurden in vielen Bundesländern umfangreiche Untersuchungen durchgeführt. Zahlreiche Züchter - darunter einige der besten - hatten Tiere, die positiv auf den Blutttest reagierten. Nicht alle Züchter wollten sich am aufwendigen Sanierungsprogramm beteiligen und beendeten die Zucht. Bis heute gibt es in Deutschland kein einheitliches Sanierungsprogramm, was für den Austausch von Zuchttieren nicht förderlich ist.

Scrapieresistenzzucht: Auch die Milchschafzüchter beugten sich dem Druck und begannen – mit Unterstützung der Hochschulen – ab 2000 mit umfangreichen Untersuchungen ihrer Zuchttiere, um die gewünschten Träger der ARR-Allele zu finden. Die Zucht auf Buchstaben nahm ihren Lauf und andere wichtige Merkmale und die genetische Vielfalt blieben auf der Strecke. Anfänglich wurden nur sehr wenige Allelträger gefunden.

Um den Zuchtfortschritt zu beschleunigen wurden auch Zuchtböcke aus den Niederlanden importiert. Durchgesetzt haben sich vor

Tabelle 1: Niederländische Väter

Namen	Herdbuchnummer	Geburtsdatum
Horst	NL0221-01237	26.01.2003
Nico	NL0269-00027	15.05.2002
Mynheer	NL0166-00173	03.03.2002

Die neuen Blutlinien H, N, M und auch die K -Linie bestimmten fortan das Zuchtgeschehen.

Da die Ostfriesischen Milchschafe auch in den fünf neuen Bundesländern stark verbreitet waren, bereicherte die Wiedervereinigung die genetische Vielfalt in Deutschland. Fortan wurden züchterische Fragen gemeinsam im VDL - Rasseausschuss Milchschafe diskutiert. Große Verdienste erwarben sich Detlef von Welck (BW) und Friedrich Herberg (NRW). Sie initiierten unter anderen auch die seit 1986 stattfindenden Internationalen Milchschaf - Fachtagungen.

Übersicht der bisherigen Milchschaf – Fachtagungen:

1986 Herrenberg, Baden Württemberg
1988 Geroldswill, Schweiz
1990 Kleve, Rheinland
1992 Wolfpassing, Österreich
1994 Bad Sassendorf, Westfalen
1996 Burgstädt, Sachsen
1998 Norden/Ostfriesland, Niedersachsen
2000 Sursee, Schweiz
2002 Aschau, Bayern
2004 Groß Siegharts, Österreich
2006 Zwolle, Niederlande
2008 Berlin/Brandenburg
2010 Sursee, Schweiz

Züchterische Bedeutung hatten in Niedersachsen Bockstationen (die letzte wurde 1996, im Jahr ihres 100-jährigen Bestehens geschlossen) und in Nordrhein-Westfalen Kreisbockhaltervereine. Hierdurch war es auch Kleinschafhaltern möglich, ihre Mutterschafe von guten, leistungsgeprüften Zuchtböcken belegen zu lassen und am Zuchtfortschritt teilzunehmen. In einigen Bundesländern gibt es noch heute Milchschafhaltervereinigungen, die sich neben den Zuchtverbänden um die Belange der Milchschafzucht kümmern und die Zucht und Haltung fördern:

Bayern: Vereinigung Bayerischer Milchschafhalter in Rosenheim und Vereinigung der Ziegen- und Milchschafhalter im Mittenwald

Baden-Württemberg: Milchschafzüchtervereinigung wurde 1955 gegründet und später als Abteilung D in dem Zuchtverband integriert. Derzeit sind 15 Züchter mit 130 Milchschafen der Farbschläge weiß und schwarz aktiv.

Niedersachsen: Interessengemeinschaft der Milchschafhalter Niedersachsens (bis etwa 1990)

Bundesweit aktiv ist der Arbeitskreis schwarzbraunes Milchschaf, der seine Zusammenkünfte vor allem am Rande der Internationalen Milchschaftagungen durchführte.

Schwarzbraune Milchschafe: Alle Hausschafe stammen von pigmentierten Milchschafen ab. Deshalb sind in den Vorfahren unserer heutigen Rassen immer Farbgene vorhanden gewesen. Die weiße Farbe verdanken wir der Mutation des Farbgens, wodurch eine Hemmung der Pigmentierung bewirkt wird. Durch die Festlegung des Zuchtziels und durch Selektion auf weiße Milchschafe wurde das Farbgen im letzten Jahrhundert zurück gedrängt. Trotzdem fielen immer wieder pigmentierte und schwarze Lämmer. Vor allem zu Beginn der 1980er Jahre gab es eine verstärkte Nachfrage nach schwarzbraunen Milchschafen. In Spitzenzeiten sollen es bundesweit 600 – 700 Zuchttiere gewesen sein. In den Jahren 1996 – 2006 waren es noch ca. 200 schwarzbraune Schafe in 30 Beständen.

Gescheckte Milchschafe: Seit 2003 wurden in Nordrhein-Westfalen und später auch in Hessen und Niedersachsen gescheckte Milchschafe ins Herdbuch eingetragen. Auch hier gilt: Alle Zuchtrichtungen (weiß, schwarz, gescheckt) des Ostfriesischen Milchschafes haben weitestgehend die gleichen genetischen Grundlagen. Im Rasseausschuss wurde die Zucht Gescheckter Milchschafe zunächst sehr Kontrovers diskutiert. Aber bereits 2007 wurde mehrheitlich beschlossen, dass die Rasse Ostfriesisches Milchschaf fortan als eine Rasse mit drei Farbschlägen bezeichnet werden soll.

Bei jedem Zuchttier soll der Farbschlag mit den Buchstaben w (weiß), s (schwarzbraun) und g (gescheckt) abgebildet werden. Die vom Rasseausschuss erarbeitete Zuchtzielbeschreibung wurde 2000, von der VDL -Mitgliederversammlung beschlossen.

In den letzten 10 Jahren ist die Milchschafzucht – vor allem die Zahl der Zuchtbetriebe – in Deutschland stark zurückgegangen. Leider beteiligen sich insbesondere die Melkbetriebe kaum an der Milchleistungsprüfung und an der Herdbuchzucht. In den Bundesländern Sachsen und Niedersachsen wird die Zucht dieser Rasse seit wenigen Jahren gefördert. Förderlich für die Verbreitung dieser Rasse wäre sicherlich auch, wenn zukünftig einige Molkereien bereit wären neben Kuhmilch auch Schafmilch und evtl. Ziegenmilch zu verarbeiten.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen

Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht
- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.1.4 Milchleistungsprüfung

Die Milchleistungsprüfung wird nach einer vom Internationales Komitee für Leistungsprüfungen in der Tierproduktion (ICAR) festgelegten Methode durchgeführt. Wird sie nach der vom ICAR festgelegten Standardmethode durchgeführt, so nimmt ein amtlicher Prüfungsbeauftragter Einzelprüfungen im Abstand von je etwa 30 Tagen im Prüfungsjahr vor (A-Methode).Bei der B-Methode führt der Betriebsleiter die Mengenmwessungen und Probenahmen durch. Die in einer Einzelprüfung festgestellte Milchmenge, Fettmenge und Eiweißmenge wird mit der Anzahl der Melktage des Prüfungszeitraums multipliziert; der Lammtag gilt nicht als Melktag.

Am Prüfungstag werden mindestens die Milchmenge festgestellt und daraus der Fettgehalt und der Eiweißgehalt ermittelt (Einzelprüfung). Die Milchmenge ergibt sich aus allen Gemelken des Prüfungstages. Für die Ermittlung des Fettgehaltes und des Eiweißgehaltes wird eine für mindestens zwei Untersuchungen ausreichende Milchprobe entnommen und die bei jeder Melkzeit ermittelte Milchmenge berücksichtigt. Aus der Milchmenge, dem Fettgehalt und dem Eiweißgehalt werden die Fettmenge und die Eiweißmenge berechnet. In einer Laktation werden bei Schafen mindestens fünf, bei Ziegen mindestens acht Einzelprüfungen durchgeführt.

Zur Darstellung der Ergebnisse der Milchleistungsprüfung werden mindestens verwendet:

- bei Schafen die 150-Tage-Leistung; sie ist die Leistung vom Tage nach dem Lammen bis zum Ende des letzten Prüfungszeitraums dieser Laktation, längstens jedoch bis zum Ablauf des 150. Laktationstages. Angegeben werden die Ordnungszahl der Laktation und die Anzahl der Laktationstage;
- bei Ziegen die 240-Tage-Leistung; sie ist die Leistung vom Tage nach dem Lammen bis zum Ende des letzten Prüfungszeitraums dieser Laktation, längstens jedoch bis zum Ablauf des 240. Laktationstages. Angegeben werden die Ordnungszahl der Laktation und die Anzahl der Laktationstage.

Zusätzlich können verwendet werden:

- Jahresleistung; sie ist die Leistung in einem Prüfungsjahr;
- die mittlere Jahresleistung; sie wird berechnet, indem die Leistung in der Zeit vom Tage nach dem ersten Lammen bis zum Ende des letzten abgeschlossenen Prüfungsjahres, bei abgegangenen Tieren bis zu ihrem Abgang, durch die Anzahl der Tage dieses Zeitraumes dividiert und das Ergebnis mit 365 multipliziert wird; Voraussetzung

für die Berechnung ist, daß mindestens zwei Laktationen abgeschlossen sind und der Zeitraum vom ersten Lammen an mindestens 730 Tage beträgt;

- die Lebensleistung; sie ist die Leistung vom Tage nach dem ersten Lammen bis zum Ende des letzten abgeschlossenen Prüfungsjahres, bei abgegangenen Tieren bis zum Abgang;
- die Bestandsdurchschnittsleistung; sie wird berechnet, indem die Milchmenge, Fettmenge und Eiweißmenge eines Bestandes im Prüfungsjahr durch die Summe der Futtertage des Bestandes dividiert und die Ergebnisse mit 365, in einem Schaltjahr mit 366 multipliziert werden.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt. Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Maediprogramm

Maedi ist eine virusbedingte, langsam verlaufende Infektionskranheit der Schafe. Infizierte Tiere bleiben lebenslang Virusträger, eine Heilung oder Schutzimpfung sind derzeit nicht möglich.

Die Übertragung von Maedi erfolgt hauptsächlich über die Milch einschließlich Kolostrum, über virushaltiges Nasensekret und möglicherweise Sperma. Die Verbreitung des Erregers erfolgt u.a. durch die Einstallung infizierter, klinisch nicht erkrankter Tiere.

Die Krankheit kann wirtschaftliche Verluste durch chronische Lungenentzündungen, Gehirnentzündungen (sog. Visna), Rückgang der Milchleistung infolge von Euterentzündungen, verringerte Zunahmen bei den Lämmern, verminderte Schlachterlöse und letztlich durch vorzeitigen Tod bzw. Merzung der Zuchttiere hervorrufen. Die klinischen Anzeichen gestatten nur eine Verdachtsdiagnose. Die Verdachtsdiagnose ist durch serologische Untersuchungen oder durch pathologisch-anatomische und histologische Untersuchungen abzuklären.

Zuchtbetriebe des Ostfriesischen Milchschafs nehmen in vielen Zuchtverbänden an freiwilligen Maedi-Sanierungen teil. Es werden spezielle Auktionen für maedi-unverdächtige Schafe durchgeführt.

2.4 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssystem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.5 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in

eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 8 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Großrahmiges Schaf mit länglichem, leicht ramsnasigem und hornlosem Kopf mit edlem Ausdruck. Der Kopf ist mit feinen Stichelhaaren bedeckt. Die langen, dünnen Ohren sind nach vorn gerichtet, die Augen groß mit stark entwickelten Tränendrüsen. Der Rumpf ist lang und tief. Dünner, langer und unbewollter Schwanz. Das geräumige Euter ist fest aufgehängt und breit angesetzt. Lang und abgewachsene Crossbred-Wolle mit einer Feinheit von 32 - 38 μ. Die Farbe der Wolle, des Kopfes und der Gliedmaßen reicht von einheitlich weiß (W) über einheitlich schwarzbraun (S) bis hin zu gescheckt (G) und ist - soweit bekannt - in der Zuchtbescheinigung beim Tier und allen abgebildeten Vorfahren zu vermerken. Saisonaler Brunstzyklus.

Tabelle 2: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	110-130				
Jährlinge	90-120				
Lammböcke	65-80				
Mutterschaf	70-100	5-7	200-300		
Zuchtlämmer					

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Mastlämmern im Bereich von 300 - 400 g, die Milchleistung beträgt ca. 400 bis 600 kg Milch (150-Tageleistung) bei etwa 5 - 6 % Fett und 4 - 5 % Eiweiß.

3.1 Zuchtziel

Ein großrahmiges, widerstandsfähiges und anpassungsfähiges Schaf mit geschlossenem, langem und tiefem Rumpf, das bei entsprechender Fütterung eine hohe Leistungsbereitschaft zeigt. Ausgeprägte Rippenwölbung, feste Rippenpartie. Der Rücken ist lang, fest und gerade, die Kruppe leicht abschüssig und nicht zu kurz. Kleine helle Einschlüsse (Flamme oder Spiegel) in den Augen sind unerwünscht, keine Zuchtverwendung bei Fischaugen. Das Schaf soll gut bemuskelt und die Gliedmaßen eine korrekte Stellung und straffe Fesseln aufweisen. Fehlerfreier Gang. Korrektes Gebiss. Die Wolle soll lang und abgewachsen sein in dichtem, geschlossenem Stapel bei ausgeglichenem Sortiment. Frei von Wollfehlern. Pigmentflecken sind bei Zuchttieren des weißen Farbschlags unerwünscht, bei einem Durchmesser von mehr als 2 cm sollte von einer Zuchtverwendung abgesehen werden. Altersflecken sind ohne Bedeutung. Entsprechendes gilt für Zuchttiere des schwarzbraunen Farbschlags, hier sollte bei Tieren mit weißen Flecken auf eine weitere Zuchtverwendung innerhalb dieses Farbschlags verzichtet werden. Die Muttertiere sind frühreif, fruchtbar und leicht lammend. Das Milchschafeuter soll zum Säugen der Lämmer und zum Hand- und Maschinenmelken geeignet sein. Das Euter soll vorne und hinten fest aufgehängt sein. Dabei ist die Aufhängung breit und lang. Das Zentralband soll hinten möglichst hoch angewachsen sein und vorne möglichst weit am Bauch auslaufen. Dabei soll sich ein gut ausgebildetes Vor- und auch Hintereuter ergeben. Das Zentralband teilt das Euter in zwei symmetrische Hälften ohne zu stark einzuschneiden. Das Euter ist drüsig. Eine Bewollung darf auf keinen Fall das Melken behindern oder die Melkhygiene beeinflussen. Der Euterboden liegt nicht tiefer als drei Finger breit über dem Sprunggelenk. Die Striche des Euters müssen den Anforderungen der Lämmeraufzucht und des Melkens genügen. Sie sollen in Form, Ansatz und Stellung symmetrisch zueinander sein. Die Striche sind am Euterboden angesetzt, sie sind zylindrisch bis konisch geformt und nach vorne abgerundet. Die Strichöffnung liegt zentral auf der Zitzenkuppe. Die Striche zeigen leicht nach vorne-außen.

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Ostfriesisches Milchschaf:

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.
Haydnstraße 11
80336 München
Tel.: 089 / 53 62 27
Email: bhg-schafzucht@t-online.de
www.bhg-schafzucht.de

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
Kölnische Str. 48 - 50
34117 Kassel
Tel.: 0561/16984
Email:
www.schafe-hessen.de

Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.
Karow, Zarchliner Str. 7
19395 Plau
Tel.: 038738/73071
Email: schafzucht@rinderzucht-mv.de
www.schafzucht-mv.de

Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 0711/16655-40
Email: Wohlfarth@schaf-bw.de
www.schaf-bw.de

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/329777
Email: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de
schafzucht-niedersachsen.de

Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.
Mars-la-Tour-Str. 6
26121 Oldenburg
Tel.: 04 41-8 21 23
Email: LSV@LWK-Niedersachsen.de
www.schafzuchtverband-weser-ems.de

Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.
Peter-Klöckner Str. 3
56073 Koblenz
Tel.: 0261/91593231
Email: rainer.wulff@lwk-rlp.de

Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.
Am Johannishof 3
99085 Erfurt
Tel.: 0361/7498070
Email: lv@thueringer-schafzucht.de
www.thueringer-schafzucht.de

Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431/332608
Email: info@schafzucht-kiel.de
www.schafzucht-kiel.de

Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.
Ostende 5
04288 Leipzig
Tel.: 034297/919651
Email: sszv leipzig@sszv.de
www.sszv.de

Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.
Bleichstr. 41
33102 Paderborn
Tel.: 05251-32561
Email: schafzuchtverband@lwk.nrw.de
www.schafzucht-nrw.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

VDL-Rasseausschuss Milchschafe
Der Ausschuss koordiniert die Zucht des Ostfriesischen Milchschafes aber auch anderer Milchschafrassen

Literatur

Hier eine Auswahl ohne Anspruch auf Vollständigkeit

- Tagungen
  - Internationale Milchschaf-Fachtagungen: seit 1986 alle zwei Jahre zuletzt 2010 in Sursee (Schweiz). In der Regel wir ein Tagungsband herausgegeben.
- Broschüren etc.
  - Das Ostfriesische Milchschaf (VDL Rasseauschuß Milchschafe, 2011)

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Ausgehend von dem Usprungszuchtverband Weser-Ems lassen sich in fast allen Schafzuchtverbänden Elterntiere des Ostfriesischen Milschafes finden. Bedeutend sind abei die Verbände Schleswig-Holstein, Sachsen und Niedersachsen (siehe Tabelle 3).

Mit Abstand die grössten Anzahlen an Zuchttieren sind in Regionen mit der Postleitzahl beginnend mit 2 zu finden gefolgt von 0 und 3 (siehe 1)

Tabelle 3: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
LSV Baden-Württemberg e.V.	8	56
Hessen	5	69
LSV Niedersachsen	18	698
SSZV (Sachsen)	39	640
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	5	22
BHG	8	74
SZV NRW e.V.	15	130
LV Thür. Schafzüchter e.V.	2	8
Weser-Ems	52	634
Berlin-Brandenburg	8	100
SH-S	5	233
LSZV MV	3	76
Gesamt(Alle Verbände)	168	2740

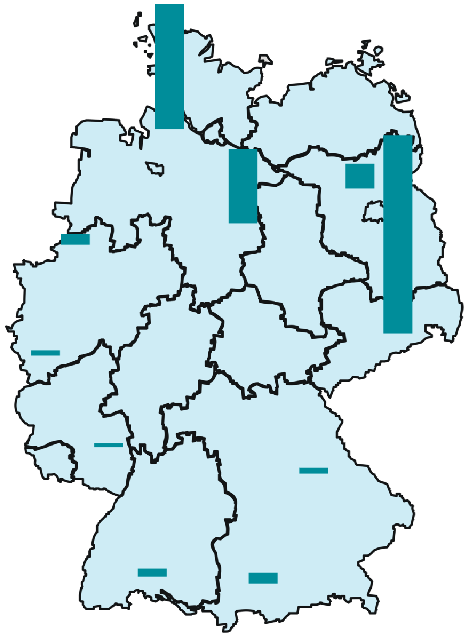
[a]für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Tabelle 4: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
1139	0
151	1
1283	2
431	3
65	4
37	5
23	6
53	7
75	8
40	9

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



6.2 Herdenstruktur

Analog zu den Tierzahlen verteilen sich auch die Herden auf die Verbände und Regionen.

Tabelle 5: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
3	LV Thür. Schafzüchter e.V.
3	Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz
6	LSZV MV
7	Hessen
9	BHG
9	LSV Baden-Württemberg e.V.
11	Berlin-Brandenburg
14	SZV NRW e.V.
16	LSV Niedersachsen
27	SSZV (Sachsen)
39	Weser-Ems
56	SH-S
200	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 6: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
32	0
11	1
93	2
21	3
11	4
8	5
4	6
8	7
8	8
3	9
199	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Mit ca 100 Herden in der Grössenklasse bis 10 Zuchttiere wird zum einen eine sehr kleinstrukturierte Zuchtbasis deutlich. Zum anderen wird aber auch Zucht in grösseren Beständen betrieben (siehe Tabelle 7).

Tabelle 7: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
85	1 bis 9
70	10 bis 19
22	20 bis 29
8	30 bis 39
2	40 bis 49
2	50 bis 59
2	60 bis 69
1	80 bis 89
1	90 bis 99
7	100 und mehr

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

In Tabelle 8 wird aus den Anzahl der Ablammungen ein Verringerung der Zuchtaktivitäten deutlich, die sich in jüngster Zeit aber auf ein stabiles Niveau von 2000 Ablammungen einzupendeln scheint.

Tabelle 8: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	2796	4864	402	180	762
2001	2899	5112	361	150	825
2002	2973	5086	400	185	778
2003	2840	4400	426	186	769
2004	2715	4391	396	172	834
2005	2525	4078	457	175	667
2006	2535	3938	475	168	504
2007	2258	3658	408	159	426
2008	2017	3147	341	151	822
2009	1813	2943	310	157	534
2010	1801	3489	367	152	642
2011	2128	4089	402	159	1051
2012	1860	3492	411	133	514

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 9: Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein

	Anzahl			
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	61	131	3	
2001	36	70	3	
2002	32	42	4	
2003	23	43	3	
2004	36	77	2	1
2005	29	65	1	3
2006	52	70	4	11
2007	64	87		14
2008	55	76		15
2009	69	94	2	11
2010	72	87	3	9
2011	55	75	1	5

Die Milchleistungsprüfung sollte in einer Milchschafzucht ein bedeutende Rolle spielen. Es zeigt sich aber leider eine starke Verringerung der Prüfdichte bei jüngeren Tieren (vergl. Tabelle Anzahl Tiere mit Milchleistungspruefungen nach Geburtsjahr)

Tabelle 10: Anzahl Tiere mit Milchleistungsprüfungen nach Geburtsjahr

Jahr[a]	Anzahl
2000	430
2001	336
2002	367
2003	311
2004	284
2005	256
2006	206
2007	173
2008	132
2009	124
2010	51
2011	16

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Mit Beginn des TSE-Resistenzuchtprogramms können hohe Untersuchungszahlen festgestellt werden (siehe Tabelle 11). In den jüngeren Jahrgängen ist ein starker Rückgang der Untersuchungsdichte zu verzeichnen. Ein Grund für den Rückgang ist sicherlich in der erfolgreichen Umsetzung des TSE-Resistenzuchtprogramms zu sehen (vergl. Abschnitt 2.2 auf Seite 13)

Tabelle 11: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	353	2.8	10	11.3	40	9.3	33	-	-	13.6	48	32.9	116
2001	397	2.8	11	18.6	74	9.3	37	-	-	15.4	61	26.7	106
2002	629	8.7	55	20.8	131	12.6	79	-	-	8.7	55	22.9	144
2003	860	13.8	119	29.7	255	17.7	152	0.1	1	14.8	127	9.5	82
2004	1185	21.4	254	30.4	360	18.3	217	0.1	1	7.8	93	10.8	128
2005	778	32.0	249	31.1	242	18.8	146	-	-	4.0	31	5.0	39
2006	649	38.7	251	30.7	199	19.1	124	-	-	3.7	24	3.7	24
2007	822	31.9	262	33.5	275	19.0	156	0.1	1	0.9	7	5.5	45
2008	412	50.7	209	27.7	114	15.3	63	-	-	-	-	3.2	13
2009	352	55.7	196	26.4	93	11.4	40	-	-	0.3	1	2.6	9
2010	428	61.9	265	21.0	90	13.3	57	-	-	-	-	1.6	7
2011	382	59.2	226	18.8	72	16.0	61	-	-	0.3	1	2.9	11
2012	338	51.2	173	22.5	76	14.2	48	-	-	-	-	2.1	7

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 12 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 13 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die Anzahl geborener und registrierter Tiere der Rasse „Ostfriesisches Milchschaf“ erreicht in den Jahren 1998 – 2002 ein Maximum mit a. 6.000 Lämmern. Ab 2003 nimmt die Zahl ab auf derzeit ca. 4.000 registrierte Lämmer. Aufgrund des Verhältnisses der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 12 ist davon auszugehen, dass nicht alle geborenen männlichen Lämmer in den Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden. Laut Tabelle 13 ist die Rasse in nahezu allen Bundesländern vertreten mit Schwerpunkten in Niedersachsen, Bayern, Sachsen und Nordrhein-Westfalen.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 14 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 14 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Aus Tabelle 14 ist ersichtlich, dass von 415 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 195 und von 3.107 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 2.133 leben. 195 noch lebende Schafböcke und 2.133 noch lebende Mutterschafe, geboren 2005 – 2010, bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring der Ostfriesischen Milchschafe.

Tabelle 12: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	1.054	1.776
1991	1.251	1.919
1992	1.847	2.661
1993	2.003	2.620
1994	1.912	2.635
1995	1.892	2.498
1996	2.141	2.958
1997	2.191	2.955
1998	2.430	3.150
1999	2.480	3.178
2000	2.541	3.372
2001	2.773	3.300
2002	2.898	3.103
2003	2.125	2.688
2004	2.230	2.574
2005	1.894	2.729
2006	1.875	2.414
2007	1.811	2.199
2008	1.536	1.867
2009	1.470	1.714
2010	1.658	1.964
2011	1.982	2.115

Tabelle 13: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	682
LSZV MV	572
LSV Baden-Württemberg e.V.	262
LSV Niedersachsen	2.991
Weser-Ems	9.473
LV Thür. Schafzüchter e.V.	53
SSZV (Sachsen)	7.025
Berlin-Brandenburg	657
SZV NRW e.V.	3.652
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	126
SH-S	669
BHG	8.565

Tabelle 14: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	1.894	2.729	101	649	18	232
2006	1.875	2.414	94	479	28	251
2007	1.811	2.199	54	650	20	454
2008	1.536	1.867	55	439	36	352
2009	1.470	1.714	60	485	49	448
2010	1.658	1.964	51	405	44	396
Gesamt	10.244	12.887	415	3.107	195	2.133

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \quad (1)$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \quad (2)$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 15 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 16 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 15 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 16 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 17 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 17 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 175 von 195 Böcken (=90%) und 1.545 von 2.133 Mutterschafen (=72%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Dieser Anteil an Tieren mit ausreichenden Abstammungsinformationen für das Monitoring ist bezogen auf andere Schafrassen auf der Vaterseite als überdurchschnittlich und auf der Mutterseite als unterdurchschnittlich zu bewerten. Die verbleibende Monitoring Population C des Ostfriesischen Milchschafes umfasst dann insgesamt 6.542 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Im Maximum sind bis zu 15 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert. Im Regelfall aber wesentlich weniger.

Tabelle 15: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	5	0.00	14	0.00
1981	11	0.02	15	0.00
1982	18	0.00	30	0.04
1983	28	0.06	42	0.04
1984	28	0.10	45	0.08
1985	35	0.06	51	0.09
1986	40	0.13	62	0.10
1987	41	0.15	85	0.13
1988	57	0.18	87	0.16
1989	51	0.19	91	0.20
1990	49	0.19	102	0.25
1991	49	0.19	102	0.23
1992	45	0.23	114	0.32
1993	65	0.31	114	0.33
1994	75	0.40	122	0.39
1995	67	0.45	134	0.50
1996	75	0.50	138	0.56
1997	63	0.58	149	0.61
1998	74	0.62	140	0.65
1999	70	0.70	185	0.69
2000	61	0.75	186	0.76
2001	69	0.77	182	0.79
2002	72	0.75	216	0.79
2003	79	0.81	215	0.81
2004	91	0.81	235	0.84
2005	81	0.83	338	0.88
2006	78	0.86	280	0.88
2007	63	0.88	427	0.94
2008	54	0.91	294	0.94
2009	57	0.95	339	0.95
2010	42	0.95	292	0.95

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

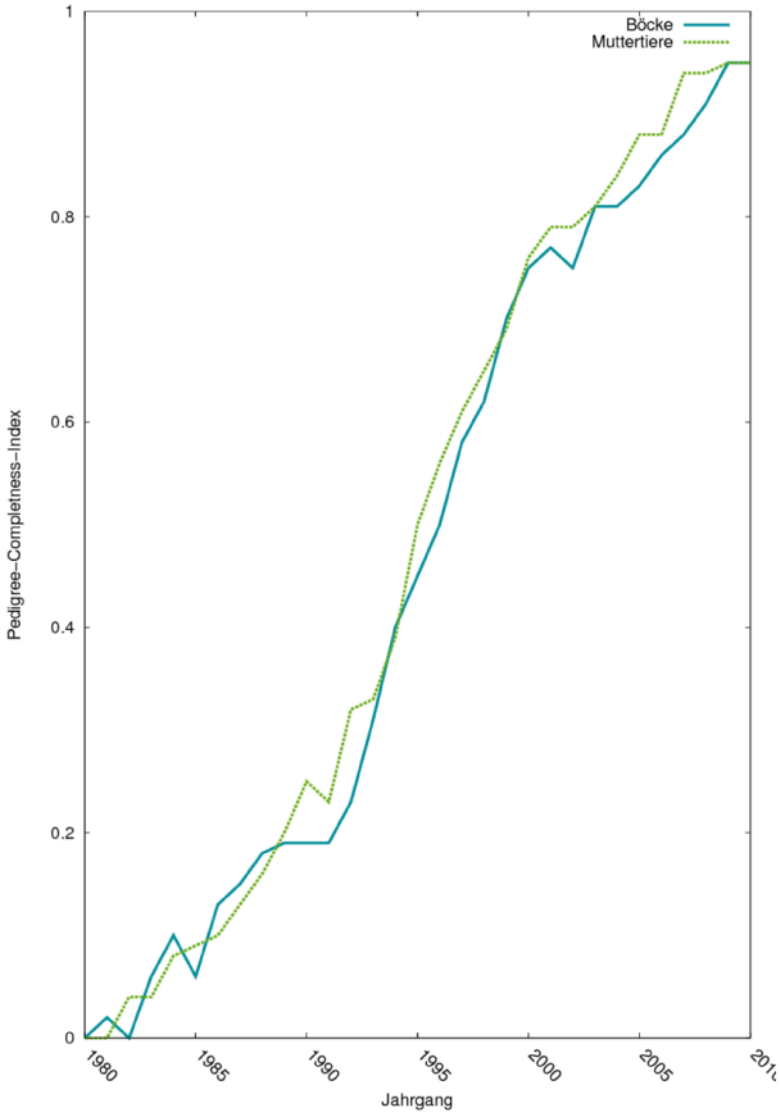


Tabelle 16: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (6542 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	175	0.95	1545	0.94
2	251	0.84	937	0.83
3	279	0.73	646	0.71
4	241	0.58	499	0.57
5	205	0.43	429	0.40
6	176	0.31	290	0.29
7	146	0.26	209	0.24
8	86	0.19	127	0.18
9	65	0.17	71	0.15
10	37	0.16	50	0.11
11	23	0.13	24	0.09
12	5	0.05	11	0.10
13	7	0.00	4	0.00
14	2	0.13	1	0.00
15	0	0.00	1	0.00
Gesamt	1698		4844	

Tabelle 17: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1720 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	13	0.97	165	0.94
2006	26	0.90	184	0.94
2007	19	0.96	333	0.95
2008	34	0.93	254	0.94
2009	41	0.97	317	0.95
2010	42	0.95	292	0.95
Gesamt	175		1545	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 18 und die Muttertiere (Tabelle 19) ausgewiesen. Da keine fremdrassigen Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern der Ostfriesischen Milchschafe registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) kein Fremdgenanteil festzustellen.

Tabelle 18: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Ostfriesisches Milchschaf	sonstige	unbekannt
2005	13	1.50	100.00	0.00	0.00
2006	26	3.22	100.00	0.00	0.00
2007	19	3.67	100.00	0.00	0.00
2008	34	2.57	100.00	0.00	0.00
2009	41	2.83	100.00	0.00	0.00
2010	42	2.19	100.00	0.00	0.00
Ges.	175	2.68	100.00	0.00	0.00

Tabelle 19: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Ostfriesisches Milchschaf	sonstige	unbekannt
2005	165	2.26	100.00	0.00	0.00
2006	184	2.04	99.97	0.03	0.00
2007	333	2.47	100.00	0.00	0.00
2008	254	3.25	100.00	0.00	0.00
2009	317	2.86	100.00	0.00	0.00
2010	292	2.49	100.00	0.00	0.00
Ges.	1545	2.61	100.00	0.00	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Genera-

tionsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 20 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Abgeleitet aus dem Alter der Eltern der Monitoring-Ausgangspopulation C ist auf der Vaterseite ein um 1,2 Jahre geringeres Generationsintervall zu beobachten als auf der Mutterseite. Die Eltern der Böcke sind etwas jünger als die Eltern der Muttertiere. Insgesamt liegt das mittlere Generationsintervall bei 2,86 Jahren. Es ist damit das kürzeste mittlere Generationsintervall in allen analysierten Schafrassen (Mittel ca. 3,6 Jahre).

Tabelle 20: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	175	2.08
Mutter auf Vater	175	3.47
Vater auf Mutter	1.545	2.36
Mutter auf Mutter	1.545	3.53

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 2.86 Jahre

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $>$ 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $>$ 0,70 der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht.Da aufgrund der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen, vor allem auf der Mutterseite, bei vielen Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann bei den Ostfriesischen Milchschafen auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden. Daher resultiert ein weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von N_e = 464. Aufgrund der unzulänglichen Daten scheint die beschriebene Methodik bei dieser Rasse nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Mittl. Generationsintervall : 2.86 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 464.11

Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation

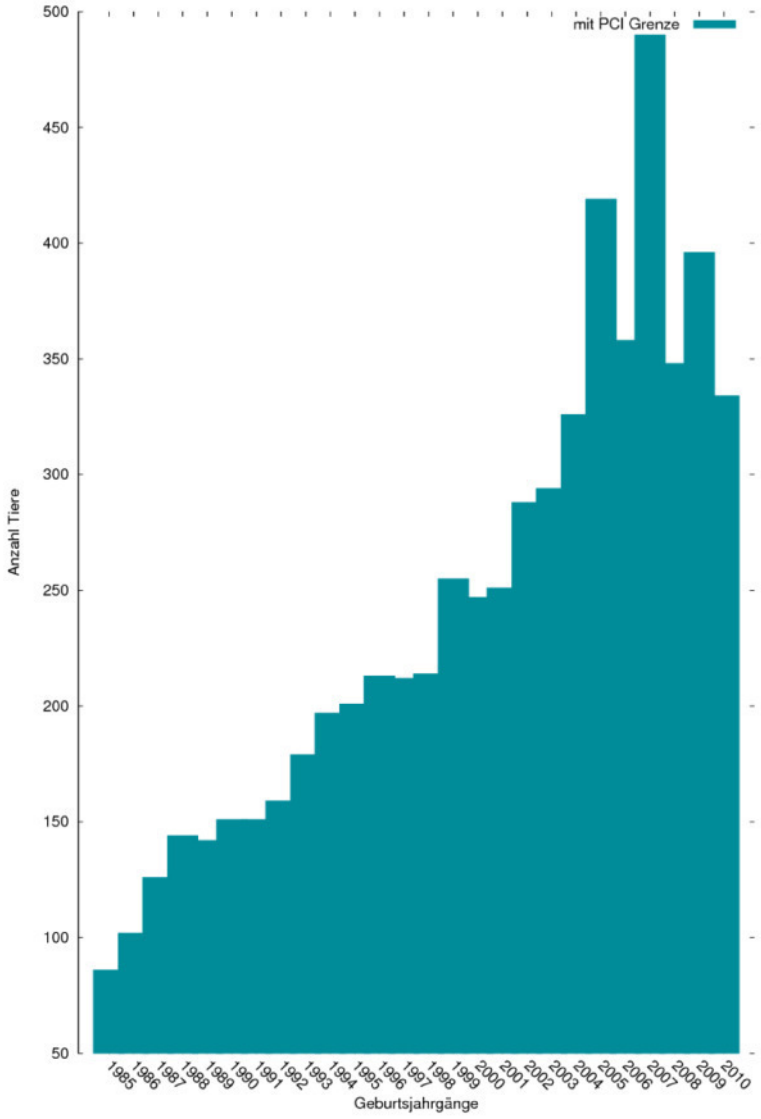
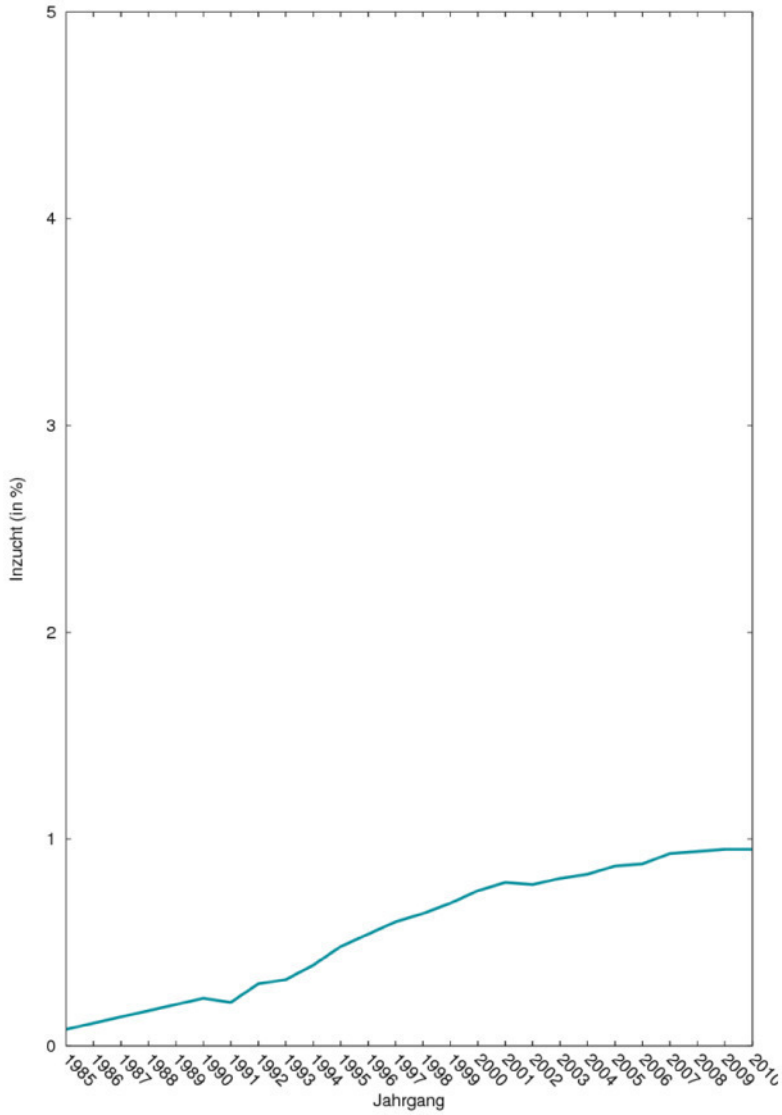


Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Ostfriesisches Milchschaf)



7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 21 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 22 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 186, berechnet aus 635 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 21, weist aber auf eine etwas engere Blutführung und genetische Variabilität hin als der Wert der effektiven Populationsgröße. Lt. Tabelle 22 haben lediglich 2 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation.

Tabelle 21: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	635	249	292
Anzahl effektive Foundertiere	186		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 23 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, f_a = 113, weist noch deutlicher auf die Überschätzung von Ne hin. Es sind nur 6 dominante Ahnen (>2% Genanteil), in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 23). Ein Bottle Neck Effekt durch einen oder mehrere sehr dominante Ahnen kann nicht nachgewiesen werden. Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen damit auf eine etwas eingeschränktere genetische Variabilität in der Rasse hin als die Maßzahl Ne. Insgesamt kann aber mit alle vorliegenden Auswertungen keine wesentliche Einschränkung der genetischen Diversität nachgewiesen werden.

Tabelle 22: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
NL0221-01237	26.01.2003	männlich	2.40
WE60/10830	07.03.1989	männlich	2.30
RH60/06830	31.12.2000	männlich	1.96
RH60/620	22.02.1991	weiblich	1.72
50559	19.01.1990	männlich	1.60
RH60/619	21.01.1991	weiblich	1.40
RH60/0566	16.02.1993	männlich	1.34
NL0269-00027	15.05.2002	männlich	1.33
NL0166-00173	03.03.2002	männlich	1.26
SN60003079081	21.02.1989	männlich	1.09
WE60/18449	10.02.1989	weiblich	1.08
WE60/10940	16.01.1991	männlich	0.98
WE60/11231	06.02.1992	männlich	0.88
MV60000056511	20.01.1986	männlich	0.83
WE60/18048	11.02.1988	weiblich	0.83
WE60/19302	26.01.1991	weiblich	0.83
SN60431081891	20.03.1981	weiblich	0.82
SN60210003324	18.02.1993	männlich	0.80
RH60/51	09.03.1990	weiblich	0.79
WE60/10925	18.02.1989	männlich	0.78
WE60/21717	15.01.1998	weiblich	0.71
WE60/18118	14.02.1988	weiblich	0.70
WE60/18543	21.02.1989	weiblich	0.70

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
SN60510813005	06.02.1991	männlich	0.67
WE60000019401	01.01.1991	weiblich	0.63
HE60003000489	01.01.1994	weiblich	0.62
SN60390074528	30.03.1984	weiblich	0.60
RH60/0955	05.03.1999	männlich	0.58
WE60/19421	02.02.1991	weiblich	0.57
06820	31.12.2000	männlich	0.54
WE60/19305	31.01.1991	weiblich	0.53
SN60431088847	15.03.1988	weiblich	0.52
WE60/17935	27.02.1987	weiblich	0.52
SN60210863356	18.01.1986	weiblich	0.51
SN60210843002	23.01.1984	weiblich	0.51
WE60/11022	12.02.1992	männlich	0.51

Anzahl effektiver Ahnen : 113

Tabelle 23: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
RH60/07824	10.02.2002	männlich	3.1
SN60510097907	29.01.1997	männlich	2.7
NL0221-01237	26.01.2003	männlich	2.4
0910969041	22.01.2002	männlich	2.3
WE60/10830	07.03.1989	männlich	2.1
WF000117	08.03.2004	männlich	2.1

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 24 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (0,58%) der 195 noch lebenden Vatertiere zu den 2.133 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation (Ausgangselternpopulation B) zeigen ebenfalls keinen signifikanten Trend zur Blutlinienverengung auf.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 0.58 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 195
Anzahl verfügbare Mütter: 2133

Tabelle 24: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE011400181178	0.00	1.41	64.31	1023	25
DE011400242506	1.65	1.26	51.76	1027	9
DE010310485179	0.39	1.20	50.20	1047	10
DE010310485180	0.39	1.19	33.73	1047	10
DE010310880717	0.36	1.17	50.36	1204	5
DE010310879632	0.20	1.15	50.44	1103	9
DE010310485182	0.20	1.15	38.04	1103	11
DE011210109696	3.35	1.08	53.86	1146	15
DE010310686635	6.36	1.05	31.36	1129	8
DE010310841696	0.00	1.04	50.47	836	12
DE011400181193	0.20	0.95	50.20	1020	4
DE010310497482	0.06	0.93	50.37	1113	8
DE011400181180	0.32	0.92	40.98	993	19
DE011400085456	0.30	0.91	50.30	993	21
DE011400241972	0.30	0.90	50.30	993	21
DE010310497483	0.06	0.90	50.15	1113	8
DE010310466194	0.00	0.90	50.05	1100	8
DE010310875912	0.86	0.88	50.88	1203	6
DE011400216564	2.05	0.85	52.05	730	3
DE010310841734	0.00	0.82	50.00	821	10
DE011400146427	0.47	0.81	51.44	854	15
DE010310497481	0.03	0.81	50.03	1109	8
DE010310865099	0.38	0.79	50.39	1115	12
DE011400241271	0.90	0.79	38.59	730	7
DE010310517221	3.13	0.78	16.04	1025	0
DE010310466196	0.00	0.78	50.00	1020	6
DE010800440298	0.05	0.77	50.05	1186	4
DE010800440297	0.05	0.77	50.05	1186	4
DE011210182979	0.00	0.73	50.00	1283	3

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist relativ über alle Schafrassen gesehen durchschnittlich, und damit für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) noch nicht geeignet. Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt.

- Die entsprechenden Kriterien, abgeleitet aus den Schätzwerten für die effektiven Gründer-

tiere (Founder) bzw. effektiven Ahnen, zeigen besser die Realität. Danach wäre aber die genetische Varianz in der Rasse kaum eingeschränkt.

- Nach diesen Zahlen wären aktuell keine züchterischen Maßnahmen nötig, um die genetische Variabilität in der Rasse gezielt zu erhalten.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- WEISSKÖPFIGES FLEISCHSCHAF -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

Service & Daten aus einer Quelle

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **6**

2.1 Leistungsprüfungen 6

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 6

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 9

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 9

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 10

2.3 Zuchtwertschätzung 10

2.4 Selektion 11

3 Rassebeschreibung **11**

3.1 Zuchtziel 12

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **12**

5 Rassedachverbände oder Vereine **14**

6 Informationen aus dem Herdbuch **14**

6.1 Verteilung auf Verbände 15

6.2 Herdenstruktur 16

6.3 Kennzahlen der Zucht 17

7 Populationsanalyse **22**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 22

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 24

7.3 Genanteile 28

7.4 Mittleres Generationsintervall 29

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 30

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 34

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 37

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 38

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 16

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 27
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 32
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Weißköpfiges Fleischschaf) 33

Tabellenverzeichnis

1 Berrichon Väter . . . 6
2 Leistungsspektrum . . . 12
3 Verteilung Elterntiere auf Verbände . . . 15
4 Verteilung der Tiere auf Regionen . . . 15
5 Anzahl Herden in den Verbänden . . . 16
6 Verteilung der Herden auf Regionen . . . 17
7 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen . . . 17
8 Entwicklung der Zucht . . . 18
9 Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein . . . 18
10 Entwicklung der Stationsprüfungen . . . 19
11 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen . . . 21
12 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht . . . 23
13 Verteilung auf Verbände . . . 23
14 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) . . . 24
15 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) . . . 26
16 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (3571 Tiere) . . . 28
17 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (857 Tiere) . . . 28
18 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage . . . 29
19 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage . . . 29
20 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden . . . 30
21 Kennzahlen zu Foundertieren . . . 34
22 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) . . . 35
23 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 36
24 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren . . . 37

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(Klaus Gerdes, 2012)

An der Nordseeküste von Oldenburg, Stade und Schleswig-Holstein bildete sich aus dort vorhandenen bodenständigen Marschschafen das Weißköpfige Fleischschaf. Das Butjadinger Marschschaf, das Wilstermarschschaf, das Eidenstädter und Dithmarscher Marschschaf galten bereits damals als großrahmig, fleischreich und fruchtbar und als Schaf mit einer sehr guten Säugeleistung. Durch den immensen Fleischbedarf der noch expandierenden Weltmacht Großbritannien wurden ab Mitte des 19. Jahrhunderts zahlreiche Schlachtschafe nach England exportiert. Durch den Import und die Einkreuzung von englischen Zuchtböcken der Rassen Leicester Longwool und Cotswold versuchte man ab etwa 1850 die hiesigen Schafrassen zu verbessern und sich den englischen Marktansprüchen anzupassen.

Der Einfluss englischer Genetik in die o.g. Schläge war unterschiedlich groß und einige Züchter besannen sich auf die Vorteile ihrer heimischen Marschschafe: Fruchtbarkeit, Frühreife und Größenwuchs. In einigen Regionen wurden Züchtervereinigungen gegründet; z.B. im September 1918 die Vereinigung der Züchter des schweren frühreifen Butjadinger Marschschaf mit etwa 40 Züchtern. Sie war von der DLG anerkannt und hatte ihren Sitz in Rodenkirchen. Innerhalb von drei Jahren waren 6.408 Mutterschafe und 811 Zuchtböcke in das Zuchtbuch eingetragen. Alle Tiere wurden im rechten Ohr mit einer Metallmarke mit eingeprägter Herdbuchnummer und der Nachwuchs im linken Ohr mit der Mutternummer und dem Jahr der Geburt gekennzeichnet. Durch die Kennzeichnung, Herdbuchführung, Durchführung einer zentralen Körung und von Prämierungsveranstaltungen und auch durch die Gründung von Schafkontrollvereinen zwecks Ermittlung der Leistungsfähigkeit ist für die Verbesserung der Zucht viel geleistet worden. Im Jahre 1934 wurde dann der Landesschafzuchtverband Oldenburg und drei Jahre später der Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems gegründet.

Die Weißköpfe galten immer als sehr robuste Rasse, die mit den feuchten maritimen Klima auf den Deichen und auch im Deichvorland gut zurecht kamen. Die Rasse war für die Deichschäfereien unentbehrlich. Im Winter kamen die Schafe zur Futterversorgung und wegen der ständigen Flutgefahr ins Hinterland – in Schleswig-Holstein bis nach Ost-Holstein, wo sie auf Milchviehweiden und in Dithmarschen auf Kohlstoppeln durch den Winter gebracht wurden. Der Grassaufwuchs im Herbst war üppig und die Lämmer wurden sehr schwer gemästet und setzten entsprechend Fett an. Deshalb wurde schon um 1970 versucht, durch Einkreuzung der Rasse Berrichon du Cher die Fleischwüchsigkeit und Keulenform zu verbessern. F 1 – Tiere aus der Zucht von Isenberg, Hasenkrug (SH) wurden auch in die Zuchtgebiete Weser-Ems und Stade verkauft. Da die Widerstandsfähigkeit und vor allem die gute Fruchtbarkeit erhalten blieben, fanden die neuen Zuchtprodukte viel Zuspruch und die Rasse konnte sich in Schleswig-Holstein bis 1976 sogar noch ausdehnen.

In den letzten 25 Jahren wurden von Züchtern des Landes-Schafzuchtverbandes Weser-Ems insgesamt sieben Berrichon du Cher-Böcke aus Frankreich importiert und in der Weißkopfzucht eingesetzt (siehe Tabelle 1). Der Import musste von den Züchtern beim Vorstand beantragt werden. Dem Antrag wurde entsprochen, wenn eine Nachkommengruppe (8 männliche Halbgeschwister) in der LPA Rohrsen mit positivem Ergebnis geprüft worden war. Die Berrichon du Cher Böcke haben die Weißkopfzucht beeinflusst: Heute haben viele Weißköpfe eine rote Nase und der Wollschopf am Kopf ist deutlich kleiner geworden und bei einigen Zuchttieren gar nicht mehr vorhanden. Die Schlachtkörpereigenschaften konnten deutlich verbessert werden, wodurch das Weißkopfschaf im Vergleich mit anderen Fleischschafrassen wieder konkurrenzfähig wurde. Beim letzten Import wurden neben drei Zuchtböcken auch weibliche Tiere importiert und eine Kleine Reinzuchtpopulation Berrichon du Cher

aufgebaut.

Weißköpfige Fleischschafe wurden in größerem Umfang immer nur in Schleswig-Holstein und Niedersachsen gezüchtet. Gelegentlich wurden kleinere Zuchten in anderen Bundesländern aufgebaut, aber aus den Nachzuchtgebieten sind kaum Zuchttiere zurück gekommen. 1995 wurde der Bock Holli (WE06/NLC7612164) aus den Niederlanden und 10 Jahre später der Bock 111491 (Dan 671 DK) aus Dänemark importiert. Seit 1985 ist die Weißkopfzucht stark rückläufig. Die Rasse gilt heute als Beobachtungspopulation.

Tabelle 1: Berrichon Väter

Kennzeichnung	Name	Geburtsdatum
WE 06/16043	E FR° Franzoar	13.09.1985
WE 06/16592	FR Gerjet°	10.09.1993
WE 06/16591	FR S* Roger	11.03.1994
WE 06/16593	FR Aljet	19.11.1994
WE 06/FR 970337	Aaron	11.11.1997
WE 06/FR970494	Berri	10.12.1997
WE 06/FR970576	Daniel	15.12.1997

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der

Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht

- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt. Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssys-

tem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 8 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Mittelgroßes einheitlich weißes Fleischschaf mit freiem Gesicht. Ein Wollschopf ist erwünscht, aber nicht zwingend. Der kurze Hals sitzt breit und kräftig an der Brust und Schulter. Die Ohren sind derb und mittelgroß, etwas nach unten stehend, jedoch nicht hängend. Hornlos. Wollbesatz der Extremitäten bis an das Vorderfußwurzelgelenk und an das Sprunggelenk herunter reichend. Ein freies Röhrenbein ist erwünscht. Weiße, etwas gröbere Crossbred-Wolle (36 – 38 μ). Saisonaler Brunstzyklus mit langer Brunstsaison. Erstzulassung im Alter von 7 – 8 Monaten möglich (ab 50 kg Lebendmasse). Für Koppel- und Hütehaltung auf ertragreichen Grünlandstandorten bei feuchtem, maritimen Klima besonders geeignet.

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Mastlämmern im Bereich von 350 - 400 g, die Schlachtausbeute beträgt bei einem handelsüblichen Lebendgewicht von 42 kg 48 - 52 %.

Tabelle 2: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	110-150	6,0-8,0		80-85	90-105
Jährlinge	90-110	6,0-8,0			
Lammböcke	60-80				
Mutterschaf	70-100	5,0-6,0	180	70-80	75-90
Zuchtlämmer	50-60			60-70	70-75

3.1 Zuchtziel

Mittelgroßes bis großes, widerstandsfähiges, frohwüchsiges Fleischschaf mit guter Ausprägung der Fleischtragenden Körperpartien. Der Rumpf soll tief, tonnig in der Rippe und Flanke sein, mit stark nach vorn gewölbter Brust, der Rücken lang und breit, dabei mit fester Nierenpartie und anschließendem kräftigen geradem Becken. Hohes Maß an Anpassungsfähigkeit an unterschiedliche Klima- und Bodenverhältnisse. Die Muttertiere sind sehr frühreif und fruchtbar. Das gesamte Wollvlies ist rein weiß, die Wolle ist bei einer mittleren Feinheit von 36 – 38 μ relativ grob, sie soll aber lang im Wuchs und dicht im Stapel sein. Eine dunkle Pigmentierung der Nasenschleimhäute und der Klauen ist erwünscht. (VDL-Beschluss 2003)

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Weißköpfiges Fleischschaf:

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
Kölnische Str. 48 - 50
34117 Kassel
Tel.: 0561/16984
Email:
www.schafe-hessen.de

Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.
Karow, Zarchliner Str. 7
19395 Plau
Tel.: 038738/73071
Email: schafzucht@rinderzucht-mv.de
www.schafzucht-mv.de

Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 0711/16655-40
Email: Wohlfarth@schaf-bw.de
www.schaf-bw.de

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/329777
Email: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de
schafzucht-niedersachsen.de

Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.
Mars-la-Tour-Str. 6
26121 Oldenburg
Tel.: 04 41-8 21 23
Email: LSV@LWK-Niedersachsen.de
www.schafzuchtverband-weser-ems.de

Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431/332608
Email: info@schafzucht-kiel.de
www.schafzucht-kiel.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

Stader Schafzuchtverband e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/36654495
Email:

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Das Weißköpfige Fleischschaf hat seinen Ursprung in den Verbänden Schlewswig-Holstein, Weser-Ems und Stade, wobei die Zahlen aus Schleswig-Holstein nicht mit den anderen Verbänden verglichen werden können, da nur Teilinforamtionen für das genetische Monitoring in das zentrale Herdbuchsystem integriert wurden (siehe Tabelle 3).

Tabelle 3: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
Stade	5	176
Weser-Ems	26	498
LSZV MV	1	7
Hessen	0	7
LSV Baden-Württemberg e.V.	1	51
LSV Niedersachsen	1	1
Berlin-Brandenburg	1	1
SH-S	103	2028
Gesamt(Alle Verbände)	138	2769

[a]für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

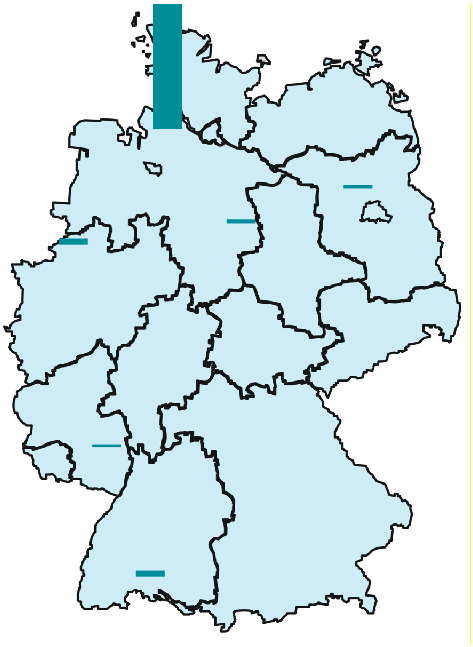
Wie aus der Zuchgeschichte der Rasse zu erwarten, sind die Tiere vornehmlich in den Küstenregioen der Nordsee (Postleitzahlbezirk 2) anzutreffen (siehe Tabelle 4 und Abbildung 1).

Tabelle 4: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
23	1
2405	2
22	3
41	4
3	5
12	6
33	7

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



6.2 Herdenstruktur

Die Zuchtherden werden vornehmlich von den Verbänden SH-S, Weser-Ems und Stade betreut. Nur ganz vereinzelt sind Herden in weiteren Verbänden anzutreffen.(vergl. Tabellen 5 und 6).

Tabelle 5: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	Berlin-Brandenburg
1	Hessen
1	LSV Baden-Württemberg e.V
1	LSV Niedersachsen
2	LSZV MV
9	Stade
21	Weser-Ems
142	SH-S
178	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 6: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
5	1
165	2
1	3
5	4
1	6
1	7
178	gesamt

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Die Zucht des Weißköpfigen Fleischschafes erfolgt vornehmlich in Herden bis 30 Tieren. Vereinzelt sind auch grössere zuchtaktive Herden festzustellen (vergl. Tabelle 7).

Tabelle 7: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
80	1 bis 9
61	10 bis 19
19	20 bis 29
4	30 bis 39
8	40 bis 49
2	50 bis 59
3	60 bis 69
1	100 und mehr

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

Nach einer Phase den der gleichbleibenden bzw. sogar positiven Entwicklung der Zuchtaktivität deutet sich ab 2010 eine Verringerung an (vergl. Tabelle 8). Erfreulich erscheint die Zunahme der Feldprüfung, wenn auch auf einem niedrigen Niveau. In Schleswig-Holstein sind ca 50% der Zuchtaktivitäten gemessen anhand der Anzahl Ablammungen festzustellen. Mit über 100 Teilnahmen an Körungen wird die Bedeutung der Schleswig-Holsteiner als Bocklieferant der Weißkopf-Zucht deutlich (siehe Tabelle 9)

Tabelle 8: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	772	1253	23	55	143
2001	789	1328	15	46	95
2002	794	1208	6	44	172
2003	787	947	21	71	253
2004	897	1175	40	64	152
2005	910	1263	20	33	238
2006	866	1281	29	56	162
2007	817	1160	86	47	94
2008	776	1127	142	65	183
2009	748	1098	108	40	180
2010	642	1038	190	41	180
2011	710	1181	120	44	158
2012	451	755	163	39	101

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 9: Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein

	Anzahl			
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	661	1163	141	
2001	594	1069	107	
2002	596	1097	123	
2003	555	2872	115	
2004	585	1024	134	151
2005	558	999	128	143
2006	644	960	126	181
2007	642	976	130	200
2008	566	894	151	147
2009	588	917	148	145
2010	536	836	109	104
2011	520	827	120	129

In Tabelle 10 ist der Umfang der Stationsprüfungen in der Zucht des Weißköpfigen Fleischschafes dargestellt. Insbesonder in Niedersachsen auf der Station Rohrsen wurden vor 10 Jahren einige Böcke geprüft. In neuerer Zeit wird keine Station mehr beschickt.

Tabelle 10: Entwicklung der Stationsprüfungen

Prüfjahr	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011
Marbach												
Anzahl Prüfkandidaten	-	-	-	-	-	4	4	-	-	-	-	-
Anzahl geprüfte Väter	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-
Anzahl Prüfgruppen	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-
Rohrsen												
Anzahl Prüfkandidaten	18	7	4	7	-	-	-	-	-	-	-	-
Anzahl geprüfte Väter	3	1	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-
Anzahl Prüfgruppen	3	1	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-
gesamt												
Anzahl Prüfkandidaten	18	7	4	7	-	4	4	-	-	-	-	-
Anzahl geprüfte Väter	3	1	1	1	-	1	1	-	-	-	-	-
Anzahl Prüfgruppen	3	1	1	1	-	1	1	-	-	-	-	-

Im Rahmen des Programms zur TSE-Resistenzucht wurden Untersuchungen bei Weißköpfen durchgeführt. Eine Übersicht zu den Ergebnissen bei ausgwählten Genotypausprägungen ist in Tabelle 11 zu finden. Nach einer intensiven Phase ist die Zahl der Untersuchungen stark rückläufig. Ein Grund für den Rückgang ist sicherlich in der erfolgreichen Umsetzung des TSE-Resistenzuchtprogramms zu sehen (vergl. Abschnitt 2.2 auf Seite 10)

Tabelle 11: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	67	70.1	47	23.9	16	-	-	-	-	1.5	1	4.5	3
2001	106	66.0	70	12.3	13	9.4	10	0.9	1	0.9	1	7.5	8
2002	105	76.2	80	14.3	15	4.8	5	1.9	2	-	-	1.9	2
2003	144	76.4	110	17.4	25	0.7	1	2.1	3	-	-	1.4	2
2004	178	70.8	126	20.2	36	-	-	2.8	5	-	-	4.5	8
2005	135	73.3	99	24.4	33	0.7	1	0.7	1	-	-	0.7	1
2006	151	84.1	127	13.9	21	1.3	2	0.7	1	-	-	-	-
2007	104	84.6	88	12.5	13	1.9	2	1.0	1	-	-	-	-
2008	96	83.3	80	13.5	13	3.1	3	-	-	-	-	-	-
2009	91	82.4	75	13.2	12	2.2	2	-	-	-	-	-	-
2010	62	80.6	50	14.5	9	-	-	-	-	-	-	3.2	2
2011	64	75.0	48	14.1	9	4.7	3	-	-	-	-	-	-
2012	28	89.3	25	10.7	3	-	-	-	-	-	-	-	-

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 12 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 13 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die geborenen und registrierten Tiere der Rasse „Weißköpfiges Fleischschaf“ nehmen kontinuierlich über die Geburtsjahre ab auf ca. noch 1.400 registrierte Lämmer pro Jahr. Aufgrund des Verhältnisses der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 12 kann davon ausgegangen werden, dass nicht alle geborenen männlichen Lämmer in Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden. Aus Tabelle 13 ist eine Verteilung über alle Regionen in Deutschland ersichtlich. Die Rasse wird fast ausschließlich in Niedersachsen und Schleswig-Holstein gehalten.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 14 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 14 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Laut Tabelle 14 leben von 136 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 108 und von 1.058 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 825. 108 noch lebende Schafböcke und 1.058 noch lebende Mutterschafe der Geburtsjahrgänge 2005 – 2010 bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring des Weißköpfigen Fleischschafes.

Tabelle 12: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	537	850
1991	545	904
1992	1.063	1.505
1993	1.084	1.425
1994	1.023	1.315
1995	900	1.246
1996	830	1.121
1997	853	1.038
1998	877	1.086
1999	777	963
2000	837	956
2001	807	1.052
2002	730	849
2003	556	679
2004	701	839
2005	726	880
2006	728	879
2007	722	818
2008	691	759
2009	722	704
2010	610	532
2011	550	578

Tabelle 13: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	51
LSZV MV	68
LSV Baden-Württemberg e.V.	89
LSV Niedersachsen	29
Weser-Ems	8.637
Berlin-Brandenburg	48
Stade	1.231
SH-S	5.559
BHG	170

Tabelle 14: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	726	880	36	228	23	145
2006	728	879	27	222	23	156
2007	722	818	30	200	23	158
2008	691	759	23	167	20	142
2009	722	704	12	170	12	154
2010	610	532	8	71	7	70
Gesamt	4.199	4.572	136	1.058	108	825

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 15 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 16 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 15 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 16 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 17 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 17 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 91 von 108 Böcken (=84%) und 766 von 825 Mutterschafen (=93%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Dieser Anteil an Tieren mit ausreichenden Abstammungsinformationen für das Monitoring ist über alle Rassen gesehen überdurchschnittlich. Die verbleibende Monitoring Population C der Weißköpfigen Fleischschafe umfasst dann 3571 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Im Maximum sind bis zu 13 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert.

Tabelle 15: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	1	0.00	36	0.03
1981	4	0.00	36	0.01
1982	1	0.00	40	0.01
1983	2	0.00	57	0.06
1984	10	0.04	41	0.03
1985	16	0.10	52	0.08
1986	22	0.16	66	0.08
1987	15	0.21	56	0.16
1988	27	0.29	84	0.29
1989	27	0.36	79	0.27
1990	26	0.39	62	0.42
1991	32	0.40	65	0.44
1992	30	0.54	81	0.55
1993	34	0.63	77	0.62
1994	16	0.55	76	0.64
1995	26	0.79	61	0.69
1996	25	0.72	78	0.66
1997	27	0.62	72	0.78
1998	36	0.71	79	0.77
1999	17	0.84	81	0.85
2000	29	0.72	98	0.81
2001	21	0.77	115	0.85
2002	25	0.87	114	0.86
2003	24	0.84	113	0.88
2004	29	0.92	117	0.89
2005	37	0.85	193	0.94
2006	33	0.91	191	0.95
2007	29	0.94	168	0.94
2008	22	0.94	147	0.94
2009	10	0.85	139	0.95
2010	7	0.91	68	0.95

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

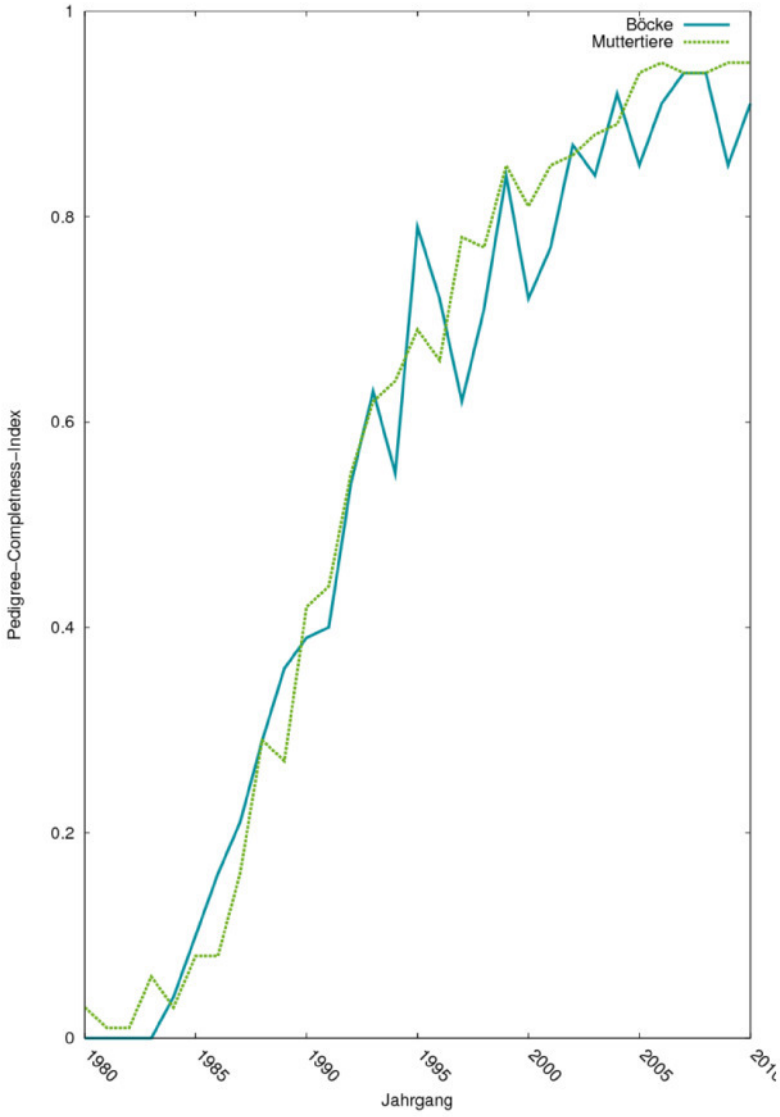


Tabelle 16: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (3571 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	91	0.96	766	0.95
2	117	0.83	510	0.88
3	96	0.76	384	0.79
4	102	0.66	298	0.64
5	91	0.51	245	0.45
6	82	0.39	212	0.27
7	49	0.26	181	0.15
8	22	0.18	137	0.07
9	7	0.17	88	0.04
10	4	0.00	54	0.03
11	0	0.00	23	0.00
12	0	0.00	8	0.05
13	0	0.00	4	0.00
Gesamt	661		2910	

Tabelle 17: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (857 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	18	0.98	140	0.95
2006	18	0.97	142	0.96
2007	21	0.97	144	0.95
2008	20	0.93	136	0.94
2009	7	0.96	136	0.95
2010	7	0.91	68	0.95
Gesamt	91		766	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass

in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 18 und die Muttertiere (Tabelle 19) ausgewiesen. Da fast keine fremdrassigen Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern des SKF registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) nur ein Fremdgenanteil von weniger als 1% festzustellen. Hierfür ist insbesondere die Rasse Berrichon du Cher zu nennen (vergl. Abschnitt 1).

Tabelle 18: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Weißköpfiges Fleischschaf	sonstige	unbekannt
2005	18	1.38	100.00	0.00	0.00
2006	18	1.93	100.00	0.00	0.00
2007	21	1.54	100.00	0.00	0.00
2008	20	2.09	98.75	1.25	0.00
2009	7	1.85	100.00	0.00	0.00
2010	7	1.07	100.00	0.00	0.00
Ges.	91	1.69	99.73	0.27	0.00

Tabelle 19: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Weißköpfiges Fleischschaf	sonstige	unbekannt
2005	140	1.83	100.00	0.00	0.00
2006	142	2.17	100.00	0.00	0.00
2007	144	1.90	99.13	0.87	0.00
2008	136	1.85	98.44	1.56	0.00
2009	136	1.57	99.72	0.28	0.00
2010	68	1.95	100.00	0.00	0.00
Ges.	766	1.88	99.51	0.49	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 20 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Auf der Vaterseite ist das Generationsintervall um ca. 0,6 Jahre kürzer als auf der Mutterseite, dies gilt für die Väter/Mütter der Böcke und der Mutterschafe. Die Eltern der Böcke sind nur unwesentlich jünger als die der Muttertiere. Insgesamt ergibt sich für das Weißköpfige Fleischschaf ein mittleres Generationsintervall von 3,37 Jahren. Damit liegt das mittlere Generationsintervall unter dem Mittel über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre).

Tabelle 20: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	91	3.04
Mutter auf Vater	91	3.59
Vater auf Mutter	766	3.07
Mutter auf Mutter	766	3.77

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.37 Jahre

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter

(mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

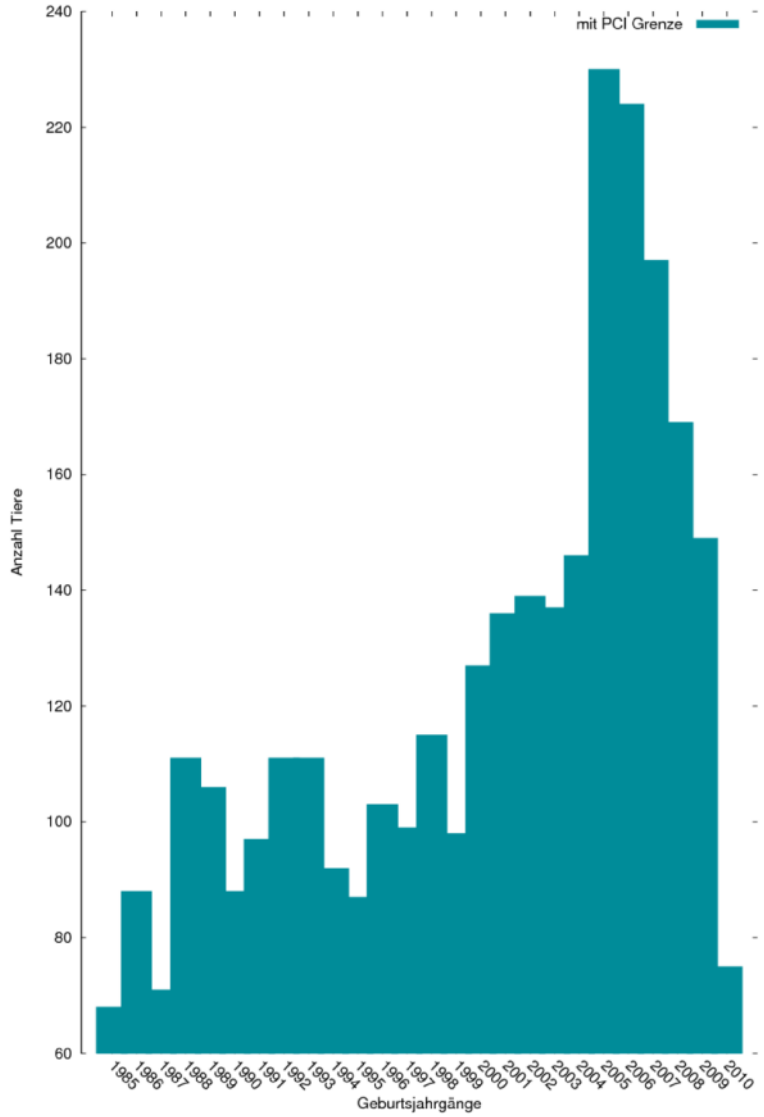
Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation

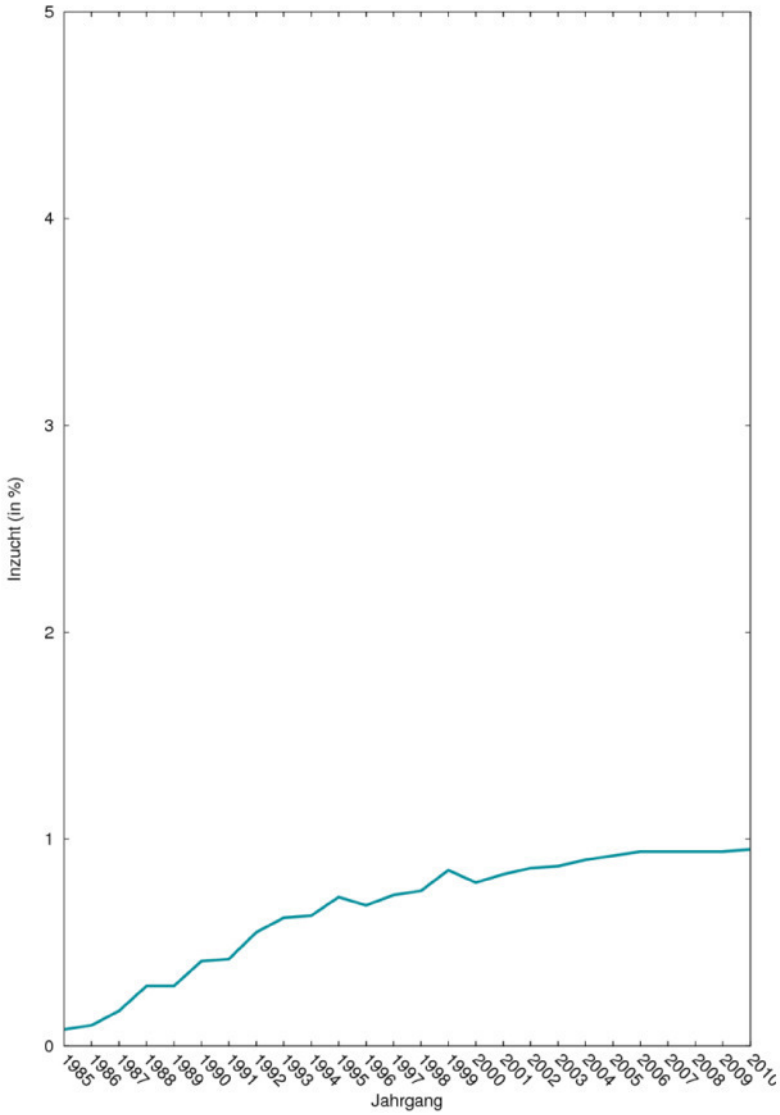
Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation



(C) einbezogen, die einen PCI $> 0{,}70$ unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $> 0{,}70$ der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen bei vielen Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann beim Weißköpfigen Fleischschaf auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden. Daher resultiert ein überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von $N_e = 432$. Aufgrund der unzulänglichen Daten scheint die beschriebene Methodik beim Weißköpfigen Fleischschaf nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Weißköpfiges Fleischschaf)



Mittl. Generationsintervall : 3.37 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 432.32

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 21 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 22 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 108, berechnet aus 246 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 21, weist auf eine engere Blutführung und genetische Variabilität hin als der Wert der effektiven Populationsgröße. Lt. Tabelle 22 haben nur 6 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation.

Tabelle 21: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	246	32	429
Anzahl effektive Foundertiere	108		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 23 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, $f_a = 67$ weist beim Weißköpfigen Fleischschaf noch mehr auf die Überschätzung von Ne hin. Es sind 14 dominante Ahnen (>2% Genanteil) in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 23). Es ist jedoch kein dominanter Ahne (>5%) zu finden, der einen Bottle Neck Effekt verursacht haben könnte. Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen auf eine zwar etwas eingeschränkte aber trotzdem noch breite genetische Variabilität in der Rasse hin.

Tabelle 22: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
WE06/16591	11.03.1994	männlich	4.25
WE06/16043	13.09.1985	männlich	2.97
WE06/FR970576	15.12.1997	männlich	2.90
WE06/FR970494	10.12.1997	männlich	2.23
WE06/FR970337	11.11.1997	männlich	2.03
WE06/16592	10.09.1993	männlich	2.01
WE06/NLC7612164	14.03.1994	männlich	1.97
108884	20.01.1985	männlich	1.62
107820	04.03.1983	männlich	1.50
WE06/60370	29.01.1988	weiblich	1.41
WE06/16261	15.02.1989	männlich	1.23
WE06/59869	16.02.1985	weiblich	1.16
000294	22.02.1993	weiblich	1.11
110436	11.03.1998	männlich	1.11
WE06/60231	25.02.1987	weiblich	0.98
WE06/16273	09.12.1989	männlich	0.95
WE06/59822	15.01.1985	weiblich	0.90
WE06/16369	02.02.1991	männlich	0.88
008210	07.02.1983	weiblich	0.85
107914	03.02.1985	männlich	0.85

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
004841	27.02.1976	weiblich	0.84
005490	15.02.1978	weiblich	0.84
008421	13.03.1983	weiblich	0.83
110925	12.01.1996	männlich	0.83
WE06/NLC9481091	21.03.1999	männlich	0.82
107447	21.03.1982	männlich	0.77
WE06/16341	24.02.1990	männlich	0.70
004916	29.03.1975	weiblich	0.66
108478	19.01.1986	männlich	0.64
012672	11.04.1992	weiblich	0.64
107593	06.02.1984	männlich	0.60
WE06/60853	05.01.1990	weiblich	0.60
005304	12.02.1977	weiblich	0.59
005718	23.02.1977	weiblich	0.59
006043	28.02.1979	weiblich	0.59
006297	21.01.1980	weiblich	0.59
WE06/16094	09.02.1988	männlich	0.56
WE06/59527	20.02.1983	weiblich	0.55
WE06/60313	25.02.1988	weiblich	0.55
009534	27.01.1985	weiblich	0.54
WE06/60350	23.02.1988	weiblich	0.54
007268	06.02.1981	weiblich	0.53
000882	05.05.2000	weiblich	0.53
111491	20.03.2004	männlich	0.53
WE06/16077	26.01.1988	männlich	0.53
WE06/16252	12.03.1989	männlich	0.53
009201	10.03.1985	weiblich	0.50
WE06/59994	26.03.1986	weiblich	0.50

Anzahl effektiver Ahnen : 67

Tabelle 23: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
WE06/16591	11.03.1994	männlich	f 4.1
111708	12.02.2002	männlich	f 3.6
109090	22.01.1988	männlich	f 3.2
WE06/FR970576	15.12.1997	männlich	f 3.0
WE06/16043	13.09.1985	männlich	f 2.7
111236	31.01.1998	männlich	f 2.5
WE06/16427	18.01.1992	männlich	f 2.4
110344	12.02.1993	männlich	f 2.4
WE06/FR970494	10.12.1997	männlich	f 2.3
013924	24.01.1997	weiblich	f 2.3
107484	01.02.1985	männlich	f 2.1
WE005396	16.01.2003	männlich	f 2.0
111197	02.02.1999	männlich	f 2.0
ST06007006160	25.01.1998	männlich	f 2.0

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 24 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (1,48%) der 108 Vatertiere zu den 825 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation sind ebenfalls positiv zu beurteilen, d.h. es ist noch genügend genetische Variabilität vorhanden und bei entsprechender Anpaarung bzw. Bockzukauf in den Herden dürfte Inzuchtzuwachs auch in Zukunft kein gravierendes Problem darstellen.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 1.48 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 108
Anzahl verfügbare Mütter: 825

Tabelle 24: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
ST06007049845	1.59	3.51	51.26	777	39
DE010310249102	15.53	3.17	65.92	459	38
WE031096	0.83	3.17	52.05	508	32
WE007649	0.00	2.98	50.49	474	37
DE010110005511	4.06	2.69	54.36	709	23
112138	1.62	2.67	52.25	709	24
DE010310605069	0.82	2.63	54.55	812	8
DE010110028243	0.00	2.59	53.13	777	14
DE010110005525	3.72	2.55	60.15	714	23
DE010110028238	0.00	2.47	53.15	759	22
DE010310282841	0.00	2.36	50.20	774	21
DE010110028269	0.01	2.35	53.22	763	12
DE010110024743	1.84	2.31	52.53	714	5
DE010110041771	0.68	2.30	34.33	714	22
DE010310503620	0.00	2.29	28.77	539	34
112129	0.92	2.18	50.73	640	14
DE010310268792	0.03	2.15	31.91	810	17
DE010110054336	0.00	2.12	35.99	766	11
DE010310857489	0.46	2.03	50.49	811	8
DE010110019742	1.44	2.02	35.51	714	3
WE028670	0.59	1.96	53.37	764	9
DE010310073837	0.01	1.95	56.26	777	11

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE010110099708	0.52	1.95	32.03	767	3
WE029346	0.02	1.91	51.63	739	13
DE010310511589	0.12	1.89	50.53	811	7
DE010110017719	0.16	1.87	32.42	714	15
DE010110074301	3.21	1.86	53.60	765	3
111649	0.20	1.86	53.40	713	8
DE010110019726	0.15	1.81	54.00	718	5
112118	0.86	1.80	52.19	714	20

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist relativ über alle Schafrassen gesehen zwar gut, aber trotzdem für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) noch nicht ausreichend. Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt.
- Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus den Schätzwerten für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen entspricht besser der Realität.
- Obwohl die aktive Population nur noch weniger als 1000 Tiere umfasst, ist nach diesen Zahlen nach wie vor genügend genetische Variabilität in der Rasse vorhanden, um auch in Zukunft bei entsprechendem Anpaarungsmanagement Inzucht zu vermeiden bzw. die Rasse züchterisch zu bearbeiten.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- RHÖNSCHAF -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **6**

2.1 Leistungsprüfungen 6

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 6

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 9

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 9

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 9

2.3 Zuchtwertschätzung 10

2.4 Selektion 10

3 Rassebeschreibung **11**

3.1 Zuchtziel 12

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **12**

5 Rassedachverbände oder Vereine **14**

6 Informationen aus dem Herdbuch **15**

6.1 Verteilung auf Verbände 15

6.2 Herdenstruktur 16

6.3 Kennzahlen der Zucht 18

7 Populationsanalyse **20**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 20

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 22

7.3 Genanteile 26

7.4 Mittleres Generationsintervall 27

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 28

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 32

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 34

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 35

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 16

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 25
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 30
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Rhönschaf) 31

Tabellenverzeichnis

1 Leistungsspektrum 11
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände 15
3 Verteilung der Tiere auf Regionen 16
4 Anzahl Herden in den Verbänden 17
5 Verteilung der Herden auf Regionen 17
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 18
7 Entwicklung der Zucht 18
8 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 19
9 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 21
10 Verteilung auf Verbände 21
11 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 22
12 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 24
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (5916 Tiere) 26
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1862 Tiere) 26
15 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 27
16 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 27
17 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 28
18 Kennzahlen zu Foundertieren 32
19 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 33
20 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 34
21 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 35

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(Arno Rudolph, 2012)

Das Rhönschaf ist eine der ältesten Schaf- und Nutztierrassen in Deutschland. Aus frühen Aufzeichnungen - 1548 älteste aufgefundene Schäfereiordnung der Stadt Tann in der Rhön und über Schafe in der Region Fulda aus dem Jahr 1585 geht hervor, dass sich die Schafe sehr unterschiedlich zeigten und alle Farbschattierungen aufwiesen. Die Tiere waren breit und schmalköpfig mit feiner und grober Wolle. Rassen im heutigen Sinne gab es damals nicht. Ausgangsbasis für die schlichtwolligen Landschafe der Region war u.a. das Zaupel-Schaf, ein mischwolliges, kräftig schwarz- oder rotköpfiges Schaf.

Das Rhönschaf fand im hessisch-bayerisch-thüringischem Grenzgebiet einen Rückzugsraum und wurde von Einkreuzungen mit spanischen Merinos nach 1765 verschont. Bekannt wurden die Schafe der Rhön nachdem Kaiser Napoleon am 10. Oktober 1813, durch ein Gefecht in seinem Rückzug aufgehalten, von ihrem Fleisch zu essen bekam. Er veranlasste den Import von Schlachttieren, die als Wanderschafherden aus der Rhön bis zu den Schlachthöfen um Paris gelangten. Die Tiere bekamen den wohlklingenden Markennamen „mouton de la reine“. Einfuhrbeschränkungen in Folge von Viehseuchenbekämpfungsmaßnahmen setzten dem Export um 1878 ein Ende.

Im ausklingenden 19. Jahrhundert umfasste die Rasse noch einige hunderttausend Tiere. Ihr Verbreitungsgebiet erstreckte sich über das Dreiländereck der Rhön hinaus bis zum Harz, ins Quellgebiet der Werra und in einige Gegenden des Deutschen Reiches bis nach Ostpreußen.

Auf den Landwirtschaftsschauen der Deutschen Landwirtschaftsgesellschaft (DLG) bildete das Rhönschaf ab 1890 eine eigene Gruppe. Mit der Gründung des Landesverbandes Thüringer Schafzüchter im Jahr 1920 wurde auch das Zuchtziel für die Rasse festgelegt. 1921 erfolgte in Weimar die Gründung des Verbandes der Rhönschafzüchter, der bereits ein Jahr später auf dem Kammergut Gerstungen die erste Rhönschafbockauktion organisierte.

Vom Rückgang der Schafbestände in Deutschland, unterbrochen durch einen kurzen Aufschwung in der Zeit des Nationalsozialismus, waren besonders auch die Rhönschafbestände betroffen. Um 1960 erreichten die Bestände mit 300 eingetragenen Herdbuchtieren in den alten Bundesländern ihren Tiefpunkt.

In der DDR standen 1961 im Regierungsbezirk Suhl noch mehr als 20.000 Rhönschafe. Wenige Jahre später, 1969, verfügte die zentrale Zuchtleitung, die züchterische Bearbeitung der Rasse einzustellen, was zu einem drastischen Bestandsrückgang führte.

Erst einige Jahre später erfolgte in beiden Staaten ein Umdenken und man bemühte sich um die Erhaltung und einen Bestandsaufbau dieser inzwischen vom Aussterben bedrohten alten Landschafrasse. Fördermaßnahmen sowie zahlreiche züchterische Aktivitäten der Landesschafzuchtverbände unterstützten die Bemühungen der Züchter nach der Wiedervereinigung.

Ein im Jahr 2000 in Hessen gegründeter Verein Deutscher Rhönschafzüchter verfolgt den Zweck der Förderung und Verbesserung der Zucht des Rhönschafes. Durch vielfältige Aktivitäten, insbesondere die Beschickung und Durchführung von Tierschauen wird um neue Züchter, Halter und Sponsoren für die Rasse geworben.

Zu den züchterischen Höhepunkten gehören alljährlich die gemeinsamen Prämierungs- und Absatzveranstaltungen für Rhönschafe und Coburger Fuchsschafe, die von den beiden Landesschafzuchtverbänden Hessen und Thüringen organisiert werden.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)

- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht
- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung

- Gewicht und Alter bei Prüfende
- Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch

den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt. Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssystem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige

Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Das Rhönschaf ist ein mittelgroßes Schaf mit schwarzhaarigem, hornlosem, bis hinter die Ohren unbewolltem Kopf. Eine weiße Platte, die bis an die Ohren reicht, ist erlaubt, ebenso ein handbreiter Kragen, dessen Spitze bis auf etwa 1,5 Handbreit an das Brustbein heran ragen kann. Die Beine sind unbewollt. Außer dem Kopf müssen alle behaarten Körperteile bis zu den Klauen weiß sein. Das Schaf hat einen kräftigen und langen Körper. Die Hinterbeinstellung kann leicht gewinkelt sein. Die weiße Schlichtwolle mit typischem Glanz hat eine Feinheit von 32 bis 38 Mikron. Das Schaf hat eine lange Brunstsaison. Die Erstzulassung erfolgt im Alter von 12 bis 18 Monaten.

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Schlachtlämmern im Bereich von 250 - 300 g, das handelsübliche Lebendgewicht bei rund 35-40 kg.

Tabelle 1: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	85-105	5,0		75-80	
Jährlinge	60-85	4,5			
Lammböcke					
Mutterschaf	60-85	3,0-4,0	130-150	68-75	
Zuchtlämmer					

3.1 Zuchtziel

Ein anspruchsloses, widerstandsfähiges, marsch- und pferchfähiges Schaf zur Landschaftspflege, besonders in rauen Mittelgebirgslagen. Eine asaisonale Brunst wird angestrebt.

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Rhönschaf:

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.
Haydnstraße 11
80336 München
Tel.: 089 / 53 62 27
Email: bhg-schafzucht@t-online.de
www.bhg-schafzucht.de

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
Kölnische Str. 48 - 5
34117 Kassel
Tel.: 0561/16984
Email:
www.schafe-hessen.de

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/329777
Email: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de
schafzucht-niedersachsen.de

Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.
Angerstr. 6
06118 Halle
Tel.: 0345/5214941
Email: roesler@lkv-st.de

Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.
Mars-la-Tour-Str. 6
26121 Oldenburg
Tel.: 04 41-8 21 23
Email: LSV@LWK-Niedersachsen.de
www.schafzuchtverband-weser-ems.de

Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.
Dillinger Str. 67
66822 Lebach
Tel.: 06881/928-201
Email: anton.schmitt@lwk-saarland.de

Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.
Peter-Klöckner Str. 3
56073 Koblenz
Tel.: 0261/91593231
Email: rainer.wulff@lwk-rlp.de

Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.
Am Johannishof 3
99085 Erfurt
Tel.: 0361/7498070
Email: lv@thueringer-schafzucht.de
www.thueringer-schafzucht.de

Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431/332608
Email: info@schafzucht-kiel.de
www.schafzucht-kiel.de

Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.
Ostende 5
04288 Leipzig
Tel.: 034297/919651
Email: sszv leipzig@sszv.de
www.sszv.de

Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.
Bleichstr. 41
33102 Paderborn
Tel.: 05251-32561
Email: schafzuchtverband@lwk.nrw.de
www.schafzucht-nrw.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

Vereinigung Deutscher Rhönschafzüchter e.V.
35390 Gießen
Email:info@rhoenschafzuechter.de
www.rhoenschafzuechter.de

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Elterntiere der Rhönschafzucht finden sich in fast allen deutschen Zuchtverbänden. LV Thür. Schafzüchter e.V. und BHG sind die Hauptzuchtverbände dieser Rasse. Weitere Schwerpunkte bilden Hessen und Sachsen-Anhalt (siehe Tabelle 2).

Regionaler Schwerpunkt der Zucht ist der weitere Umkreis der Rhönregion mit den Postleitzahlen beginnend mit 3 und 9 (siehe Tabelle 3 und Abbildung 1).

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
SSZV (Sachsen)	2	34
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	3	294
Hessen	25	501
LV Thür. Schafzüchter e.V.	51	1654
BHG	45	1229
LSV Niedersachsen	0	19
Berlin-Brandenburg	1	1
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	4	45
Saarland	3	14
Weser-Ems	2	9
SH-S	0	6
SZV NRW e.V.	5	103
Gesamt(Alle Verbände)	141	3909

[a] für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken

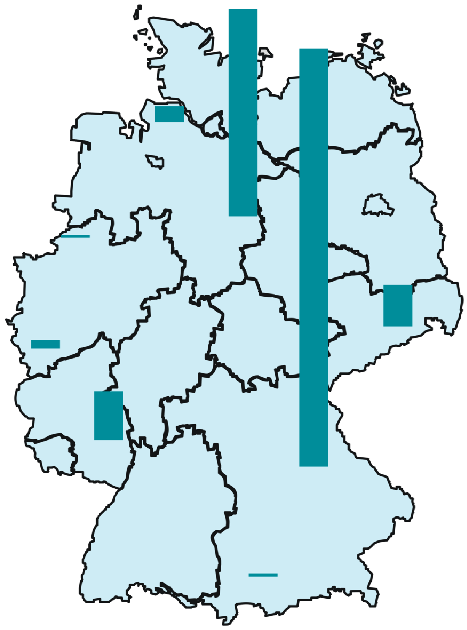


Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
239	0
95	2
1147	3
17	4
58	5
285	6
24	8
2324	9

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.2 Herdenstruktur

Die Verbände Thüringen, Hessen und die BHG stellen die Mehrzahl der Zuchtherden (siehe Tabellen 4)

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	LSV Niedersachsen
1	Saarland
1	Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz
2	SSZV (Sachsen)
2	Weser-Ems
4	LSV Sachsen-Anhalt e.V.
6	SZV NRW e.V.
8	Berlin-Brandenburg
8	SH-S
22	BHG
22	Hessen
29	LV Thür. Schafzüchter e.V.
106	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
7	0
4	2
35	3
3	4
6	5
17	6
3	8
29	9
104	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Zum Grossteil wird die Zucht in Beständen mit bis zu 20 Tieren betrieben, wobei durchaus wenige grössere Bestände anzutreffen sind (vergl. Tabelle 6)

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
28	1 bis 9
33	10 bis 19
18	20 bis 29
10	30 bis 39
3	40 bis 49
3	50 bis 59
1	60 bis 69
1	70 bis 79
2	80 bis 89
1	90 bis 99
6	100 und mehr

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

Anhand der Anzahl Ablammungen ist ab 2000 ein kontinierlicher Rückgang der Zuchtaktivität zu verzeichnen. Eine eindeutige Stabilisierung lässt sich aus den erfassten Zahlen aus dem Herdbuchsystem der Verbände nicht ableiten (vergl. Tabelle 7).

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	4427	6250	305	49	259
2001	4586	6392	373	47	247
2002	4250	5942	471	41	330
2003	4375	6180	544	51	393
2004	4648	6464	454	48	332
2005	4092	5670	534	86	227
2006	3987	5474	435	75	370
2007	4014	5393	424	43	306
2008	3157	4098	33	90	788
2009	3371	4583	52	87	670
2010	3303	4492	89	79	792
2011	3117	4276	71	92	718
2012	1421	2028	16	81	534

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Im Rahmen des Programms zur TSE-Resistenzucht wurden Untersuchungen beim Rhönschaf durchgeführt. Eine Übersicht zu den Ergebnissen bei ausgwählten Genotypausprägungen ist in Tabelle 8 zu finden. Nach einer intensiven Phase ist die Zahl der Untersuchungen stark rückläufig. Ein Grund für den Rückgang ist sicherlich in der erfolgreichen Umsetzung des TSE-Resistenzuchtprogramms zu sehen (vergl. Abschnitt 2.2 auf Seite 9)

Tabelle 8: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	175	41.1	72	29.7	52	2.3	4	2.9	5	0.6	1	9.1	16
2001	385	38.2	147	32.7	126	1.6	6	3.6	14	0.3	1	7.0	27
2002	611	36.0	220	35.5	217	1.1	7	5.2	32	0.3	2	7.9	48
2003	471	43.3	204	35.5	167	1.5	7	0.8	4	0.2	1	5.5	26
2004	329	60.8	200	26.7	88	3.6	12	0.3	1	-	-	1.5	5
2005	319	63.6	203	20.7	66	2.2	7	0.6	2	-	-	0.6	2
2006	340	69.1	235	21.8	74	1.2	4	0.3	1	-	-	1.8	6
2007	214	73.4	157	18.2	39	0.5	1	0.9	2	-	-	-	-
2008	212	76.4	162	15.1	32	1.4	3	-	-	-	-	-	-
2009	143	65.7	94	17.5	25	3.5	5	0.7	1	-	-	-	-
2010	104	77.9	81	10.6	11	-	-	1.0	1	-	-	-	-
2011	63	71.4	45	17.5	11	-	-	1.6	1	-	-	1.6	1
2012	12	91.7	11	8.3	1	-	-	-	-	-	-	-	-

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 9 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 10 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die Anzahl geborener und registrierter Tiere der Rasse „Rhönschaf“ nimmt seit 1990 kontinuierlich bis 2004 zu. Dies dürfte in erster Linie ein Erfassungseffekt sein, d.h. es werden mehr geborene Tiere registriert. Aufgrund des Verhältnisses der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 9 ist davon auszugehen, dass nicht alle geborenen männlichen Lämmer in den Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden. Seit 2005 ist die Anzahl geborener und registrierter Lämmer wieder abnehmend auf ca. 2200 männliche und ca. 2400 weibliche Lämmer.

Laut Tabelle 10 wird die Rasse vor allem in Thüringen und Hessen gehalten. Daneben finden sich noch größere Tierzahlen in Nordrhein-Westfalen und Sachsen-Anhalt.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 11 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 11 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Aus Tabelle 11 ist ersichtlich, dass von 152 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 121 und von 3.065 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 2.795 leben. 121 noch lebende Schafböcke und 2.795 noch lebende Mutterschafe, geboren 2005 – 2010, bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring der Rhönschafe.

Tabelle 9: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	813	1.194
1991	970	1.191
1992	927	1.451
1993	952	1.522
1994	1.152	1.815
1995	1.378	2.189
1996	1.786	2.592
1997	2.271	3.146
1998	2.637	3.286
1999	2.897	3.725
2000	3.052	3.519
2001	3.160	3.458
2002	2.872	3.342
2003	3.029	3.370
2004	3.178	3.535
2005	2.867	2.955
2006	2.735	2.922
2007	2.647	2.995
2008	2.011	2.184
2009	2.208	2.408
2010	2.208	2.418
2011	1.517	1.542

Tabelle 10: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	3.255
LSV Niedersachsen	237
Weser-Ems	63
LV Thür. Schafzüchter e.V.	10.527
SSZV (Sachsen)	201
Berlin-Brandenburg	92
SZV NRW e.V.	1.768
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	1.326
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	149
Saarland	189
SH-S	48
BHG	27.886

Tabelle 11: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Anzahl Alle (geborene Tiere)		Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	2.867	2.955	31	653	17	509
2006	2.735	2.922	28	637	16	571
2007	2.647	2.995	38	720	36	683
2008	2.011	2.184	37	590	35	575
2009	2.208	2.408	13	421	12	414
2010	2.208	2.418	5	44	5	43
Gesamt	14.676	15.882	152	3.065	121	2.795

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \quad (1)$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \quad (2)$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 12 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 13 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 12 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 13 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 14 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 14 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 87 von 121 Böcken (=72%) und 1.775 von 2.795 Mutterschafen (=64%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Dieser Anteil an Tieren mit ausreichenden Abstammungsinformationen für das Monitoring ist bezogen auf andere Schafrassen unterdurchschnittlich zu bewerten. Die verbleibende Monitoring Population C der Rhönschafe umfasst dann insgesamt 5.916 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Im Maximum sind bis zu 12 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert. Im Regelfall aber wesentlich weniger.

Tabelle 12: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	0	0.00	15	0.05
1981	4	0.25	30	0.10
1982	6	0.17	14	0.19
1983	4	0.00	31	0.04
1984	7	0.11	31	0.11
1985	4	0.24	36	0.14
1986	3	0.00	31	0.17
1987	4	0.18	42	0.22
1988	18	0.38	45	0.21
1989	11	0.38	67	0.21
1990	14	0.42	71	0.21
1991	28	0.30	104	0.17
1992	24	0.32	81	0.32
1993	21	0.44	140	0.23
1994	32	0.46	156	0.27
1995	21	0.44	140	0.33
1996	29	0.43	183	0.29
1997	39	0.48	214	0.43
1998	33	0.44	185	0.40
1999	38	0.58	221	0.47
2000	32	0.49	224	0.56
2001	37	0.61	268	0.59
2002	38	0.61	229	0.63
2003	43	0.69	237	0.65
2004	47	0.68	254	0.67
2005	29	0.81	374	0.82
2006	26	0.79	458	0.85
2007	34	0.87	420	0.88
2008	26	0.84	414	0.90
2009	11	0.91	349	0.92
2010	5	0.94	39	0.94

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

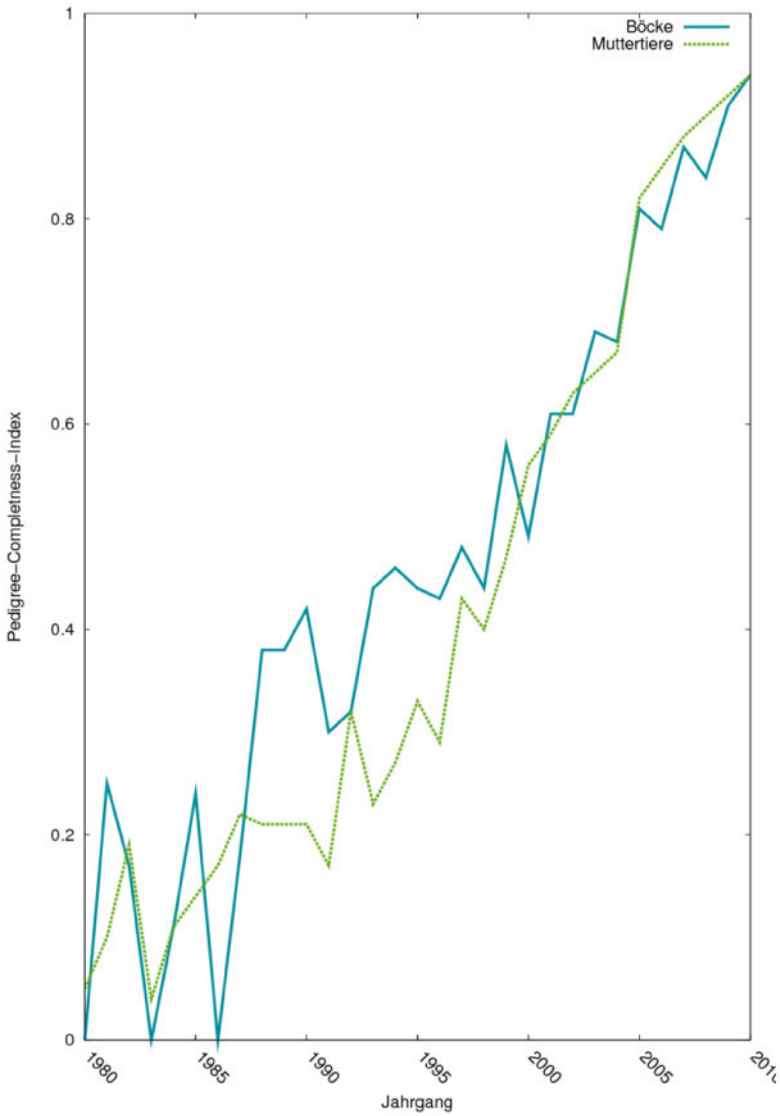


Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (5916 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	87	0.89	1775	0.90
2	171	0.73	1240	0.67
3	168	0.50	950	0.42
4	117	0.39	585	0.27
5	70	0.34	305	0.24
6	38	0.28	164	0.19
7	15	0.28	107	0.16
8	8	0.21	59	0.08
9	3	0.22	30	0.06
10	2	0.00	15	0.02
11	1	0.00	4	0.00
12	0	0.00	2	0.00
Gesamt	680		5236	

Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1862 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	11	0.89	266	0.87
2006	9	0.86	341	0.89
2007	28	0.88	370	0.89
2008	23	0.90	410	0.90
2009	11	0.91	349	0.92
2010	5	0.94	39	0.94
Gesamt	87		1775	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegen-

den Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 15 und die Muttertiere (Tabelle 16) ausgewiesen. Da keine fremdrassigen Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern der Rhönschafe registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) kein Fremdgenanteil festzustellen.

Tabelle 15: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Rhönschaf	sonstige	unbekannt
2005	11	1.80	100.00	0.00	0.00
2006	9	1.90	100.00	0.00	0.00
2007	28	1.35	100.00	0.00	0.00
2008	23	2.23	100.00	0.00	0.00
2009	11	1.16	100.00	0.00	0.00
2010	5	2.39	100.00	0.00	0.00
Ges.	87	1.73	100.00	0.00	0.00

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Rhönschaf	sonstige	unbekannt
2005	266	1.87	100.00	0.00	0.00
2006	341	1.36	100.00	0.00	0.00
2007	370	1.93	100.00	0.00	0.00
2008	410	2.02	100.00	0.00	0.00
2009	349	1.02	100.00	0.00	0.00
2010	39	2.13	100.00	0.00	0.00
Ges.	1775	1.66	100.00	0.00	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter

- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 17 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Abgeleitet aus dem Alter der Eltern der Monitoring-Ausgangspopulation C ist ein ziemlich einheitliches mittleres Generationsintervall auf der Vater- und Mutterseite zu beobachten. Die Väter, sowohl der Böcke als auch der Mutterschafe, sind generell etwas jünger als die Mütter bei Geburt ihrer Nachkommen (ca. -0,4 Jahre). Insgesamt liegt das mittlere Generationsintervall bei 3,97 Jahren und liegt damit deutlich über dem entsprechenden Wert über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre).

Tabelle 17: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	87	3.75
Mutter auf Vater	87	3.90
Vater auf Mutter	1.775	3.89
Mutter auf Mutter	1.775	4.36

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.97 Jahre

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfeh-

ler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

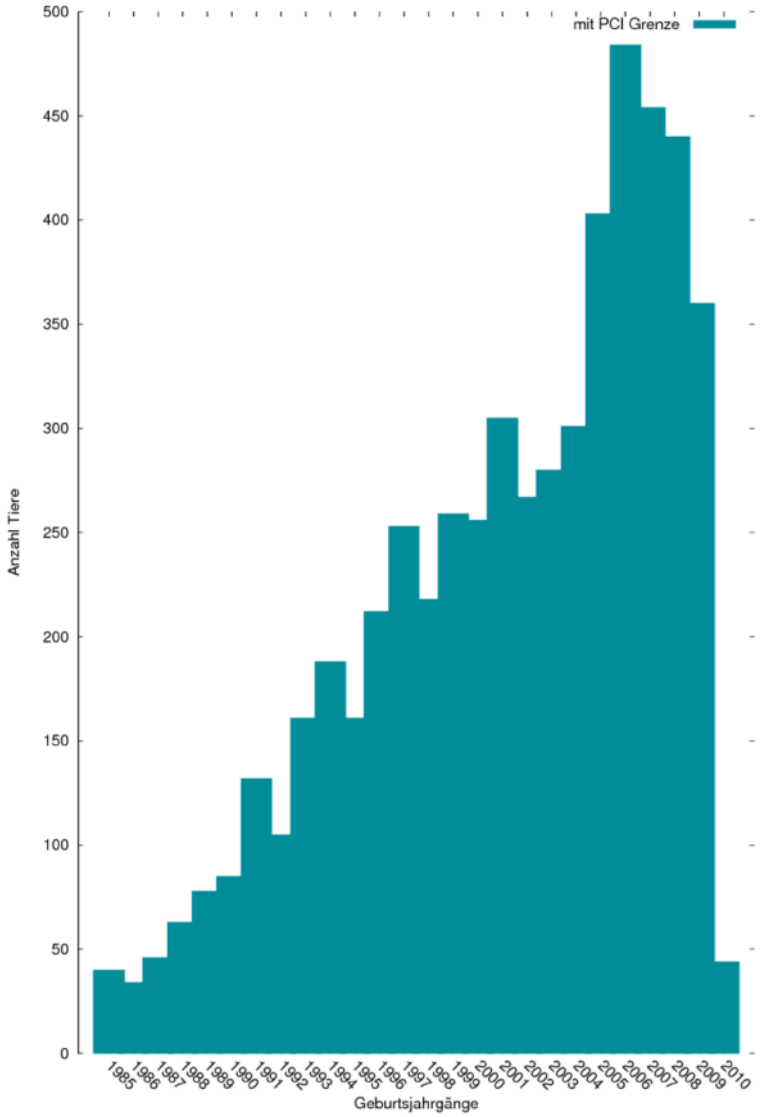
Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation

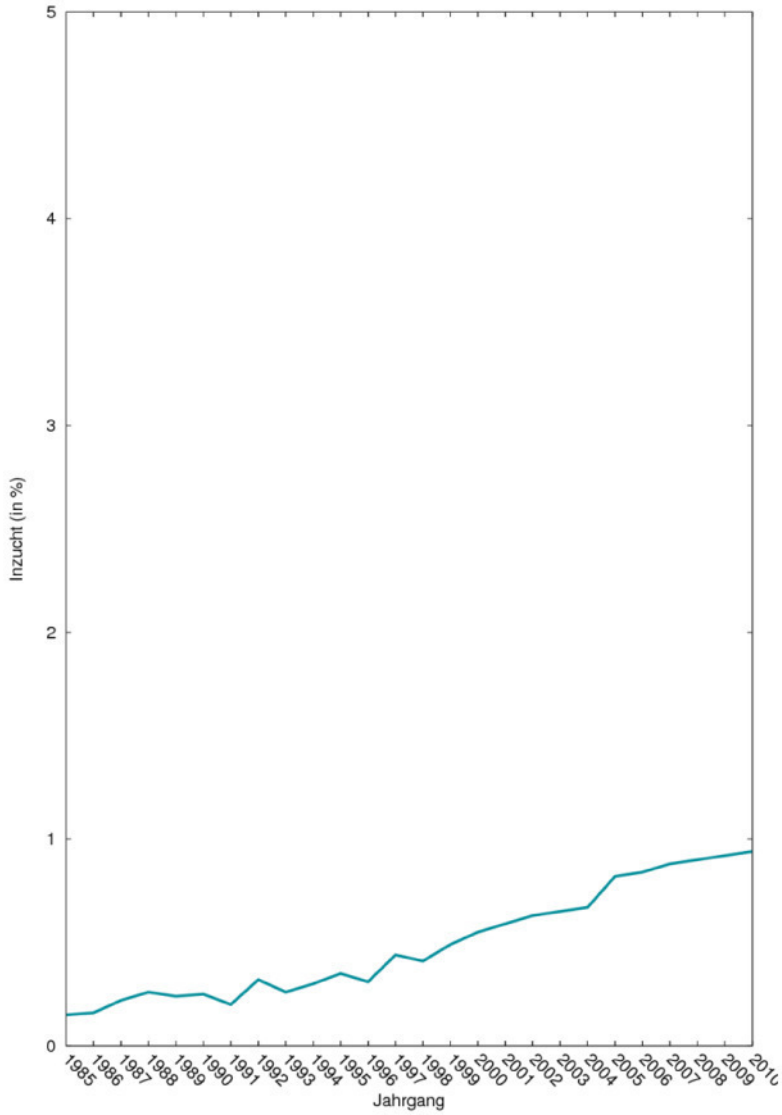
Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation



(C) einbezogen, die einen PCI $> 0{,}70$ unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $> 0{,}70$ der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht.Da aufgrund der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen bei vielen Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann bei den Rhönschafen auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden. Daher resultiert ein weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von $N_e = 382$. Aufgrund der unzulänglichen Daten scheint die beschriebene Methodik bei dieser Rasse nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Rhönschaf)



Mittl. Generationsintervall : 3.97 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 381.98

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 18 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 19 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet.Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 156, berechnet aus 661 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 18, ist wahrscheinlich aufgrund der Datestruktur immer noch überschätzt, weist aber auf eine wesentlich engere Blutführung und genetische Variabilität hin als der Wert der effektiven Populationsgröße. Lt. Tabelle 19 haben lediglich 3 männliche Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation.

Tabelle 18: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	661	172	354
Anzahl effektive Foundertiere	156		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 20 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, f_a = 103 weist noch deutlicher auf die Überschätzung von Ne hin. Es sind 8 dominante Ahnen (>2% Genanteil), in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 20). Darunter ist also kein Ahne der eventuell einen Bottle Neck verursacht haben könnte. Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen damit zwar ebenfalls auf keine wesentlich eingeschränkte genetische Variabilität in der Rasse hin, bei der Interpretation ist allerdings die doch sehr unzulängliche verfügbare Datenstruktur (Pedigreetiefe / -vollständigkeit) zu berücksichtigen.

Tabelle 19: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
TH34006000012	15.02.1991	männlich	4.07
HE3401543	01.12.1990	männlich	2.18
TH34063000017	11.09.1991	männlich	2.15
HE34030087005	01.01.1987	weiblich	1.48
HE34015000039	21.01.1989	männlich	1.41
HE34015079021	22.03.1979	weiblich	1.41
096820304	15.01.1986	weiblich	1.15
095220010	10.01.1981	weiblich	1.13
RH34/2408	21.03.1993	weiblich	1.12
0996300043	02.01.1975	männlich	1.06
TH34082610	27.02.1986	männlich	1.01
HE34012000108	29.12.1985	weiblich	0.99
HE34015082007	14.02.1982	weiblich	0.92
HE34004000042	07.01.1982	männlich	0.90
TH3408288000	08.04.1988	weiblich	0.85
TH34082249	30.01.1992	männlich	0.83
HE34045096003	01.01.1996	weiblich	0.80
TH3406394031	12.12.1993	weiblich	0.79
HE34004000064	26.12.1984	männlich	0.78

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
TH34067855	15.04.1988	männlich	0.73
RP34002000002	13.03.1991	männlich	0.72
HE34015000019	22.12.1984	männlich	0.72
RP34005000001	06.09.1990	männlich	0.70
TH3407990026	18.02.1990	weiblich	0.69
RP34/B-R01	29.01.1993	männlich	0.66
SA34003094401	01.03.1994	weiblich	0.66
HE3400492	28.12.1989	männlich	0.63
BY34001000419	01.01.1990	männlich	0.62
HE34004000018	07.01.1977	männlich	0.60
HE34012073003	22.07.1972	weiblich	0.58
	25.03.1983	männlich	0.58
HE34019000002	16.04.1988	männlich	0.55
HE34004083040	01.01.1983	weiblich	0.55
HE34030088004	01.01.1988	weiblich	0.54
0797310001	09.03.1991	männlich	0.53
RP34/B-SE6	09.12.1994	männlich	0.53
HE34015097034	02.05.1997	weiblich	0.53
HE3401323	09.02.1990	männlich	0.52
TH3408391032	01.01.1991	weiblich	0.50

Anzahl effektiver Ahnen : 103

Tabelle 20: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
TH34006000012	15.02.1991	männlich	3.9
HE34030091008	01.01.1991	weiblich	2.9
SA34003000801	05.01.1998	männlich	2.5
HE34018000016	25.01.1994	männlich	2.3
HE3401543	01.12.1990	männlich	2.3
TH34063000017	11.09.1991	männlich	2.2
HE34004000091	16.12.1989	männlich	2.2
RH34/04914	23.12.1997	männlich	2.1

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 21 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (0,64%) der 121 noch lebenden Vatertiere zu den 2.795 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation

(Ausgangselternpopulation B) weist ebenfalls auf keine Blutlinienverengung hin.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 0.64 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 121
Anzahl verfügbare Mütter: 2795

Tabelle 21: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE011610024427	0.39	1.21	37.79	1872	69
DE010610027662	0.63	1.12	33.56	1772	13
DE010610206129	1.79	0.98	26.79	1870	1
DE011610024439	0.00	0.96	37.50	1829	69
DE010610197957	0.97	0.94	50.98	1806	2
HE34018020520	0.24	0.93	34.72	1782	7
DE010610027679	0.20	0.91	50.20	1851	15
DE011610028117	0.03	0.85	26.41	1920	14
DE010610028009	0.00	0.83	31.30	1911	19
DE010710023233	0.00	0.82	51.66	1864	6
DE010310028539	0.00	0.80	28.13	976	5
DE010310698568	0.00	0.80	28.13	976	5
NS34002098566	0.00	0.78	18.75	1348	0
DE011610035768	0.10	0.77	29.44	1836	17
DE011600406198	0.03	0.76	50.03	1909	18
DE010610063176	0.14	0.76	50.26	1879	1
DE011610024422	0.39	0.68	32.03	1571	31
DE011610051968	0.78	0.62	27.78	1616	1
DE010510216108	0.00	0.62	32.81	1414	10
DE011600361054	3.13	0.62	32.81	297	14
DE011610020698	0.78	0.61	20.46	1618	0
DE011600361039	0.00	0.58	37.50	335	19
DE010610142712	0.00	0.57	37.50	1386	12
DE011600361046	0.00	0.56	37.50	302	19
DE011610017107	3.98	0.49	55.54	1522	5
DE011600361017	0.00	0.49	50.00	264	13
DE010610063187	0.00	0.48	15.72	1817	0
DE011600361040	0.00	0.46	37.50	302	19
DE010710083135	0.00	0.44	31.28	1838	2
06956563228	0.00	0.43	25.10	959	17

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist relativ über alle Schafrassen gesehen unterdurchschnittlich, und damit für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) nicht geeignet. Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt.

- Die entsprechenden Kriterien abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen dürften aufgrund der vorliegenden Datenstruktur ebenfalls überschätzt sein. Danach wäre in der Rasse nach wie vor genügend genetische Varianz vorhanden. Aufgrund der verfügbaren Datenstruktur sind die Ergebnisse aber vorsichtig zu interpretieren.

- Nach diesen Zahlen wären aktuell keine züchterischen Maßnahmen einzuplanen, um die genetische Variabilität in der Rasse gezielt zu erhalten. Ein systematischer Austausch von Vatertieren zwischen Herden als vorbeugende Maßnahme ist zu empfehlen, da die Tierzahlen in den letzten Jahren doch rückläufig sind. Diese Vatertiere sollten jeweils eine möglichst niedrige Verwandtschaft zur Ziel-/Einsatzherde aufweisen.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- SCHWARZKÖPFIGES FLEISCHSCHAF -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

Service & Daten aus einer Quelle

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **4**

2 Zuchtprogramm **6**

2.1 Leistungsprüfungen 6

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 6

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 9

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 9

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 9

2.3 Zuchtwertschätzung 10

2.4 Selektion 10

3 Rassebeschreibung **11**

3.1 Zuchtziel 12

4 anerkannte Züchtervereinigungen **12**

5 Informationen aus dem Herdbuch **14**

5.1 Verteilung auf Verbände 14

5.2 Herdenstruktur 16

5.3 Kennzahlen der Zucht 18

6 Populationsanalyse **24**

6.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 24

6.2 Pedigree-Vollständigkeit 26

6.3 Genanteile 30

6.4 Mittleres Generationsintervall 31

6.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 33

6.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 37

6.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 39

6.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 40

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 16

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 29

3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 35

4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Schwarzköpfiges Fleischschaf) 36

Tabellenverzeichnis

1 Leistungsspektrum 12
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände 15
3 Verteilung der Tiere auf Regionen 15
4 Anzahl Herden in den Verbänden 16
5 Verteilung der Herden auf Regionen 17
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 17
7 Entwicklung der Zucht 18
8 Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein 18
9 Entwicklung der Stationsprüfungen 20
10 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 23
11 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 24
12 Verteilung auf Verbände 25
13 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 26
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 28
15 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (20725 Tiere) 30
16 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (5840 Tiere) 30
17 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 31
18 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 31
19 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 32
20 Kennzahlen zu Foundertieren 37
21 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 38
22 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 39
23 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 39

1 Zuchtgeschichte

(nach Ernst Brüggemann, 2011 persönliche Mitteilungen)

Die Entwicklung der Zucht des Deutschen Schwarzköpfigen Fleischschafes begann etwa um das Jahr 1870 mit der Veränderung des Preisverhältnisse Fleisch zu Wolle, welches bis zu diesem Zeitpunkt bei ca. 1 : 8 gelegen hat. Der Rückgang der Wollpreise führte zu einer Umstellung auf die Zucht von Schafen, bei denen die Fleischerzeugung immer mehr im Vordergrund stand. Zu dieser Zeit waren in England bereits einige Fleischschafe vorhanden, u.a. die Rassen Hampshire und Oxfordshire, die in zunehmendem Maße nach Deutschland, aufgrund der vorherrschenden Klima-, Boden- und Wirtschaftsverhältnisse vorzugsweise in westliche Zuchtgebiete Hessen, Westfalen, Rheinland und Schleswig-Holstein importiert worden sind.

Ab 1850 gab es eine ständige Einfuhr englischer Zuchtböcke der Rassen Hampshire und Oxfordshire in eine Anzahl Reinzucht-Stammherden dieser Rassen vor allem auch in Westfalen. Der Bökerhof, Kreis Höxter, kreuzte Oxford-Böcke in seine Merinolandschafherde ein, was im Paderborner Land viele Nachahmer fand. Züchter dieser Richtung schlossen sich dann zu einem Verein zur Züchtung des „Teutoburger Schafes“ zusammen, was als Begründung der westfälischen Schwarzkopfzucht angesehen werden kann. Mit der weiteren Einfuhr und Einkreuzung englischer Hampshire- und Oxfordshire-Böcke entwickelte sich Westfalen zum Stammland der deutschen Schwarzkopfzucht, welches es für lange Zeit auch geblieben ist.

Nach Wasmuth (1979) erhielt das spätere Deutsche Schwarzköpfige Fleischschaf von den Hampshires die guten Keulen, den tiefen Rumpf, das starke Fundament und das ausgeglichene Vlies, von den Oxfordshires den großen Körper, die volle Rippe und den hohen Schurertrag. Der westfälische Tierzuchtdirektor Ebbinghaus kritisierte 1950 allerdings, dass viele aus England eingeführte Oxfordshire- und Hampshire-Zuchtböcke versagt hätten, da sie weder in den Typ des bodenständigen Schwarzkopfs noch in die Umwelt- und die Haltungsbedingungen des westfälischen Zuchtgebietes passten.

1919 gründeten 13 westfälische Stammzüchter den „Herdbuchverein für das schwarzköpfige Fleischschaf in der Provinz Westfalen e.V.“ Ab 1922 wurden in diesem Verein die systematischen Zuchtarbeiten nach genau festgelegten Regeln unter Zugrundelegung eines einheitlichen Zuchtzieles folgender Formulierung in Angriff genommen:

> Das Zuchtziel ist auf die Erzeugung eines wüchsigen, fruchtbaren Schafes gerichtet, das genügsam in Aufzucht, Pflege, Ernährung und Haltung und mit einer weißen, starken Bewollung im Hauptsortiment CD auf kräftiger Haut ausgestattet ist und dazu einen dunklen Kopf, schwarze Beine, langen Rumpf bei großer Tiefe und Breite und eine gute Stellung der Gliedmaßen aufzuweisen hat.

Da man mit den Erfolgen der englischen Böcke nicht zufrieden war, entschieden sich die Züchter damals zur Sicherstellung der Bodenständigkeit für eine restlose Abkehr von jeglicher Einfuhr original englischer Zuchtböcke zugunsten des Einsatzes erprobter westfälischer Böcke aus den vorhandenen Stammzuchten der beiden Ursprungsrassen. Die Verwirklichung des erstrebten Fleisch-Wollschafes wurde durch die Anpaarung der korrekt geformten, jedoch kleinen Hampshires mit den wüchsigen, meist mit Formfehlern behafteten, sehr wollreichen Oxfordshires angefasst. Als besonders wirkungsvoll erwies sich im Hinblick auf die erstrebten Eigenschaften die Einführung der zwangsweise regelmäßig durchgeführten Leistungsprüfungen sämtlicher zur Zucht verwendeten Einzeltiere und die daraus resultierende scharfe Selektion.

Nach Haring (1984) haben die Schwarzköpfe die Marschfähigkeit für die Wanderschäferei von ihren Landschaf-Vorfahren und ihre Eignung zur Koppelschafhaltung von den englischen Ahnen erhalten. Durch seine gute Anpassungsfähigkeit hat sich die Rasse in ganz Deutschland verbreitet. Nach wie vor rangiert diese Rasse nach den Merinolandschafen mit 11 Prozent der weiblichen Zuchtschafe und Jährlinge an zweiter Stelle der in Deutschland reinrassig gehaltenen Schafe (Mendel, 2008).

In der Herdbuchzucht erfährt die Rasse Schwarzköpfiges Fleischschaf in jüngerer Zeit einen deutlichen Rückgang seiner Wertschätzung. Während der Jahresbericht der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL) für das Jahr 1990 noch 21089 Herdbuch-Zuchtschafe dieser Rasse ausweist, sind Ende 2011 lt. Ovicap in deutschen Zuchtbüchern ohne Schleswig-Holstein nur noch 8957 aktive Zuchtschafe registriert. Auch unter Hinzurechnung der nicht in Ovicap registrierten Zuchtschafe aus Schleswig-Holstein (lt. VDL-Jahrbuch im Jahr 2006 429 weibliche Herdbuchtiere) verbleibt ein Rückgang um über 50 Prozent.

Verantwortlich für diesen starken Rückgang sind in erster Linie wirtschaftliche Rahmenbedingungen, was sich gut am Beispiel des früheren Stammzuchtgebietes Nordrhein-Westfalen verdeutlichen lässt. In Nordrhein-Westfalen wurden im Jahr 1990 noch 5945 Herdbuchschafe der Rasse Schwarzköpfiges Fleischschaf gezählt. Ende 2011 waren in Ovicap nur noch 669 aktive Zuchtschafe dieser Rasse registriert. Viele Haupterwerbsschäfereien in NRW haben sich als wesentliches Einkommensstandbein einen eigenen Schlachtbetrieb aufgebaut und vermarkten eigene und zugekaufte Lämmer direkt an moslemische Mitbürger. Die Qualitätsansprüche dieser Verbrauchergruppe unterscheidet sich vor allem an den moslemischen Feiertagen deutlich von den Qualitätsansprüchen deutscher Verbraucher.

Die Haupterwerbsschäfereien waren früher die Hauptabnehmer von Zuchtböcken aus den ebenfalls vorzugsweise im Haupterwerb betriebenen Stammzuchten. Da es den Züchtern immer weniger gelang, die Schäfer davon zu überzeugen, dass der Einsatz von Herdbuch-Zuchtböcke ihnen einen wirtschaftlichen Vorteil brachte, ging die wichtigste Abnehmerschaft der Zuchtböcke verloren. Dadurch verlor die Herdbuchzucht vor allem für die Haupterwerbsbetriebe mit ihren großen Herden ihren wirtschaftlichen Reiz. Die wenigen Haupterwerbsschäfer, die aus Leidenschaft die Herdbuchzucht beibehalten haben, betreiben diese Form der Zucht nur noch mit einem kleinen Teil ihres Gesamtbestandes.

Nichtsdestoweniger zeigte das Ausland in der Vergangenheit an Deutschen Schwarzköpfigen Fleischschafen aufgrund ihrer Fleischfülle und Anpassungsfähigkeit immer wieder großes Interesse. Bekannt sind Exporte u.a. nach Dänemark, Großbritannien, in die Niederlanden, nach Litauen, Österreich, Tschechien und in die Ukraine. Darüber hinaus sind Deutsche Schwarzköpfige Fleischschafe in anderen Ländern zur Veredlung bodenständiger Rassen herangezogen worden. Beispielhaft erwähnt sei hier das Braunköpfige Fleischschaf der Schweiz, welches durch Einkreuzung von Oxfordschafen aus England und Deutschen Schwarzköpfigen Fleischschafen in die Schweizer Grabserschafe entstanden ist.

Quellen

Ebbinghaus, H.: Deutsches Schwarzköpfiges Fleischschaf, Bonitatius-Druckerei, Paderborn, 1950, verkürzte Ausgabe

Haring, F.: Schafrassen, ihre Einteilung, Nutzungsrichtung und Verbreitung. In: Brüne et al., Schafzucht, Ulmer, Stuttgart 1984, 7. Aufl.

Mendel, C. und Wagenpfeil, M.: Rassen. In: Mendel (Hrsg.), Praktische Schafhaltung, Ulmer, Stuttgart, 2008.

VDL-Jahrbuch 2006/2007: Schafhaltung in der Bundesrepublik Deutschland, VDL, Berlin, 2008

VDL-Jahresbericht 1990: Schafhaltung in der Bundesrepublik Deutschland, VDL, Berlin, 1991

Wassmuth, R.: Die Schafrassen. In: Behrens/Doehner/Scheelje/Wassmuth, Lehrbuch der Schafzucht, Parey, Hamburg 1979, 5. Aufl.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 6.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 5.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens

7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)

- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht
- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL

mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt. Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssystem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 5.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Mittel- bis großrahmiges Fleischschaf. Die Beine sind vom Knie- bzw. Sprunggelenk abwärts dunkelbraun bis schwarz und weitgehend unbewollt. Der mittelbreite Kopf ist hornlos und ebenfalls schwarz, die Stirn ist mehr oder weniger bewollt. Kräftige, seitwärts abstehende Ohren. Weiße Crossbred-Wolle (33 -35 μ). Saisonaler Brunstzyklus mit langer Brunstsaison, Erstzulassung im Alter von 10 Monaten möglich. Gute Eignung sowohl für die Hüte- als auch für die Koppelhaltung auf Grünlandstandorten mittlerer bis hoher Ertragsfähigkeit.

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Mastlämmern im Bereich von 400 - 500 g, die Schlachtausbeute beträgt bei einem handelsüblichen Lebendgewicht von 42 kg 48 bis 50 %.

Tabelle 1: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	120-160	5,0-7,0		80-90	95-105
Jährlinge	90-120	5,0-6,0		75-85	90-100
Lammböcke	60-80				
Mutterschaf	70-100	4,0-5,0	150-200	70-80	80-95
Zuchtlämmer	50-60				

3.1 Zuchtziel

Frohwüchsiges Fleischschaf mit mittelbreitem, schwarzem, nicht zu stark bewolltem Kopf. Ausgeprägte Fleischpartien, d.h. tiefe, breite, vorgeschobene Brust, tiefer und breiter Rumpf mit langem Rücken, der breit und gut bemuskelt ist. Ein breites, langes Becken mit vollen Außen- und Innenkeulen, die tief herunterreichen. Starkknochige, schwarze, möglichst unbewollte Beine. Abgesehen von einigen zulässigen schwarzen oder braunen Wollhaaren am Kragen und am Keulenrand wird ein einheitlich weißes, dichtes Wollvlies mit einer mittleren Feinheit von 33 - 35 μ angestrebt. Widerstandsfähigkeit, Weide-, Marsch- und Pferch-Fähigkeit. (VDL-Beschluss 2003)

4 anerkannte Züchtervereinigungen

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.
Haydnstraße 11
80336 München
Tel.: 089 / 53 62 27
Email: bhg-schafzucht@t-online.de
www.bhg-schafzucht.de

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
Kölnische Str. 48 - 50
34117 Kassel
Tel.: 0561/16984
Email:
www.schafe-hessen.de

Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.
Karow, Zarchliner Str. 7
19395 Plau
Tel.: 038738/73071
Email: schafzucht@rinderzucht-mv.de
www.schafzucht-mv.de

Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 0711/16655-40
Email: Wohlfarth@schaf-bw.de
www.schaf-bw.de

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/329777
Email: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de
schafzucht-niedersachsen.de

Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.
Angerstr. 6
06118 Halle
Tel.: 0345/5214941
Email: roesler@lkv-st.de

Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.
Mars-la-Tour-Str. 6
26121 Oldenburg
Tel.: 04 41-8 21 23
Email: LSV@LWK-Niedersachsen.de
www.schafzuchtverband-weser-ems.de

Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.
Peter-Klöckner Str. 3
56073 Koblenz
Tel.: 0261/91593231
Email: rainer.wulff@lwk-rlp.de

Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.
Am Johannishof 3
99085 Erfurt
Tel.: 0361/7498070
Email: lv@thueringer-schafzucht.de
www.thueringer-schafzucht.de

Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431/332608
Email: info@schafzucht-kiel.de
www.schafzucht-kiel.de

Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.
Ostende 5
04288 Leipzig
Tel.: 034297/919651
Email: sszv leipzig@sszv.de
www.sszv.de

Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.
Bleichstr. 41
33102 Paderborn
Tel.: 05251-32561
Email: schafzuchtverband@lwk.nrw.de
www.schafzucht-nrw.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

Stader Schafzuchtverband e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/36654495
Email:

5 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

5.1 Verteilung auf Verbände

Das Schwarzköpfige Fleischschaf ist eine Rasse, die in fast allen Zuchtverbänden in züchterisch betreut wird. Die Zahlen zu den Elterntieren in Tabelle 2 zeigen, dass auch aus fast jedem Verband die Population nennenswerte Impulse erfährt. Schleswig-Holstein und der LSZV MV bilden mit Abstand die Schwerpunkte der Zucht.

Regional liegt das Hauptzuchtgebiet der Schwarzköpfe in den nördlichen und östlichen Landesteilen (siehe Tabelle 3 und Abbildung 1) .

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
SSZV (Sachsen)	9	268
LSZV MV	26	1060
LSV Niedersachsen	21	787
SZV NRW e.V.	20	723
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	12	882
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	9	583
LSV Baden-Württemberg e.V.	72	432
Hessen	11	242
Stade	11	276
Berlin-Brandenburg	36	644
BHG	65	624
LV Thür. Schafzüchter e.V.	7	504
Weser-Ems	13	478
SH-S	32	1068
Gesamt(Alle Verbände)	344	8571

[a]für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

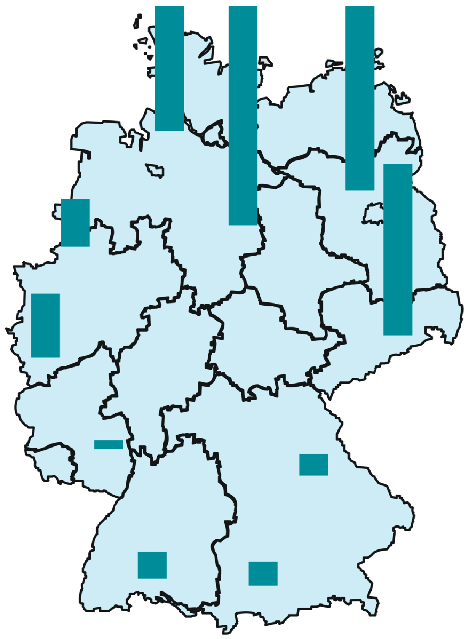
Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
947	0
2462	1
1704	2
1889	3
268	4
388	5
55	6
172	7
164	8
129	9

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

In Abbildung 5 werden die derzeitigen regionalen Schwerpunkte der Schwarzkopfzucht angezeigt. Während aus der Zuchtgeschichte her aus (vergl. Abschnitt 1) die züchterische Entwicklung in der westfälischen Region begann, sind heute die Schwerpunktregionen in den östlichen und nördlichen Landesteilen zu finden. Gezüchtet wird des Schwarzköpfige Fleischschaf aber auch in alle anderen Regionen der Bundesrepublik. In allen Zuchtverbänden stellt diese Rasse einen wesentlichen Anteil am betreuten Rassespektrum (siehe Tabelle 2).

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



5.2 Herdenstruktur

In Tabelle 4 ist die Verteilung der Zuchtherden auf die Verbände dargestellt. Da Schleswig-Holstein ein eigenständiges Herdbuchsystem nutzt, ist der Wert für diesen Zuchtverband zwar nicht mit den anderen vergleichbar, aber Schleswig-Holstein gehört mit Berlin-Brandenburg wohl zu den Verbänden mit den meisten Zuchtherden. In Tabelle 5 wird die reginale Verteilung analog auf nordöstlichen Landesteile deutliche. Aber auch Regionen mit Postleitzahlen beginnend mit 5 und 8 und 0 weisen Mittelzentren in der Zucht aus.

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
3	LSV Baden-Württemberg e.V.
5	SSZV (Sachsen)
6	Hessen
7	LSV Sachsen-Anhalt e.V.
8	LV Thür. Schafzüchter e.V.
8	Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz
8	Weser-Ems
11	SZV NRW e.V.
12	Stade
13	BHG
13	LSZV MV
14	LSV Niedersachsen
22	Berlin-Brandenburg
96	SH-S
226	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
15	0
21	1
108	2
30	3
8	4
18	5
2	6
3	7
12	8
4	9
222	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Schwarzkopfzucht wird in allen Herdengrössen betrieben. Die Zucht konzentriert sich allerdings stark auf Herden bis 40 Tieren. (vergl. Tabelle 6)

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
95	1 bis 9
45	10 bis 19
30	20 bis 29
11	30 bis 39
6	40 bis 49
5	50 bis 59
5	60 bis 69
7	70 bis 79
5	80 bis 89
1	90 bis 99
16	100 und mehr

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

5.3 Kennzahlen der Zucht

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	11391	16095	847	213	1412
2001	11292	15872	855	239	1346
2002	11105	15641	1017	300	1355
2003	10532	14865	1167	335	1739
2004	11486	16390	1429	308	1232
2005	10862	16052	1106	282	1454
2006	10283	15090	1086	263	1249
2007	9752	13548	1010	228	1266
2008	8678	10167	1538	345	1709
2009	7861	10618	1441	401	1498
2010	6843	10452	1672	401	1417
2011	6305	10090	2069	353	1740
2012	3430	5540	1786	356	731

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 8: Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein

	Anzahl			
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	495	940	30	
2001	364	721	25	
2002	431	935	36	
2003	350	651	35	
2004	34	587	33	49
2005	37	694	28	46
2006	438	622	21	22
2007	215	295	27	4
2008	213	354	20	114
2009	80	149	4	28
2010	49	84	13	2
2011	29	47	3	9

In Tabelle 7 wird die Entwicklung der Schwarzkopfzucht in den letzten 10 Jahren deutlich. Die Verkleinerung der Zuchtpopulation wird in den abnehmenden Ablammungen deutlich, wobei für das aktuelle und vorhergehende Jahr davon auszugehen ist, dass noch nicht alle Ablammungen erfasst worden sind. Einhergehend mit der Verringerung der Ablammungen sind auch die Anzahl der geborenen Lämmer geringer geworden.

In den weiteren Selektionsstufen der Zucht ist keine Verringerung der Tierzahlen zu verzeichnen. Insbesondere in der Entwicklung der Feldprüfungen wird der Trend von der Stationsprüfung (siehe Tabelle 9) hin zu einer breiteren Prüfung der Nachkommen in den Betrieben deutlich. Die Remontierungsrate der Zucht wird in den Zahlen zu Körungen und

Herdbuchaufnahmen angezeigt. Diese beiden Kennzahlen unterliegen mehr oder weniger jährlichen Schwankungen, wobei die Depression der Jahre 2005 bis 2008 überwunden zu sein scheint.

Tabelle 9: Entwicklung der Stationsprüfungen

Prüfjahr	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011
Groß Kreutz												
Anzahl Prüfkandidaten	75	37	57	50	56	45	42	40	59	15	29	84
Anzahl Prüfgruppen	11	5	8	8	7	7	6	6	9	2	4	5
Anzahl geprüfte Väter	11	5	8	8	7	7	6	6	9	2	4	5
Grub												
Anzahl Prüfkandidaten	38	32	28	32	-	44	49	21	22	37	10	12
Anzahl geprüfte Väter	5	5	5	5	-	5	7	3	3	5	2	2
Anzahl Prüfgruppen	5	5	5	5	-	5	7	3	3	5	2	2
Iden												
Anzahl Prüfkandidaten	51	36	81	45	67	40	43	45	15	50	8	14
Anzahl geprüfte Väter	6	5	10	6	9	5	6	6	2	7	1	2
Anzahl Prüfgruppen	6	5	10	6	9	5	6	6	2	7	1	2
Köllitsch												
Anzahl Prüfkandidaten	-	38	24	28	23	17	30	12	-	8	8	-
Anzahl geprüfte Väter	-	5	3	4	3	3	5	2	-	1	1	-
Anzahl Prüfgruppen	-	5	3	4	3	3	5	2	-	1	1	-
Laage												
Anzahl Prüfkandidaten	25	38	53	36	33	18	29	15	9	26	24	24
Anzahl geprüfte Väter	3	5	9	4	4	2	3	3	1	3	3	3
Anzahl Prüfgruppen	3	5	9	4	4	2	3	3	1	3	3	3
Marbach												
Anzahl Prüfkandidaten	8	-	24	30	16	16	31	12	36	4	42	8
Anzahl geprüfte Väter	1	-	3	4	2	3	5	2	5	1	6	1
Anzahl Prüfgruppen	1	-	3	4	2	3	5	2	5	1	6	1

Weiter auf nächster Seite

Prüfjahr	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011
Neumühle												
Anzahl Prüfkandidaten	45	50	75	38	69	58	48	40	14	50	58	47
Anzahl geprüfte Väter	7	8	11	5	10	8	6	5	2	7	7	6
Anzahl Prüfgruppen	7	8	11	5	10	8	6	5	2	7	7	6
Rohrsen												
Anzahl Prüfkandidaten	128	122	33	117	93	61	60	49	16	-	-	-
Anzahl geprüfte Väter	17	16	5	16	12	8	8	7	2	-	-	-
Anzahl Prüfgruppen	17	16	5	16	12	8	8	7	2	-	-	-
Schöndorf												
Anzahl Prüfkandidaten	37	36	27	26	25	18	37	49	25	49	19	20
Anzahl geprüfte Väter	3	4	4	2	4	2	4	6	5	5	3	3
Anzahl Prüfgruppen	3	4	4	2	4	2	4	6	5	5	3	3
gesamt												
Anzahl Prüfkandidaten	407	389	402	402	382	317	369	283	196	239	198	209
Anzahl geprüfte Väter	53	53	58	54	51	43	50	40	29	31	27	22
Anzahl Prüfgruppen	53	53	58	54	51	43	50	40	29	31	27	22

Die Entwicklung der Fleischleistungsprüfungen auf Station (siehe Abschnitt 2.1.1) wird in Tabelle 9 dargestellt. Seit 2000 ist eine kontinuierliche Verringerung der geprüften Vatertiere zu verzeichnen. Die Prüfstationen in den Hauptzuchtgebieten (siehe Abbildung 1) werden von den Züchtern noch mit einer grösseren Ausswahl an Vatertieren beschickt.

Im Rahmen des Programms zur TSE-Resistenzucht wurden Untersuchungen beim Schwarzkopf durchgeführt. Eine Übersicht zu den Ergebnissen bei ausgwählten Genotypausprägungen ist in Tabelle 10 zu finden. Nach einer intensiven Phase ist die Zahl der Untersuchungen stark rückläufig. Ein Grund für den Rückgang ist sicherlich in der erfolgreichen Umsetzung des TSE-Resistenzuchtprogramms zu sehen (vergl. Abschnitt 2.2 auf Seite 9)

Tabelle 10: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	901	56.9	513	36.5	329	0.3	3	0.8	7	-	-	5.1	46
2001	1230	57.6	708	36.3	446	0.4	5	1.1	14	-	-	4.3	53
2002	1652	61.5	1016	34.3	567	0.2	4	0.3	5	-	-	3.5	57
2003	1784	69.5	1240	28.3	504	0.1	1	0.5	9	-	-	1.6	29
2004	1849	72.4	1338	25.9	478	0.2	4	0.4	7	-	-	1.2	22
2005	1519	77.6	1179	21.3	323	0.1	1	0.3	5	-	-	0.7	10
2006	1421	82.3	1170	17.0	242	-	-	0.4	5	-	-	0.3	4
2007	916	86.2	790	13.2	121	-	-	0.2	2	-	-	0.3	3
2008	953	86.9	828	12.7	121	-	-	-	-	-	-	-	-
2009	932	89.1	830	10.8	101	-	-	0.1	1	-	-	-	-
2010	677	88.0	596	10.6	72	-	-	-	-	-	-	-	-
2011	613	85.0	521	10.0	61	-	-	0.2	1	-	-	0.2	1
2012	206	84.5	174	8.7	18	-	-	0.5	1	-	-	-	-

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6 Populationsanalyse

6.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 11 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 12 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die geborenen und registrierten Tiere der Rasse „Schwarzköpfiges Fleischschaf“ nehmen kontinuierlich über die Geburtsjahre ab. Aufgrund des Verhältnisses der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 11 kann davon ausgegangen werden, dass alle geborenen Lämmer in Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden. Aus Tabelle 12 ist eine Verteilung über alle Regionen in Deutschland ersichtlich. Etwa ein Drittel der Population wird in Bayern gehalten. Größere Tierzahlen sind auch in Niedersachsen, Mecklenburg-Vorpommern und Nordrhein-Westfalen zu finden.

Tabelle 11: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	9.644	12.342
1991	9.707	12.117
1992	10.166	12.641
1993	9.914	12.450
1994	9.273	12.370
1995	8.973	11.352
1996	8.873	11.300
1997	9.646	12.133
1998	8.437	9.924
1999	8.080	9.594
2000	7.694	9.276
2001	7.674	8.932
2002	8.555	9.363
2003	7.267	8.131
2004	8.085	8.750
2005	7.938	8.395
2006	7.401	8.037
2007	6.592	7.302
2008	4.947	5.535
2009	5.335	5.467
2010	5.209	5.236
2011	4.446	4.431

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 13 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind

unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 13 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Laut Tabelle 13 leben von 335 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 208 und von 7.690 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 6322. 208 noch lebende Schafböcke und 6.322 noch lebende Mutterschafe der Geburtsjahrgänge 2005 – 2010 bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring des Schwarzköpfigen Fleischschafes.

Tabelle 12: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	1.448
LSZV MV	8.643
LSV Baden-Württemberg e.V.	1.593
LSV Niedersachsen	6.724
Weser-Ems	7.914
LV Thür. Schafzüchter e.V.	4.953
SSZV (Sachsen)	4.195
Berlin-Brandenburg	3.620
Stade	2.231
SZV NRW e.V.	15.170
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	3.020
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	3.925
SH-S	2.779
BHG	50.524

Tabelle 13: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	7.938	8.395	75	1.798	34	1.205
2006	7.401	8.037	67	1.547	31	1.193
2007	6.592	7.302	68	1.636	40	1.386
2008	4.947	5.535	62	1.367	48	1.249
2009	5.335	5.467	51	1.113	45	1.065
2010	5.209	5.236	12	229	10	224
Gesamt	37.422	39.972	335	7.690	208	6.322

6.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 14 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 15 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 14 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 15 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 16 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 16 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 185 von 208 Böcken (=89%) und 5.655 von 6.322 Mutterschafen (=89%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Dieser Anteil an Tieren mit ausreichenden Abstammungsinformationen für das Monitoring ist über alle Rassen gesehen unterdurchschnittlich. Die verbleibende Monitoring Population C der Schwarzköpfigen Fleischschafe umfasst dann 20.725 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen).

Im Maximum sind bis zu 17 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert.

Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	46	0.04	150	0.04
1981	42	0.04	190	0.05
1982	46	0.09	201	0.10
1983	48	0.10	256	0.14
1984	53	0.09	228	0.19
1985	61	0.14	298	0.19
1986	46	0.21	298	0.21
1987	55	0.17	296	0.21
1988	98	0.28	380	0.25
1989	77	0.27	376	0.31
1990	77	0.29	411	0.28
1991	78	0.42	410	0.35
1992	69	0.35	432	0.39
1993	78	0.48	463	0.43
1994	80	0.49	640	0.45
1995	93	0.45	529	0.50
1996	82	0.51	547	0.52
1997	93	0.57	635	0.59
1998	76	0.62	586	0.64
1999	77	0.65	718	0.70
2000	82	0.73	646	0.70
2001	70	0.80	682	0.74
2002	96	0.80	787	0.77
2003	77	0.82	781	0.81
2004	81	0.84	735	0.86
2005	78	0.87	1.394	0.89
2006	66	0.86	1.178	0.91
2007	65	0.89	1.362	0.92
2008	56	0.93	1.158	0.94
2009	43	0.94	975	0.95
2010	10	0.95	217	0.96

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

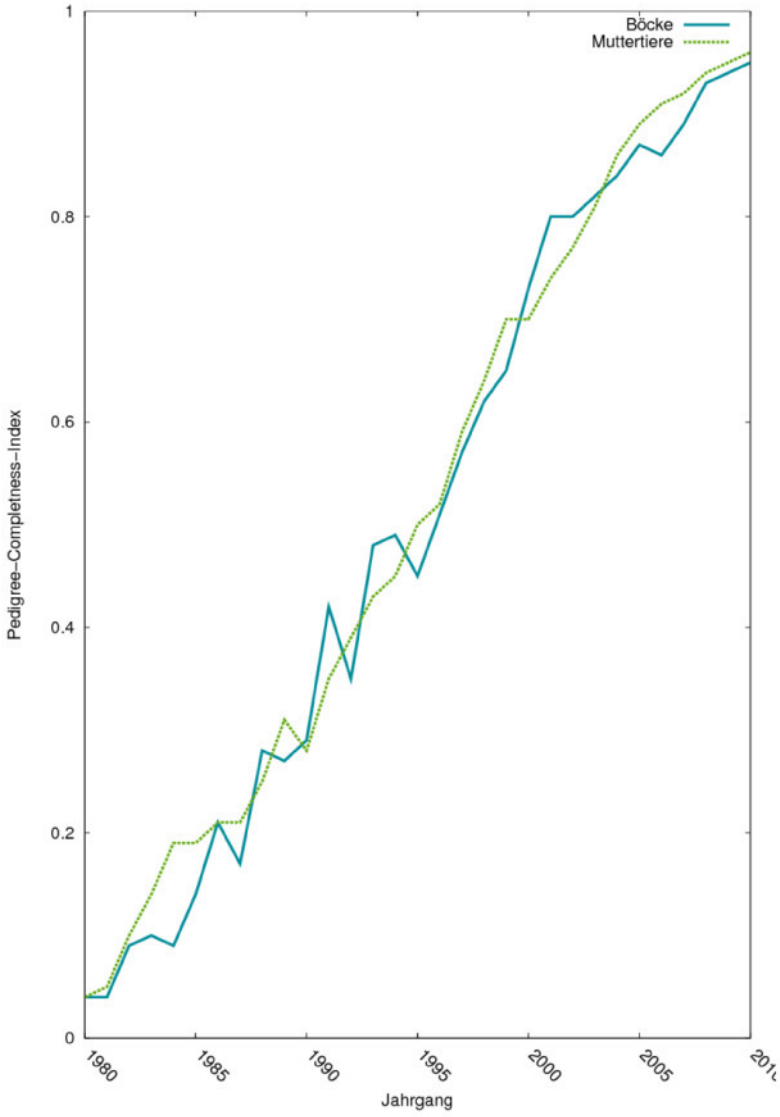


Tabelle 15: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (20725 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	185	0.93	5655	0.93
2	398	0.83	3759	0.79
3	386	0.63	2812	0.61
4	334	0.49	2131	0.46
5	290	0.32	1617	0.33
6	267	0.23	1146	0.22
7	190	0.12	727	0.14
8	114	0.07	383	0.09
9	45	0.09	159	0.06
10	18	0.08	60	0.06
11	9	0.10	26	0.05
12	3	0.00	9	0.00
13	0	0.00	2	0.00
Gesamt	2239		18486	

Tabelle 16: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (5840 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	30	0.91	1078	0.91
2006	26	0.95	995	0.92
2007	32	0.92	1255	0.93
2008	45	0.93	1138	0.95
2009	42	0.95	972	0.95
2010	10	0.95	217	0.96
Gesamt	185		5655	

6.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass

in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 17 und die Muttertiere (Tabelle 18) ausgewiesen. Da fast keine fremdrassigen Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern des SKF registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) nur ein Fremdgenanteil von ca. 1% festzustellen. Hier sind u.a. sehr geringe Anteile von Tieren der Rassen Merinolandschaf, Suffolk und Texel zu finden

Tabelle 17: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Schwarzköpfiges Fleischschaf	sonstige	unbekannt
2005	30	1.49	99.43	0.57	0.00
2006	26	1.54	97.55	2.45	0.00
2007	32	1.02	98.24	1.76	0.00
2008	45	1.25	99.41	0.59	0.00
2009	42	0.80	99.18	0.82	0.00
2010	10	0.60	99.16	0.84	0.00
Ges.	185	1.15	98.88	1.12	0.00

Tabelle 18: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Schwarzköpfiges Fleischschaf	sonstige	unbekannt
2005	1078	1.40	98.40	1.60	0.00
2006	995	1.43	99.08	0.92	0.00
2007	1255	1.60	99.50	0.50	0.00
2008	1138	1.52	99.42	0.58	0.00
2009	972	1.59	99.40	0.60	0.00
2010	217	0.91	99.70	0.30	0.00
Ges.	5655	1.49	99.19	0.81	0.00

6.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher

in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 19 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Auf der Vaterseite ist das Generationsintervall um ca. 0,3 Jahre kürzer als auf der Mutterseite, dies gilt für die Väter/Mütter der Böcke und der Mutterschafe. Insgesamt ergibt sich für das Schwarzköpfige Fleischschaf ein mittleres Generationsintervall von 3,90 Jahre. Damit liegt das mittlere Generationsintervall erheblich über dem Mittel über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre). Vor allem die Eltern der Böcke sind wesentlich älter als in anderen Rassen.

Tabelle 19: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	185	3.73
Mutter auf Vater	185	4.23
Vater auf Mutter	5.655	3.43
Mutter auf Mutter	5.655	4.21

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.90 Jahre

6.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 6.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 6.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $>$ 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $>$ 0,70 der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen bei vielen Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann beim Schwarzköpfigen Fleischschaf auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden. Daher resultiert ein überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von N_e = 389. Aufgrund der unzulänglichen Daten scheint die beschriebene Methodik beim Schwarzköpfigen Fleischschaf nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Mittl. Generationsintervall : 3.90 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 389.34

Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation

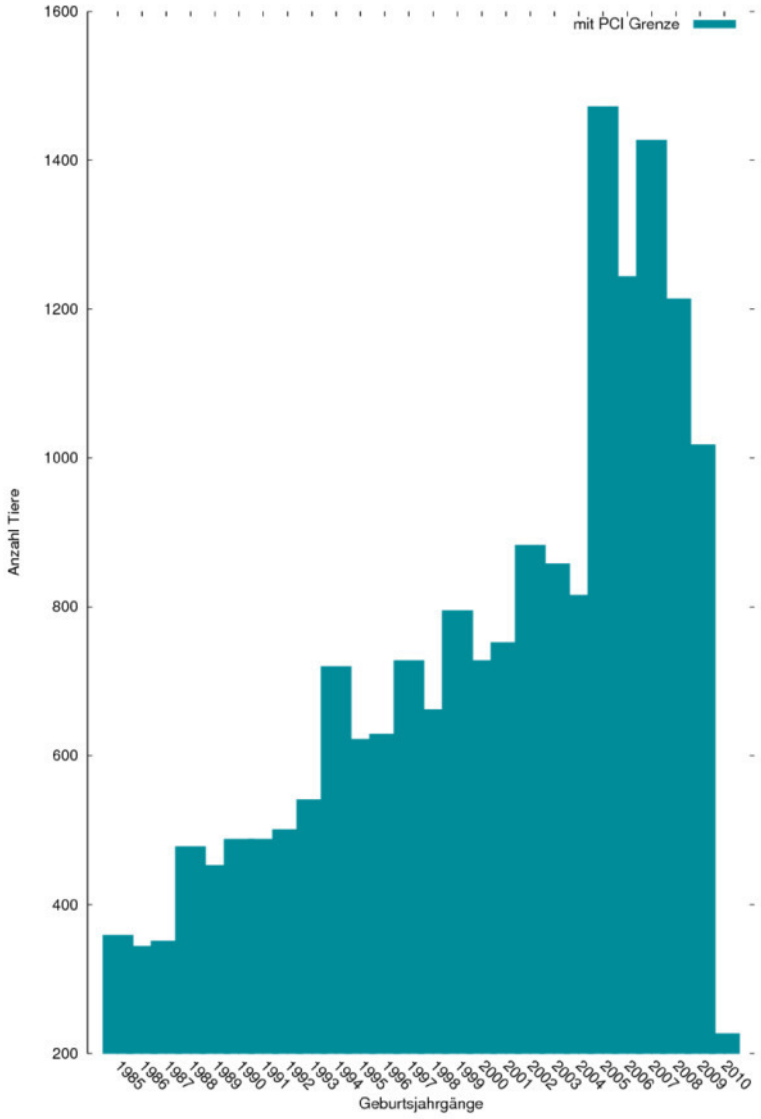
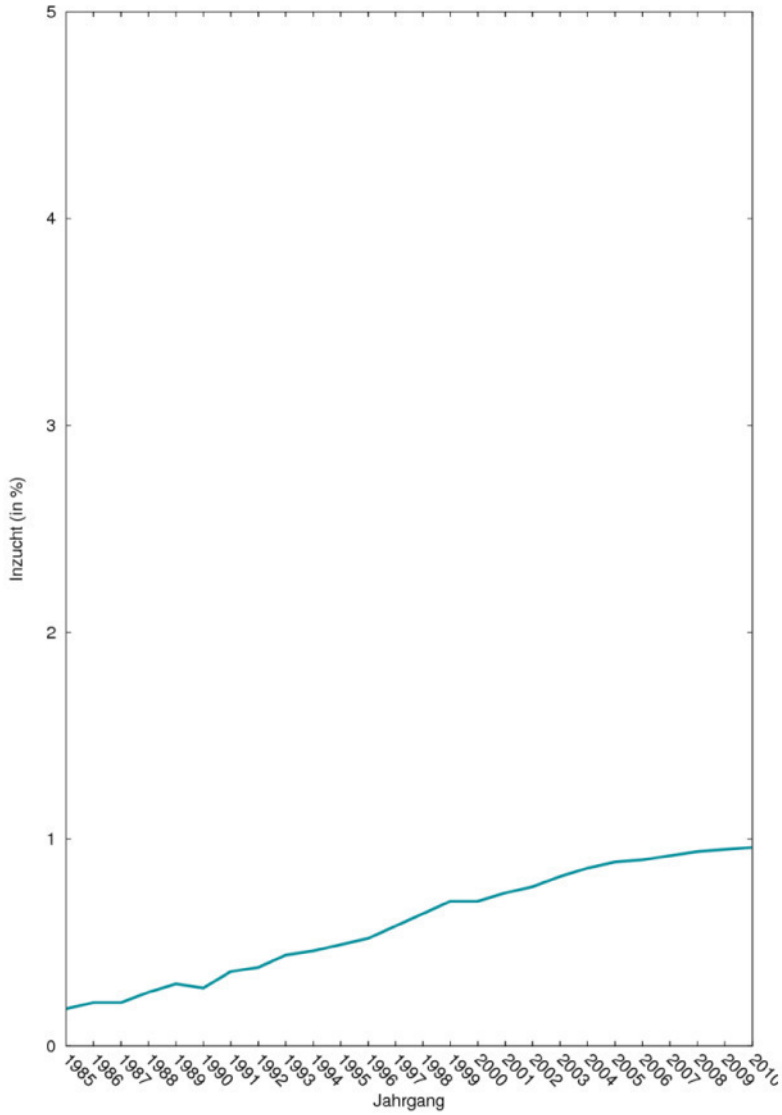


Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Schwarzköpfiges Fleischschaf)



6.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 20 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 21 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 297, berechnet aus 1556 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 20, weist auf eine engere Blutführung und genetische Variabilität hin als der Wert der effektiven Populationsgröße. Lt. Tabelle 21 hat nur ein Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation.

Tabelle 20: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	1556	1003	1301
Anzahl effektive Foundertiere	297		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 22 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, f_a = 184 weist beim Schwarzköpfigen Fleischschaf ebenso auf die Überschätzung von Ne hin. Es sind nur 2 dominante Ahnen (>2% Genanteil) in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 22). Neben dem einflussreichsten Founder, ein 1985 geborener Bock, wurde zusätzlich nur noch ein Ahne mit einem Genanteil $> 2\%$ gefunden. Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen auf eine noch breite genetische Variabilität in der Rasse hin.

Tabelle 21: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
HE05015000042	25.12.1985	männlich	2.23
RP05/BRP050229	11.12.1980	männlich	1.64
RP05/BRP0502111	01.02.1985	männlich	1.48
RP05/BWF0599969	02.02.1975	männlich	1.17
RP05/BRP0502410	25.12.1994	männlich	1.14
RP05/BRP0555291	12.12.1977	männlich	1.06
RP05/BWF05123147	26.12.1994	männlich	1.02
NI05019679	25.12.1995	männlich	0.91
NI05016087706	24.01.1987	weiblich	0.85
RP05/BWF05152002	06.10.1983	männlich	0.85
RP05/BNS05031024	09.01.1981	männlich	0.76
RP05003000329	15.01.1992	männlich	0.68
RP05003000609	15.10.1992	weiblich	0.67
0393248030	17.01.1988	männlich	0.61
NI050055016	22.12.1994	männlich	0.59
RP05/BNS05169021	19.01.1989	männlich	0.58
RP05/050246	01.07.1977	weiblich	0.58
WE05001002416	15.02.1986	männlich	0.54
BY05004000757	22.12.1998	männlich	0.54
RP05/CH-000139	26.01.1999	männlich	0.54
RP05/BWF05941805	01.01.1982	männlich	0.53

Anzahl effektiver Ahnen : 184

Tabelle 22: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
RP05/BRP0502329	11.01.1992	männlich	2.7
HE05015000042	25.12.1985	männlich	2.2

6.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 23 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (0,60%) der 208 Vatertiere zu den 6.322 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation sind sehr positiv zu beurteilen, d.h. es ist noch genügend genetische Variabilität vorhanden und bei entsprechender Anpaarung bzw. Bockzukauf in den Herden dürfte Inzuchtzuwachs auch in Zukunft kein Problem darstellen.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 0.60 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 208
Anzahl verfügbare Mütter: 6322

Tabelle 23: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE011300137073	0.01	1.20	50.79	5964	26
DE011600335163	0.00	1.08	50.00	5755	57
DE011600335169	0.00	1.04	50.78	5927	57
091290296	0.07	1.02	33.30	4837	66
DE011600335184	0.00	1.02	33.64	5717	57
DE011300128664	0.81	0.93	50.81	3227	61
DE011300128668	0.12	0.92	50.12	5224	68
DE011300137022	0.39	0.89	33.25	5248	62
DE010310687427	0.23	0.84	50.33	4631	7
DE010710117542	0.01	0.78	50.12	5694	28
DE010992250001	1.58	0.74	39.08	5160	18
092490423	0.00	0.73	50.00	4479	13
DE011500200946	0.20	0.73	51.05	5476	18
DE010200006618	0.01	0.72	50.01	5628	26
092250957	0.00	0.69	50.06	5552	47
DE010710101845	2.04	0.68	39.43	4544	12

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE010310822120	0.07	0.60	32.51	5129	8
DE010510371202	0.01	0.60	50.01	4857	17
091130434	0.03	0.59	50.13	5556	23
DE010710117546	0.00	0.53	31.98	5431	27
DE010710117455	0.00	0.53	31.98	5431	28
DE010510371221	0.01	0.52	28.57	5655	15
DE010310822105	0.07	0.52	31.34	5408	8
DE011610004831	0.00	0.52	50.01	5596	10
DE011600357545	0.02	0.49	50.02	5772	3
DE011300117106	1.56	0.47	40.34	4015	7
092490459	4.77	0.46	27.64	5236	21
DE010110084858	0.20	0.45	51.61	5163	5
DE011300017109	0.00	0.41	25.50	4211	4
DE010510287438	0.09	0.40	31.31	5314	14

6.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden::aufzaehlung:

Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist relativ über alle Schafrassen gesehen zwar gut, aber trotzdem für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) noch nicht ausreichend. Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt.

Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen entspricht besser der Realität.

Nach diesen Zahlen ist nach wie vor genügend genetische Variabilität in der Rasse vorhanden, um auch in Zukunft bei entsprechendem Anpaarungsmanagement Inzucht zu vermeiden bzw. die Rasse züchterisch intensiv zu bearbeiten.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- SKUDDE -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

Service & Daten aus einer Quelle

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **6**

2.1 Leistungsprüfungen 6

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 7

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 9

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 10

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 10

2.3 Zuchtwertschätzung 11

2.4 Selektion 11

3 Rassebeschreibung **12**

3.1 Zuchtziel 12

4 anerkannte Züchtervereinigungen **12**

5 Informationen aus dem Herdbuch **14**

5.1 Verteilung auf Verbände 15

5.2 Herdenstruktur 16

5.3 Kennzahlen der Zucht 18

6 Populationsanalyse **21**

6.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 21

6.2 Pedigree-Vollständigkeit 23

6.3 Genanteile 27

6.4 Mittleres Generationsintervall 28

6.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 29

6.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 33

6.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 36

6.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 37

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 16

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 26

3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 31

4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Skudde) 32

Tabellenverzeichnis

1 Leistungsspektrum 12
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände 15
3 Verteilung der Tiere auf Regionen 15
4 Anzahl Herden in den Verbänden 16
5 Verteilung der Herden auf Regionen 17
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 18
7 Entwicklung der Zucht 18
8 Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein 19
9 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 20
10 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 22
11 Verteilung auf Verbände 22
12 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 23
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 25
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (3730 Tiere) 27
15 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1220 Tiere) 27
16 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 28
17 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 28
18 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 29
19 Kennzahlen zu Foundertieren 33
20 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 34
21 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 35
22 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 36

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(Dr. Gunhild Kurt, Dr. Sarah Kimmina, Dr. Regina Walther - 2012)

Die Ostpreußischen Skudden sind eine alte Landschafrasse, die ursprünglich aus Ostpreußen und den weiteren baltischen Ostseebezirken stammen. Es sind kurzschwänzige, mischwollige, nordische Heidschafe, die in den Masuren auch Kosse genannt werden. Sie gelten als das kleinstes Schaf Mitteleuropas (Krische, 1993)

Die Herkunft des Namens „Skudde“ ist nicht eindeutig zu erklären. Es gibt verschiedene Ansätze, die auf ihre Herkunft zurückzuführen sind. Einer Deutung zufolge wird es als „dürftig“ erklärt (Knabe,1986). Ein weiterer Ansatz ist die mögliche Herkunft aus Polen, dem Gebiet im nördlichen Podlasien, genauer gesagt Niniza Podlaska. Dieses Gebiet gehört zu Bialowiesza, was als südliches Verbreitungsgebiet der Skudde angesehen wird und im Polnischen als “skudy“ bezeichnet wird. Eine weitere Namenserklärung wird durch den litauischen Scheuchruf für Schafe angenommen „skud(i)“ angenommen. Vergleicht man den pomoranischen (kaschubischen) Lockruf „kut, kut, kut“ für die Schafe aus der Gegend von „Koscierzyna (Polen) mit dem Appellativ für Schaf „Kutina“ kann man auf einen gemeinsamen slawischen Wortstamm schließen. Im Deutschen, im ehemaligen Grenzgebiet zu Litauen, ist das Wort Skudde als Bezeichnung für „Schaf“ bzw. „weibliches Schaf“ und als Rasse nachgewiesen. Nach anderen Hinweisen kann sich der Name Skudde auch von „Kosse“ ableiten, was soviel heißt wie „ärmlich“ (Sambraus,1989, Krische 1993). Ein Nachweis für das Wort Skudde fand man auch, in dem Litauischen Etymologischen Wörterbuch von Ernst Fraenkel, Band 2,1965, „Skuide“- „kleines Schaf (Sell,1987, Birndt, 2003).

Die erstmalige Erwähnung der Skudden erfolgte 1888 (Stieger, 1888). Weitere Erwähnungen, in denen die Skudde beschrieben wird, sind in den Jahren 1917 – 1929 zu finden (Birndt, 2003). Zunächst unterlagen diese Schafe keiner kontrollierten Zucht, hatten aber eine wichtige Funktion als Nutztier auf kargen Flächen, die für Rinder, Pferde oder großrahmigere Schafe nicht nutzbar waren. Durch die zunehmend intensiver werdende Landwirtschaft und damit einhergehende Bemühungen um Veredelungs-, bzw. Verdrängungskreuzungen nahmen die Bestände der ursprünglichen Skudden in den Zwanziger Jahren des letzten Jahrhunderts drastisch ab. In der Folge des Zweiten Weltkriegs drohte die Rasse dann gänzlich auszusterben. Die Spur der Rasse zwischen 1940 und 1970 zu verfolgen ist kaum möglich. Die vorhandenen Bestände wurden kaum züchterisch bearbeitet und dokumentiert. Bekannt ist, dass 1941 Skudden aus Litauen in den Zoo Hellabrunn (München) importiert wurden (persönl. Mitteilung Heck, 1979). Diese Skuddenzucht besteht bis heute, und es wurden im Laufe der Jahrzehnte immer wieder Tiere an private Halter und zoologische Einrichtungen abgegeben. So auch im Jahr 1942 an den Zoo Leipzig. In den Notzeiten des Krieges eigentlich als Futtertiere für Raubkatzen gedacht, zeigten sie sich dann jedoch durch ihren Charme so bestechend, dass auch hier eine Zuchtgruppe etabliert wurde.

Zu Beginn der 80er Jahre trafen sich im Rahmen der DLG-Schau in Frankfurt interessierte Züchter und Halter von Skudden und Pommern, um über die Gründung eines Zuchtverbandes zu beraten. Es erfolgte die Gründung des „Zuchtverbands für seltene Spezialschafrassen“, der von Anfang an ausschließlich die Rassen Ostpreußische Skudde und Rauhwolliges Pommersches Landschaf betreute. Dieser wurde im Jahr 1984 als Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe (ZV-SP) der erste bundesweite Zuchtverband für die Herdbuchzucht von Ostpreußischen Skudden. Mit Unterstützung durch die Universitäten Gießen und Göttingen wurden die ersten Zuchtziele formuliert und die erste Zuchtbuchordnung entwickelt. In ganz besonderem Maße engagierte sich der damalige

Leiter des Versuchsguts Oberer Hardthof des Instituts für Tierzucht und Haustiergenetik der Justus Liebig Universität Gießen, Prof. Dr. Karl-Hermann Finger für diese Arbeit. Prof. Finger prägte über viele Jahre die Arbeit des Verbandes durch seine Fachkenntnis und seine züchterische Weitsicht.

Während der Zuchtverband aufgrund der politischen Lage seine Verbreitung im wesentlichen auf dem Gebiet der westlichen Bundesländer hatte, gab es parallel dazu auch auf dem Gebiet der DDR engagierte Züchter und Halter. Fünf weibliche und ein männliches Tier aus dem Münchener Zoo begründeten die Zuchtgruppe des Leipziger Zoos. Nach Erhebungen von Knabe, 1988, wurden 1985 115 Skudden in 15 Beständen gehalten. Sie waren in zoologischen Gärten wie Berlin, Magdeburg, Stralsund und Leipzig, aber auch in privaten Haltungen untergebracht. Insbesondere in den Ländern Berlin-Brandenburg und Sachsen waren und sind sehr viele und engagierte Züchter von Ostpreußischen Skudden zu finden. Seit 1995 werden in Sachsen regelmäßig Körungen durchgeführt und Mutterschafe sowie Jungschafe bewertet, dies führte zum Aufbau eines kleinen aber stabilen Bestandes. Zwischenzeitlich betreuen fast alle Landesschafzuchtverbände auch eine kleine oder größere Anzahl Skuddenzüchter mit ihren Herden.

Aus Befragungen von Gründungsmitgliedern des ZV-SP und Interessenten Mitte der neunziger Jahre, sowie durch Auswertung der Zuchtunterlagen konnten einige Ursprünge und Verbreitungswege der Skuddenzucht ermittelt werden. Es zeigt sich eine sehr schmale Zuchtbasis, die erst zu Beginn der achtziger Jahre eine deutliche Verbreiterung erfahren hat. Mit Beginn der gezielten Herdbuchzucht wurde auch ein großes Augenmerk auf die Reduzierung von Inzucht gelegt, wenngleich sich diese naturgemäß nicht vollständig vermeiden ließ. Bedeutende Zuchtlinien finden sich auch jetzt noch in großer Verbreitung.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 6.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 5.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht
- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt. Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssystem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 5.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Es handelt sich um das kleinste deutsche Schaf mit keilförmigem Kopf, der mit Stichelhaaren besetzt ist. Die Böcke tragen ein schneckenförmiges Gehörn mit ausreichendem Abstand zum Kiefer, dessen Spitzen wenig nach außen gestellt sein sollte, während die weiblichen Tiere hornlos, mit abstoßbaren Stummelhörnern oder gehörnt sein können. Böcke besitzen eine Mähne. Kleine schwarze Pigmentflecken sowie fuchsiger Anflug an den Beinen und am Kopf sind rassetypisch. Der kurze, dreieckige Schwanz sollte deutlich über dem Sprunggelenk enden und ist mit Borsthaaren besetzt. Das mischwollige Vlies besteht aus Borsthaaren, Wollfasern und Grannenhaaren. Die Vliesfarbe ist weiß, schwarz, braun oder grau. Mehrfarbige, scheckige Vliese sind unerwünscht. Die Brunst ist bedingt asaisonal. Die Erstzulassung kann in einem Alter von 8 Monaten erfolgen.

Tabelle 1: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	40-50	2,0-2,5		50-65	
Jährlinge	30-40	1,5-2,0		50-60	
Lammböcke					
Mutterschaf	30-40	1,2-2,0	130-180	45-60	
Zuchtlämmer					

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Schlachtlämmern im Bereich von 100 - 150 g, das handelsübliche Lebendgewicht bei rund 20-28 kg.

3.1 Zuchtziel

Die Züchtung eines robusten, kleinrahmigen Schafes mit besonderer Eignung zur Landschaftspflege auf mageren Standorten. Erwünscht ist eine Verbesserung der Bauchbewollung.

4 anerkannte Züchtervereinigungen

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.
Haydnstraße 11
80336 München
Tel.: 089 / 53 62 27
Email: bhg-schafzucht@t-online.de
www.bhg-schafzucht.de

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
Kölnische Str. 48 - 50
34117 Kassel
Tel.: 0561/16984
Email:
www.schafe-hessen.de

Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.
Karow, Zarchliner Str. 7
19395 Plau
Tel.: 038738/73071
Email: schafzucht@rinderzucht-mv.de
www.schafzucht-mv.de

Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 0711/16655-40
Email: Wohlfarth@schaf-bw.de
www.schaf-bw.de

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/329777
Email: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de
schafzucht-niedersachsen.de

Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.
Angerstr. 6
06118 Halle
Tel.: 0345/5214941
Email: roesler@lkv-st.de

Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.
Mars-la-Tour-Str. 6
26121 Oldenburg
Tel.: 04 41-8 21 23
Email: LSV@LWK-Niedersachsen.de
www.schafzuchtverband-weser-ems.de

Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.
Dillinger Str. 67
66822 Lebach
Tel.: 06881/928-201
Email: anton.schmitt@lwk-saarland.de

Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431/332608
Email: info@schafzucht-kiel.de
www.schafzucht-kiel.de

Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.
Ostende 5
04288 Leipzig
Tel.: 034297/919651
Email: sszv leipzig@sszv.de
www.sszv.de

Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.
Bleichstr. 41
33102 Paderborn
Tel.: 05251-32561
Email: schafzuchtverband@lwk.nrw.de
www.schafzucht-nrw.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

Stevede 56
48653 Coesfeld
Tel.: 02541-9689452 / 04355-989380
Email: herdbuch@schafzuchtverband.de
www.landschafe.de

5 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

5.1 Verteilung auf Verbände

In Tabelle 2 ist die Verteilung der Elterntiere auf die Zuchtverbände dargestellt. Die Zucht der Skudden hat in dem bundesweit tätigen Zuchtverband ZVSP ihren Schwerpunkt. Aber auch regionaltätige Zuchtverbänden wie Berlin-Brandenburg und Sachsen und SZV NRW e.V haben eine tragenden Bedeutung für die Zucht.

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
LSV Niedersachsen	7	68
SZV NRW e.V.	11	128
LSZV MV	9	39
ZVSP	84	914
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	4	30
BHG	1	32
Hessen	0	34
SH-S	8	27
LSV Baden-Württemberg e.V.	2	31
Saarland	4	8
SSZV (Sachsen)	20	153
Weser-Ems	0	12
Berlin-Brandenburg	57	734
Gesamt(Alle Verbände)	207	2210

[a] für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

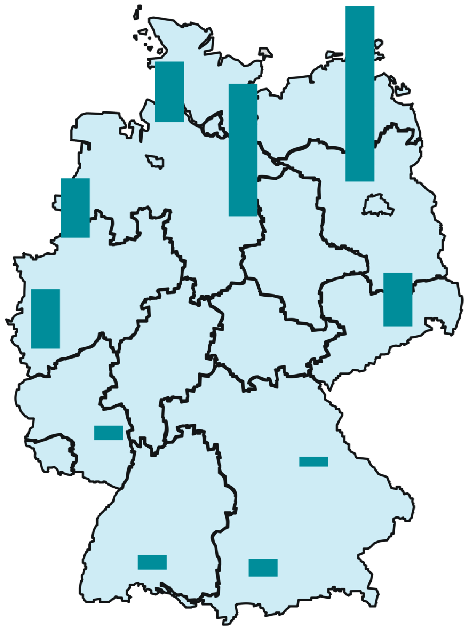
Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
332	0
1018	1
392	2
760	3
365	4
336	5
96	6
86	7
98	8
63	9

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Die Abbildung 1 verdeutlicht die regionale Verteilung der Zuchtpolulation innerhalb Deutschlands. Die Säulen spiegeln die Postleistzahlbezirke der Bundesrepublik wider wie diese in Tabelle 3 explizit aufgelistet sind. Skudden sind in fast allen Landesteilen zu finden, was u.a.auch auch dem einzigen bundesweit tägigen Zuchtverband zu verdanken ist. Der Schwerpunkt ist aber im Nordosten der Republik zu finden, wo das eigentliche Ursprungszuchtgebiet zu finden ist.

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



5.2 Herdenstruktur

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	BHG
1	Saarland
1	Weser-Ems
2	Hessen
2	LSV Baden-Württemberg e.V
5	LSV Sachsen-Anhalt e.V.
5	SZV NRW e.V.
6	LSZV MV
11	LSV Niedersachsen
11	SH-S
16	SSZV (Sachsen)
46	Berlin-Brandenburg
94	ZVSP
201	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
25	0
33	1
30	2
32	3
20	4
28	5
6	6
9	7
5	8
7	9
195	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Skudden werden vornehmlich in Herden bis 20 Tieren gezüchtet. (vergl. Tabelle 6)

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
62	1 bis 9
86	10 bis 19
19	20 bis 29
12	30 bis 39
8	40 bis 49
7	50 bis 59
1	60 bis 69
1	70 bis 79
2	80 bis 89
3	100 und mehr

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

5.3 Kennzahlen der Zucht

Die Anzahl Ablammungen verdeutlicht in den Jahren 2002 bis 2006 eine leichten Anstig der Zuchtaktivitäten. In neuester Zeit verringert sich die Zahl der Ablammungen wieder und liegt knapp unter dem Niveau zu Beginn dieses Jahrtausends (vergl. Tabelle 7. Bei der Remontierung der Zucht (Körungen und Herdbuchaufnahmen) scheint ein stabiles Niveau vorzuliegen. Der Anstieg in den Zahlen bei der Herdbuchaufnahme könnten sich organisatorische Gründen ergeben.

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	1476	1639	55	46	98
2001	1401	1756	39	47	52
2002	1522	1673	91	56	41
2003	1576	1743	75	54	81
2004	1776	2220	114	72	73
2005	1791	2536	101	75	57
2006	1703	2416	97	58	61
2007	1616	2297	93	68	132
2008	1469	1921	94	66	278
2009	1460	1871	57	68	387
2010	1345	1888	73	80	433
2011	1346	1909	71	73	408
2012	728	1050	16	42	56

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 8: Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein

	Anzahl			
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	6	10		
2001	9	14		
2002	16	29		
2003	13	21		
2004	18	28		1
2005	18	27		5
2006	29	47		
2007	20	31	7	4
2008	24	36	2	16
2009	32	45	2	
2010	16	20	1	1
2011	30	46		

Im Rahmen des Programms zur TSE-Resistenzucht wurden Untersuchungen bei den Skudden durchgeführt. Eine Übersicht zu den Ergebnissen bei ausgwählten Genotypausprägungen ist in Tabelle 9 zu finden. Nach einer intensiven Phase ist die Zahl der Untersuchungen stark rückläufig. Ein Grund für den Rückgang ist sicherlich in der erfolgreichen Umsetzung des TSE-Resistenzuchtprogramms zu sehen (vergl. Abschnitt 2.2 auf Seite 10)

Tabelle 9: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	124	7.3	9	29.0	36	12.1	15	-	-	13.7	17	29.0	36
2001	147	8.2	12	34.0	50	10.2	15	-	-	13.6	20	26.5	39
2002	207	9.7	20	33.3	69	7.2	15	-	-	11.1	23	27.5	57
2003	281	8.5	24	28.5	80	8.2	23	-	-	20.6	58	29.9	84
2004	293	13.7	40	39.9	117	8.2	24	0.3	1	5.1	15	23.5	69
2005	277	21.3	59	35.7	99	11.9	33	-	-	10.8	30	14.8	41
2006	236	28.0	66	42.8	101	5.5	13	-	-	2.5	6	17.8	42
2007	174	28.2	49	44.8	78	5.7	10	-	-	2.9	5	9.8	17
2008	203	27.1	55	31.5	64	9.4	19	-	-	-	-	14.3	29
2009	167	28.1	47	32.3	54	8.4	14	-	-	-	-	15.6	26
2010	144	34.7	50	32.6	47	4.9	7	-	-	1.4	2	18.8	27
2011	105	29.5	31	33.3	35	8.6	9	-	-	2.9	3	18.1	19
2012	6	66.7	4	16.7	1	16.7	1	-	-	-	-	-	-

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6 Populationsanalyse

6.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 10 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 11 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die Anzahl geborener und registrierter Tiere der Rasse „Skudde“ ist bis ca. 2000 nicht vollständig. Seit 2007 ist die Anzahl registrierter Lämmer ebenfalls abnehmend – auf ca. 2000 pro Jahr. Aufgrund des Verhältnisses der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 10 ist allerdings davon auszugehen, dass zumindest nicht alle geborenen männlichen Lämmer in den Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden. Laut Tabelle 11 wird die Rasse vor allem in den Neuen Bundesländern gehalten.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 12 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 12 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Aus Tabelle 12 ist ersichtlich, dass von 174 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 143 und von 1.738 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 1.463 leben. 143 noch lebende Schafböcke und 1.463 noch lebende Mutterschafe der Geburtsjahrgänge 2005 – 2010 bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring der Skudden.

Tabelle 10: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	86	188
1991	107	197
1992	124	266
1993	154	356
1994	273	509
1995	267	602
1996	367	680
1997	447	839
1998	574	924
1999	673	1.130
2000	742	1.160
2001	800	1.162
2002	707	1.097
2003	753	1.151
2004	1.004	1.324
2005	1.208	1.456
2006	1.177	1.349
2007	1.088	1.307
2008	862	1.125
2009	918	1.005
2010	941	961
2011	892	960

Tabelle 11: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	149
LSZV MV	246
LSV Baden-Württemberg e.V.	93
LSV Niedersachsen	597
Weser-Ems	73
SSZV (Sachsen)	1.485
Berlin-Brandenburg	3.609
ZVSP	2.996
SZV NRW e.V.	1.704
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	125
Saarland	7
SH-S	91
BHG	356

Tabelle 12: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	1.208	1.456	41	392	30	257
2006	1.177	1.349	38	338	29	276
2007	1.088	1.307	26	356	23	312
2008	862	1.125	42	333	37	306
2009	918	1.005	23	248	20	243
2010	941	961	4	71	4	69
Gesamt	6.194	7.203	174	1.738	143	1.463

6.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 13 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 14 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 13 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 14 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 15 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 15 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 132 von 143 Böcken (=92%) und 1.088 von 1.463 Mutterschafen (=74%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Dieser Anteil an Tieren mit ausreichenden Abstammungsinformationen für das Monitoring ist bezogen auf andere Schafrassen durchschnittlich zu bewerten. Die verbleibende Monitoring Population C der Skudden umfasst dann 3.730 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Im Maximum sind bis zu 15 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert. Im Regelfall aber wesentlich weniger.

Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	0	0.00	1	0.00
1981	1	0.00	1	0.00
1982	0	0.00	1	0.00
1983	3	0.11	5	0.00
1984	1	0.00	6	0.06
1985	6	0.00	4	0.00
1986	2	0.00	5	0.00
1987	4	0.00	17	0.04
1988	8	0.07	36	0.06
1989	9	0.06	40	0.04
1990	17	0.09	34	0.12
1991	19	0.12	52	0.08
1992	19	0.20	72	0.17
1993	13	0.15	74	0.19
1994	20	0.22	69	0.19
1995	21	0.37	75	0.31
1996	22	0.32	86	0.35
1997	30	0.41	134	0.37
1998	36	0.44	112	0.41
1999	25	0.52	114	0.43
2000	35	0.55	140	0.47
2001	38	0.65	156	0.53
2002	33	0.68	150	0.63
2003	42	0.70	154	0.68
2004	37	0.79	184	0.71
2005	48	0.84	291	0.81
2006	41	0.84	265	0.86
2007	33	0.90	284	0.86
2008	38	0.94	262	0.92
2009	20	0.92	213	0.94
2010	4	0.94	62	0.96

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

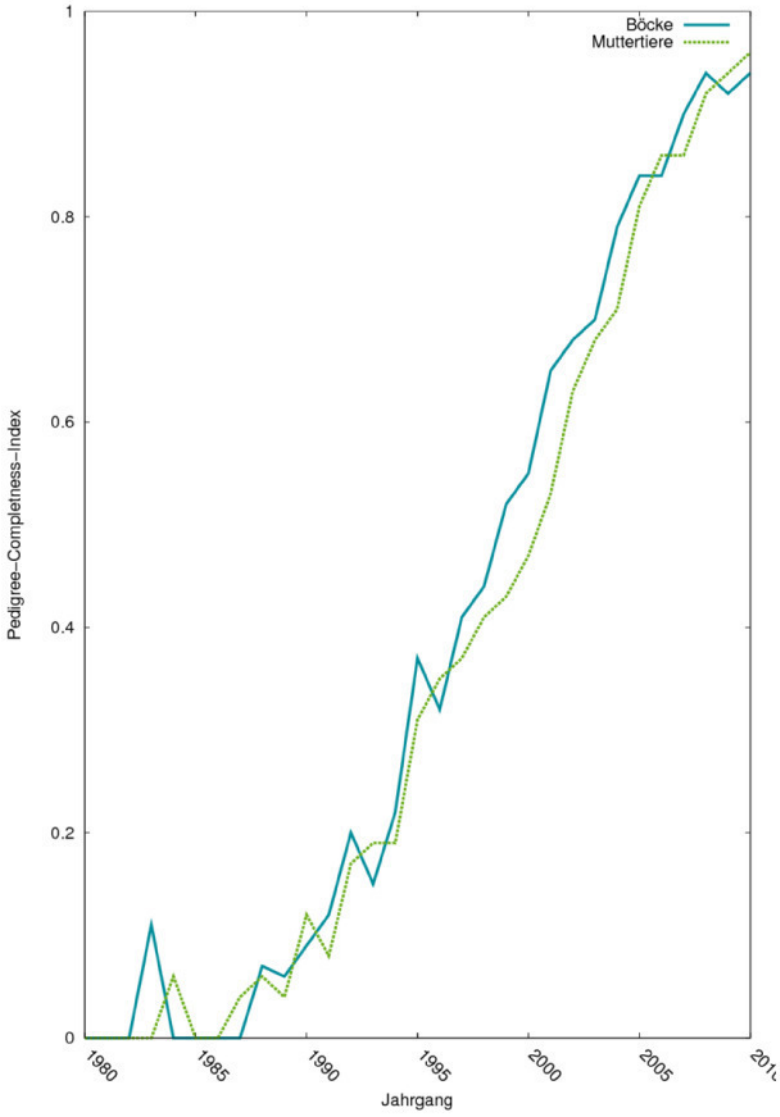


Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (3730 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	132	0.91	1088	0.91
2	160	0.74	791	0.70
3	143	0.52	538	0.43
4	95	0.33	330	0.31
5	55	0.18	213	0.20
6	27	0.11	87	0.15
7	10	0.22	36	0.11
8	4	0.14	13	0.15
9	1	0.00	5	0.00
10	0	0.00	2	0.00
Gesamt	627		3103	

Tabelle 15: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1220 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	26	0.88	181	0.87
2006	26	0.90	189	0.89
2007	21	0.89	220	0.90
2008	36	0.93	231	0.93
2009	19	0.92	205	0.94
2010	4	0.94	62	0.96
Gesamt	132		1088	

6.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Her-

kunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 16 und die Muttertiere (Tabelle 17) ausgewiesen. Da keine fremdrassigen Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern des Leineschafs registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) kein Fremdgenanteil festzustellen.

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Skudde	sonstige	unbekannt
2005	26	4.12	100.00	0.00	0.00
2006	26	4.96	100.00	0.00	0.00
2007	21	4.08	100.00	0.00	0.00
2008	36	2.54	100.00	0.00	0.00
2009	19	4.04	100.00	0.00	0.00
2010	4	9.72	100.00	0.00	0.00
Ges.	132	4.00	100.00	0.00	0.00

Tabelle 17: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Skudde	sonstige	unbekannt
2005	181	5.03	100.00	0.00	0.00
2006	189	3.61	100.00	0.00	0.00
2007	220	4.07	100.00	0.00	0.00
2008	231	3.68	100.00	0.00	0.00
2009	205	4.44	100.00	0.00	0.00
2010	62	6.59	100.00	0.00	0.00
Ges.	1088	4.28	100.00	0.00	0.00

6.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter

- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 18 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Abgeleitet aus dem Alter der Eltern der Monitoring-Ausgangspopulation C ist ein sehr einheitliches mittleres Generationsintervall auf der Vater- und Mutterseite zu beobachten. Die Böcke haben etwas jüngere Eltern als die Mutterschafe. Insgesamt liegt das mittlere Generationsintervall mit 3,64 Jahren ziemlich genau auf dem entsprechenden Wert über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre).

Tabelle 18: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	132	3.52
Mutter auf Vater	132	3.54
Vater auf Mutter	1.088	3.75
Mutter auf Mutter	1.088	3.73

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.64 Jahre

6.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten,

dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße** ($\mathbf{N_e}$) ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 6.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

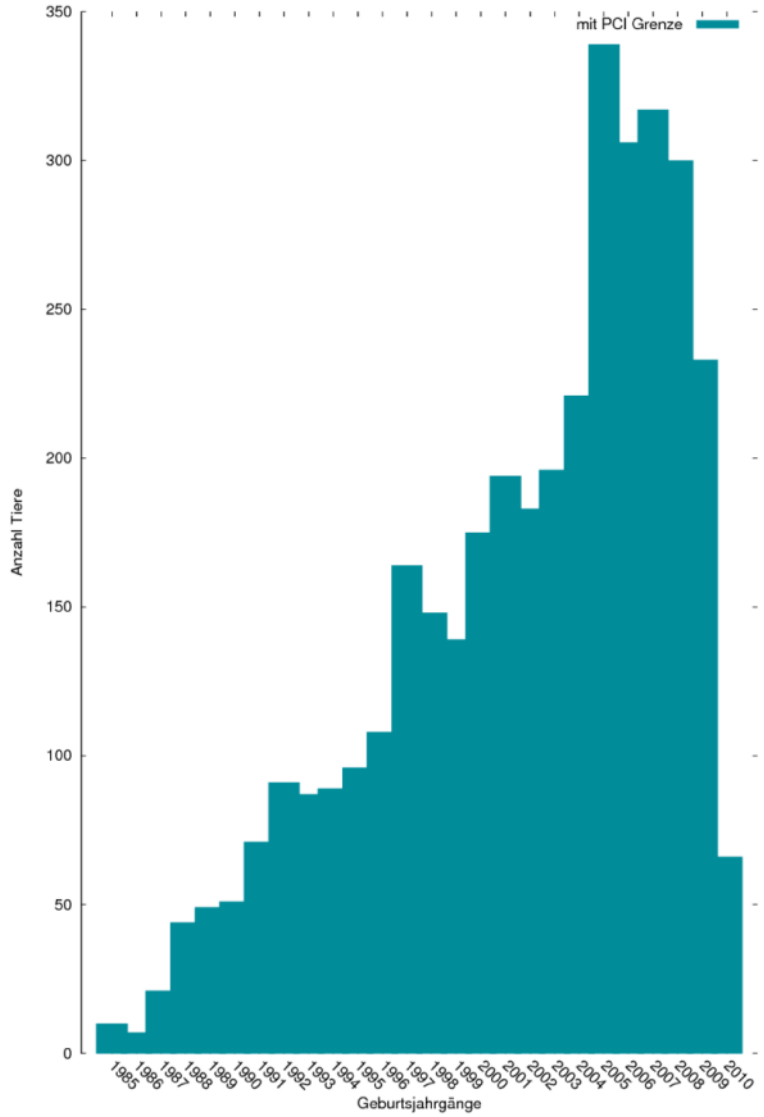
Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 6.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße ($\mathrm{N_e}$) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $>$ 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte

Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation



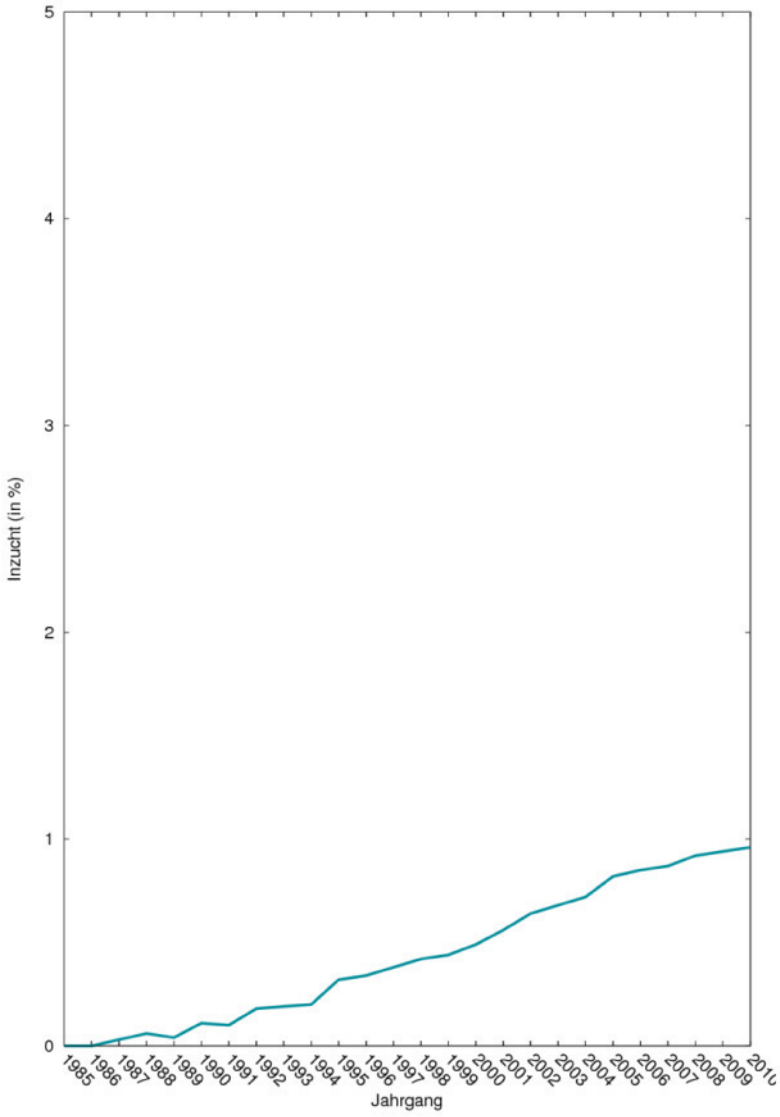
Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $> 0{,}70$ der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht.

Da aufgrund der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen bei vielen Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann bei den Skudden auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden. Daher resultiert ein überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von $N_e = 302$. Aufgrund der unzulänglichen Daten scheint die beschriebene Methodik bei der vorliegenden Population nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Mittl. Generationsintervall : 3.64 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 301.96

Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Skudde)



6.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 19 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 20 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet.

Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 116, berechnet aus 358 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 19, weist auf eine wesentlich engere Blutführung und genetische Variabilität hin als der Wert der effektiven Populationsgröße. Lt. Tabelle 20 haben 5 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation. Auffällig dabei ist, dass darunter 2 weibliche Tiere zu finden sind.

Tabelle 19: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	358	114	159
Anzahl effektive Foundertiere	116		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 21 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, $f_a = 69$ weist bei den Skudden ebenso auf die Überschätzung von Ne hin. Es sind 8 dominante Ahnen (>2% Genanteil), ausnahmslos Böcke, in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 21). Da ihr genetischer Einfluss auf die aktuelle Population durchweg höher ist als der der Founder, ist daraus abzuleiten, dass erst später ein Verengungsprozess (Flaschenhals-Effekt bzw. Bottle Neck) stattgefunden hat. Solche einflussreichen Ahnen wurden 1990-1994 und dann wieder von 2000-2003 geboren. Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen damit auf eine bereits eingeschränkte genetische Variabilität in der Rasse hin.

Tabelle 20: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
SP41067000003	01.01.1987	weiblich	2.53
HE41000000159	01.04.1991	männlich	2.36
BB41002000007	01.04.1990	weiblich	2.31
SP41059000001	08.03.1990	männlich	2.15
SP41039000025	26.11.1988	männlich	2.03
BB41012000304	04.03.1993	männlich	1.96
SP41028000101	01.01.1991	weiblich	1.85
BB41003000005	03.01.1988	männlich	1.78
SP41021000066	01.01.1988	männlich	1.63
SP41021000001	01.01.1987	männlich	1.58
SP41028000003	18.01.1991	männlich	1.57
BB41002000336	01.04.1993	weiblich	1.41
BB41002000406	23.02.1994	männlich	1.41
SP41050000044	01.01.1984	männlich	1.40
SP41021000914	01.01.1989	weiblich	1.39
WF41029000127	23.09.1991	männlich	1.27
SP41042006602	01.03.1996	weiblich	1.26
SP41021000901	15.01.1989	weiblich	1.13
SP41109000636	23.03.1996	männlich	1.03
SP41050000055	09.04.1987	männlich	0.99
SN41021088001	01.01.1988	weiblich	0.97
BB41006000400	13.02.1994	männlich	0.97

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
SN41044085002	13.05.1985	männlich	0.97
SN41006075001	11.03.1975	männlich	0.97
MV41000001950	22.01.1998	männlich	0.96
SP41077000002	03.03.1990	männlich	0.93
SP41077000902	01.01.1989	weiblich	0.93
SP41028000885	01.01.1988	weiblich	0.92
SP41010096010	06.06.1996	weiblich	0.91
WF41/BS1799	19.06.1990	männlich	0.88
BB41012009331	01.04.1993	weiblich	0.87
SP41050000001	04.07.1989	weiblich	0.85
BY41001094000	21.02.1994	männlich	0.84
BB41012009340	01.04.1993	weiblich	0.83
SP41028000909	21.03.1989	weiblich	0.79
SP41102000101	17.02.1991	weiblich	0.79
MV4100197928	02.08.1997	männlich	0.75
WF41/SW104	31.12.1990	weiblich	0.72
BB41028009202	01.04.1992	weiblich	0.69
SP41056000202	01.01.1992	weiblich	0.68
TH41014090001D	01.01.1990	männlich	0.64
SP41106000901	01.01.1989	weiblich	0.63
SP41997000001	01.01.1990	weiblich	0.59
WF41/BL003	10.08.1990	männlich	0.59
BB41002000042	01.04.1992	weiblich	0.56
BB41022000505	14.03.1995	männlich	0.56
BB41002000041	01.04.1992	weiblich	0.55
BB41022000407	09.08.1994	weiblich	0.55
BB41012009325	01.04.1993	weiblich	0.54
SA41029081000	15.02.1981	weiblich	0.53
WF41001091000	01.04.1991	männlich	0.52
SN41044084001	28.04.1984	weiblich	0.52
BW41001085001	01.04.1985	männlich	0.51
SR41001981	15.01.1985	männlich	0.51

Anzahl effektiver Ahnen : 69

Tabelle 21: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
SP41067000014	13.05.1992	männlich	4.9
BB41022200138	12.02.2001	männlich	3.7
SP41028000008	13.02.1994	männlich	3.5
BB41008200320	01.05.2003	männlich	3.5
SP41050000004	19.12.1992	männlich	3.4
BB41030200185	26.04.2000	männlich	3.3
BB41002000401	17.02.1994	männlich	2.9
SP41059000001	08.03.1990	männlich	2.1

6.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 22 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (0,83%) der 143 Vatertiere zu den 1.463 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation (Ausgangselternpopulation B) weist jedoch nicht auf eine zu geringe genetische Variabilität in den verfügbaren Elterntieren hin.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 0.83 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 143
Anzahl verfügbare Mütter: 1463

Tabelle 22: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE011210000363	8.01	2.06	59.08	324	36
DE011210062755	0.78	2.01	60.55	962	11
DE011210045547	6.01	1.72	57.57	438	19
DE010510120179	1.37	1.71	37.11	668	15
DE011210062718	1.56	1.56	39.16	535	21
DE011210064932	0.59	1.51	56.84	580	10
DE011210062711	0.00	1.50	56.01	438	15
DE010510257785	1.17	1.48	51.27	745	22
DE010510120253	6.74	1.47	47.80	668	12
DE011210164934	0.00	1.31	44.04	332	10
DE010510120062	3.91	1.24	57.81	469	21
DE010510269834	0.00	1.23	51.78	966	6
DE010510292501	0.61	1.22	50.61	703	23
DE010510292502	0.61	1.22	50.61	703	23
DE010310125410	0.00	1.18	29.69	461	3
DE010110046357	2.54	1.15	41.75	736	10
DE010510211541	0.00	1.12	39.21	690	23
DE011210132510	0.00	1.04	37.50	937	7
DE010510056500	0.00	1.02	50.20	724	13
DE010510148780	0.00	1.02	50.00	877	14
SA41005027701	3.13	1.01	53.52	409	1
DE011400246463	31.16	1.00	60.69	202	15
DE010510125791	0.20	1.00	50.29	842	14

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE010100145891	0.00	0.99	50.00	704	13
DE011300013189	0.00	0.95	27.34	555	4
DE011400246461	1.98	0.95	58.42	201	15
DE010800122569	0.00	0.93	31.37	750	3
DE010670031715	0.39	0.93	27.15	798	6
DE010310442638	0.00	0.92	25.00	791	4
DE010510312552	0.10	0.91	26.61	750	15

6.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist relativ über alle Schafrassen gesehen durchschnittlich, und damit für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) kaum geeignet. Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt.
- Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen entspricht besser der Realität.
- Nach diesen Zahlen wären züchterische Maßnahmen einzuplanen, um die genetische Variabilität in der Rasse gezielt zu erhalten. Hier wäre in erster Linie an den systematischen Austausch von Vatertieren zwischen Herden zu denken. Diese Vatertiere sollten jeweils eine möglichst niedrige Verwandtschaft zur Ziel-/Einsatzherde aufweisen.
- Auch wenn die beiden letzten Kriterien niedrig erscheinen, sind sie durchaus in der Größenordnung wie bei Milchviehrassen und daher nicht zu dramatisieren

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- THÜRINGER WALD ZIEGE -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **6**

2.1 Leistungsprüfungen 6

2.1.1 Milchleistungsprüfung 6

2.1.2 Zuchtleistungsprüfung 7

2.1.3 Beurteilung der äußeren Erscheinung 7

2.1.4 Kriterien für die Eintragung in das Zuchtbuch 8

2.2 Selektion 8

2.3 Zuchtwertschätzung 9

2.4 CAE-Sanierungsprogramm 9

3 Rassebeschreibung **9**

3.1 Zuchtziel 10

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **10**

5 Rassedachverbände oder Vereine **13**

6 Informationen aus dem Herdbuch **13**

6.1 Verteilung auf Verbände 13

6.2 Herdenstruktur 15

6.3 Kennzahlen der Zucht 16

7 Populationsanalyse **17**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 17

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 20

7.3 Genanteile 24

7.4 Mittleres Generationsintervall 25

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 26

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 30

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 32

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 34

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 15

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 23
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 28
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Thüringer Wald Ziege) 29

Tabellenverzeichnis

1 Maße und Gewichte 10
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände 14
3 Verteilung der Tiere auf Regionen 14
4 Anzahl Herden in den Verbänden 15
5 Verteilung der Herden auf Regionen 16
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 16
7 Entwicklung der Zucht 17
8 Anzahl Tiere mit Milchleistungsprüfungen nach Geburtsjahr 17
9 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 19
10 Verteilung auf Verbände 19
11 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 20
12 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 22
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (1810 Tiere) 22
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (743 Tiere) 24
15 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 25
16 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 25
17 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 26
18 Kennzahlen zu Foundertieren 30
19 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 31
20 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 32
21 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 33

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

In der Mitte des 19. Jahrhunderts wurde im wirtschaftlich schwachen Gebiet des Thüringer Waldes eine große Anzahl Ziegen gehalten. Die verschiedenen Ziegenschläge hatten sich an das raue Klima des Mittelgebirges angepasst und versorgten die Bewohner mit Milch und Fleisch.

Zur Verbesserung der Milchleistung und der Widerstandsfähigkeit der heimischen Landschläge wurden Ende des 19. Jahrhunderts Toggenburger Böcke aus der Schweiz eingeführt und mit gutem Erfolg an die heimischen Ziegen angepaart. Anfangs bezeichnete man die Neuzüchtung mit dem Namen Thüringer Toggenburger. Engagierte Menschen wie Oberlehrer Ludwig Mesch aus Marktgölitz, Pfarrer Kralisch aus Uhlstedt und Dr. Weineck aus Königsee bemühten sich sehr um die Zucht einer leistungsfähigen, robusten Ziegenrasse.

So wurde am 11.August 1935 nach genauester Prüfung durch eine staatliche Tierzuchtkommission die Eigenständigkeit der Rasse anerkannt und in Thüringer Wald Ziege umbenannt. Zu dieser Zeit zählte man 53.810 Tiere dieser Rasse. Seitdem wird sie rein weitergezüchtet. Mit zunehmendem Wohlstand in den Nachkriegsjahren gingen die Ziegenbestände stark zurück.

In der DDR wurde die Thüringer Wald Ziege vom Verband für Kleingärtner, Siedler und Kleintierzüchter(VKSK) züchterisch betreut. Die Bestandszahlen waren weiterhin stark rückläufig, dass eine organisierte Zucht ohne besondere Maßnahmen nicht mehr möglich war. So wurden Ende der 1980er Jahre auf Beschluss des VKSK aus der Schweiz ein Toggenburger Bock und drei weibliche Toggenburger Ziegen zur Blutauffrischung eingeführt und gezielt bei einem engagierten Züchter eingesetzt. Danach gab es keine weiteren Einkreuzungen.

Nach der politischen Wende gründete sich im Jahr 1992 der Landesverband Thüringer Ziegenzüchter. Zu dieser Zeit gab es nur noch 70 Herdbuchtiere der Rasse Thüringer Wald Ziege. In Zusammenarbeit mit der GEH wurde die Rasse als stark gefährdet eingestuft und sofort Maßnahmen zu ihrem Erhalt beschlossen.

Am Beginn standen aufwändige Recherchen zur Bestandsaufnahme und die Sicherung noch vorhandener Herdbuchunterlagen. Ein wichtiger Baustein zur Konsolidierung der Rasse war die finanzielle Unterstützung der Zuchten durch das Förderprogramm für die vom Aussterben bedrohter einheimischen Nutztierrassen im Rahmen des KULAP-Programms des Landes Thüringen. Es fanden sich neue interessierte Herdbuchzüchter und die Bestandszahlen stiegen kontinuierlich an. In zwei Diplomarbeiten wurden Herdbuchdaten zusammengefasst und die genetische Struktur der Population untersucht. Im Jahr 2002 gab es bereits wieder 537 weibliche Herdbuchtiere. Das Interesse an dieser Rasse blieb nicht auf Thüringen beschränkt, mittlerweile wird sie in 12 Bundesländern züchterisch geführt. Seit 2005 gibt es dafür eine bundesweite Rassearbeitsgruppe.

Die Zucht basiert auf fünf Vaterlinien (B-, C-, E-, M-, und Z-Linie). Von fast allen Bocklinien wurden Kryokonserven gewonnen und über den Landesverband Thüringer Ziegenzüchter im Spermadepot des Landesverbandes Thüringer Rinderzüchter eingelagert. Im Rahmen eines Projektes des Landesverbandes Thüringer Ziegenzüchter (gefördert durch die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung) wurde bereits im Jahr 2007 eine bundesweite Zuchttierdatenbank eingerichtet.

Die Bearbeitung der Rasse wird kontinuierlich weitergeführt und gehört auch zum Inhalt des gegenwärtigen Projektes der GEH. Es befasst sich mit dem Infrastrukturaufbau für die bundesweite Zucht bestandsgefährdeter Nutztierrassen im Bereich der Biologischen Vielfalt. Die Thüringer Wald Ziege hat sich am Markt behauptet. Der Gesamtherdbuchbestand

zählt bundesweit etwa 120 Züchter mit ca. 1000 weiblichen Herdbuchziegen. Sie ist die drittstärkste Milchziegenrasse in Deutschland und eignet sich ebenfalls zur Landschaftspflege. In Thüringen werden gegenwärtig 383 weibliche Tiere von 30 Herdbuchzüchtern gehalten. Spezialitäten aus Ziegenmilch sind als gesunde und regionale Lebensmittel sehr begehrt.

Erst die Verbindung von Zucht und Wirtschaftlichkeit garantieren die Konsolidierung einer Rasse. Sie hat nicht nur eine bundesweite Ausbreitung erfahren, Zuchttiere dieser Rasse wurden auch aus dem Ausland (Österreich, Baltikum) nachgefragt.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm basiert auf den bundesweit einheitlichen Rasse- und Zuchtzielbeschreibungen des Bundesverbands der Deutschen Ziegenzüchter e.V. (BDZ). Es umfasst alle Maßnahmen, die der Erhaltungszucht der Ziegenrassen dienen und die zur Erreichung der Zuchtziele der jeweiligen Rasse geeignet sind. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen und die Beurteilung der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich. Am Zuchtprogramm nehmen nur Tiere der Hauptabteilung des Zuchtbuches teil.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben. Bei Milchziegenrassen werden die Leistungsmerkmale für die Zuchtwertteile Milchleistung und Zuchtleistung an weiblichen Tieren in Feldleistungsprüfungen ermittelt.

2.1.1 Milchleistungsprüfung

Die Milchleistungsprüfung wird nach Anlage 1 der Verordnung über die Leistungsprüfungen und die Zuchtwertfeststellung bei Schafen und Ziegen vom 16. Mai 1991 (BGBl. I S. 1126) sowie gemäß einer vom Internationalen Komitee für Leistungsprüfungen in der Tierproduktion (ICAR) festgelegten Methode durchgeführt.

Bei der Durchführung der MLP werden die A-Methode (amtliche Kontrolle) sowie die B-Methode (Besitzerkontrolle) anerkannt. Bei der A-Methode wird in ca. 30-tägigem Rhythmus bei jeder Melkung (in der Regel abends und morgens) von einem Mitarbeiter der MLP-Organisation (häufig eines örtlichen Landeskontrollverbandes) eine repräsentative Milchprobe entnommen und die Menge sowie die Inhaltsstoffe bestimmt. Bei der B-Methode wird die oben genannte Methode durch den Tierbesitzer bzw. dessen Beauftragten durchgeführt.

Am Prüftag werden mindestens die Milchmenge festgestellt und daraus der Fettgehalt und der Eiweißgehalt ermittelt (Einzelprüfung). Die Milchmenge ergibt sich aus allen Gemelken des Prüftages. Für die Ermittlung des Fettgehaltes und des Eiweißgehaltes wird eine für mindestens zwei Untersuchungen ausreichende Milchprobe entnommen und die bei jeder Melkzeit ermittelte Milchmenge berücksichtigt. Aus der Milchmenge, dem Fettgehalt und dem Eiweißgehalt werden die Fettmenge und die Eiweißmenge berechnet. Die in der Einzelprüfung festgestellte Milchmenge, Fettmenge und Eiweißmenge wird mit der Anzahl der Melktage des Prüfzeitraums multipliziert. Der Lammtag gilt nicht als Melktag.

Gemäß der oben genannten Verordnung müssen bei Ziegen in einer Laktation mindestens acht Einzelprüfungen durchgeführt werden.

Die Darstellung der Ergebnisse der Milchleistungsprüfung erfolgt bei Ziegen in einer 240-Tage-Leistung; sie ist die Leistung vom Tage nach dem Lammen bis zum Ende des Prüfzeitraums dieser Laktation, längstens jedoch bis zum Ablauf des 240. Laktationstags. Angegeben werden die Ordnungszahl der Laktation und die Anzahl der Laktationstage. Die Milchleistung wird zumeist unter Angabe der folgenden Werte dargestellt: die Milchmenge, der Fettgehalt (in Prozent) und die Fettmenge (in kg) sowie der Eiweißgehalt (in Prozent) und die Eiweißmenge (in kg).

Zusätzlich können angegeben werden:

- Jahresleistung; sie ist die Leistung in einem Prüfungsjahr.
- die mittlere Jahresleistung; sie wird berechnet, indem die Leistung in der Zeit vom Tage nach dem ersten Lammen bis zum Ende des letzten abgeschlossenen Prüfungsjahres, bei abgegangenen Tieren bis zu ihrem Abgang, durch die Anzahl der Tage dieses Zeitraumes dividiert und das Ergebnis mit 365 multipliziert wird; Voraussetzung für die Berechnung ist, dass mindestens zwei Laktationen abgeschlossen sind und der Zeitraum vom ersten Lammen an mindestens 730 Tage beträgt;
- die Lebensleistung; sie ist die Leistung vom Tage nach dem ersten Lammen bis zum Ende des letzten abgeschlossenen Prüfungsjahres, bei abgegangen Tieren bis zum Abgang;
- die Bestandsdurchschnittsleistung; sie wird berechnet, indem die Milchmenge, Fettmenge und Eiweißmenge eines Bestandes im Prüfungsjahr durch die Summe der Futtertage des Bestandes dividiert und die Ergebnisse mit 365, in einem Schaltjahr mit 366 multipliziert werden.

2.1.2 Zuchtleistungsprüfung

Für die Ermittlung des Zuchtwertteils Zuchtleistung werden bei Ziegen die Anzahl der lebend geborenen Lämmer, bezogen auf das Zuchtjahr und das Zuchttier ermittelt. Hierfür werden die Meldungen der Züchter mittels der Ablammlisten eines Jahres erfasst und vom jeweiligen Zuchtverband ausgewiesen.

2.1.3 Beurteilung der äußeren Erscheinung

Die Bewertung der äußeren Erscheinung erfolgt anhand der Rasse- und Zuchtzielbeschreibungen des BDZ. Diese Bewertung der Zuchttiere erfolgt auf dem Ziegenbetrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten. Auch anlässlich von Verkaufsveranstaltungen oder

Schauen werden die Merkmale von Bewertungskommissionen erhoben. Die Beurteilung erfolgt bei Milchziegenrassen zumeist in den Kategorien: Rahmen, Form und Euter bzw. äußerer Erscheinung. Das Ergebnis der Bewertung wird für jedes Merkmal in einer Note ausgedrückt (beste Bewertung= 9, schlechteste= 1, nicht bewertet= 0). Die erste Bewertung der äußeren Erscheinung findet zumeist zur Eintragung des Tieres in das Zuchtbuch statt. Böcke werden zumeist anhand der Benotung zusätzlich in Zuchtwertklassen eingeteilt. Die beste Bewertung erfolgt in der Zuchtwertklasse I.

2.1.4 Kriterien für die Eintragung in das Zuchtbuch

Jede in Deutschland anerkannte Zuchtorganisation, die die Zucht der Weißen und Bunten Deutschen Edelziege sowie der Thüringer Waldziege betreut, hat ein eigenes Zuchtprogramm. Obwohl die gesetzlichen Vorgaben identisch sind und das Zuchtprogramm auf den Vorgaben des BDZ basiert, weichen diese Zuchtprogramme hinsichtlich der Benotung der äußeren Erscheinung und der Eintragung in die Abteilungen des Zuchtbuchs geringfügig voneinander ab. Dennoch wird jedes Zuchttier eines Zuchtverbandes beim Verkauf von den anderen Verbänden entsprechend eingetragen.

Eine Kooperation von neun Ziegenzuchtverbänden arbeitet auf diesem Gebiet eng zusammen. Hierzu gehören die Zuchtverbände aus folgenden Regionen: Hessen, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, Rheinland, Rheinland-Pfalz, Sachsen-Anhalt, Schleswig-Holstein, Thüringen und Westfalen-Lippe. Unter anderem hat diese Kooperation Mindestanforderungen für die Körung von Böcken in den jeweiligen Verbänden festgelegt. Hiernach müssen Böcke am Tag der Körung mindestens fünf Monate alt sein. Ferner muss bei den Milchziegenrassen die Bockmutter bei der 240-Tage-Milchleistung bei den Weißen und Bunten Deutschen Edelziegen mindestens 45 kg Fett und Eiweiß erreicht worden sein. Bei Thüringer Wald Ziegen ist eine Leistung von insgesamt 40 kg Fett und Eiweiß vorgeschrieben. Des Weiteren ist Voraussetzung, dass die Bockmutter mindestens mit einer Note 6 im Euter bewertet wurde.

Bundesweite oder überregionale Schauen und Veranstaltungen von Zuchtziegen, sowie bundesweite statistische Auswertungen, die in den vergangenen Jahren durchgeführt wurden, sind eine gute Basis für den Vergleich der Zuchttiere und ihrer Leistungen über die Grenzen der einzelnen Verbände hinaus und geben einen guten Eindruck über den Leistungsstand der jeweiligen Rasse.

2.2 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der äußeren Erscheinungsmerkmale anlässlich von Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Dieses wird von den Zuchtverbänden i. d. R. auf den Betrieben oder auch auf Veranstaltungen überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Rahmen, Form, Euter vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders

gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung über alle Verbände zu erstellen. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

2.3 Zuchtwertschätzung

Ein vom Bundesverband (BDZ) zu verabschiedendes Zuchtwertschätzverfahren für Ziegen erlangt auch für den Landesverband unmittelbare Gültigkeit.

2.4 CAE-Sanierungsprogramm

In der Ziegenzucht wird von den Zuchtverbänden in Zusammenarbeit mit Tiergesundheitsorganisationen ein freiwilliges Sanierungsprogrammes von Ziegenbeständen gegen CAE angeboten.

Die CAE ist eine virusbedingte, langsam fortschreitende Infektionskrankheit der Ziegen. die durch Gelenksentzündungen (Arthritis) bei erwachsenen Tieren, Gehirnentzündungen (Encephalitis) bei Jungtieren, chronische Euter- und Lungenentzündungen sowie chronische Abmagerung auffällt. Infizierte Tiere bleiben lebenslang Virusträger und ausscheider, eine Heilung ist nicht möglich.

Der Erreger ist ein Lentivirus aus der Familie der Retroviridae. Es besteht eine nahe Verwandtschaft zur Maedi/Visna-Erkrankung der Schafe. Die Übertragung des CAE-Virus erfolgt über Kolostrum/ Milch auf die Lämmer sowie durch virushaltige Körpersekrete (Sperma, Nasensekret, Blut) und die Atemluft auf andere Ziegen. Eine wichtige Infektionsquelle sind oft infizierte, aber nicht klinisch erkrankte Tiere.

Ökonomische Schäden entstehen durch verringerte Milchproduktion, chronische Abmagerung, schlechte Reproduktionsergebnisse (verminderte Fruchtbarkeit und Lämmeraufzucht), und Handelsbeschränkungen. Das Ziel einer Herdensanierung ist die Schaffung CAE-unverdächtiger Beständeünd deren Erhaltung. Auf diese Weise sollen durch CAE hervorgerufene ökonomische Schäden gemindert und die Verbreitung des Erregers vermieden werden. Für CAE-unverdächtige Zuchttiere werden spezielle Veranstaltungen wie Auktionen und Schauen durchgeführt.

3 Rassebeschreibung

Die Thüringer Wald Ziege ist eine mittelrahmige Milchziege. Es treten sowohl gehörnte als auch hornlose Tiere auf. Das Haarkleid ist kurz und glatt anliegend. Die Farbe erstreckt

sich von hell- bis dunkelschokoladenbraun. Vereinzelt treten auch schwarze Tiere auf. Ein Aalstrich ist nicht vorhanden. Die typische Kennzeichnung kommt zum Ausdruck durch die ausgeprägte Gesichtsmaske mit den von der Überaugengegend bis zur Oberlippe reichenden weißen Streifen. Das Maul und die Ohren sind weiß gesäumt, Spiegel und Unterbeine weiß.

Tabelle 1: Maße und Gewichte

	Ziege	Bock
Gewicht (kg)	40-70	70-100
Widerristhöhe (cm)	65-75	88-90

Leistungen

700 – 1000 kg Milch mit durchschnittlich 3,5 % Fett und über 3,00 % Eiweiß / 240-Tage Laktation Erste Ablammung bis zum Alter von 15 Monaten, eine Ablammung pro Jahr, 1,8 bis 2, geborene Lämmer pro Ablammung, saisonale Brunst.

3.1 Zuchtziel

Ziel ist der Erhalt, der in ihrem Bestand gefährdeten Rasse. Gefordert wird eine fruchtbare, widerstandsfähige und langlebige Ziege mit hoher Wirtschaftlichkeit. Der Rücken sollte möglichst straff sein, mit breit angelegtem, nicht zu stark abfallendem Becken. Das Fundament soll trocken und nicht zu fein, die Beinstellung korrekt sein. Ein Das Euter sollte gleichmäßig, geräumig, drüsenreich und fest angesetzt sein, das weit nach vorn reicht. Die mittellangen, gleichförmigen und klar abgesetzten Striche sollten sich gut zum Hand- und Maschinenmelken eignen. In der Fortführung der Rasse ist auf Reinrassigkeit zu achten, Einkreuzungen sind zu vermeiden.

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe

- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Thüringer Wald Ziege:

Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.
Am Haingraben 16
35305 Grünberg
Tel.: 06401-5261
Email: info@ziegenzucht.de
www.ziegenzucht.de

Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.
Angerstr. 6
06118 Halle
Tel.: 0345/5214941
Email: roesler@lkv-st.de

Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.
Haydnstr. 11
80336 München
Tel.: 089/537856
Email: geschaeftsstelle@ziegenzucht-bayern.de
www.ziegenzucht-bayern.de

Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.
Dillinger Str. 67
66822 Lebach
Tel.: 06881/928-201
Email: anton.schmitt@lwk-saarland.de

Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.
Nevinghoff 40
48147 Münster
Tel.: 0251/2376-864
Email: kontakt@Landesziegenzuchtverband-westfalen.de
www.landesziegenzuchtverband-westfalen.de/

Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.
Peter-Klöckner-Str. 3
56073 Koblenz
Tel.: 0261 / 91593-231
Email: rainer.wulff@lwk-rlp.de
www.ziegenzucht-rlp.de

Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.
Mars-la-Tour-Str. 6
26121 Oldenburg
Tel.: 0441-801639
Email:

Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.
Halfenslennefe 1
51491 Overath
Tel.: 02204-72425
Email: info@ziegenzucht-rheinland.de
www.ziegenzucht-rheinland.de/

Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431/332608
Email: info@schafzucht-kiel.de
www.schafzucht-kiel.de

Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.
Am Johannishof 3
99085 Erfurt
Tel.: 0361/74980713
Email: lv@thueringer-ziegen.de
www.thueringer-ziegen.de

Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.
Ostende 5
04288 Leipzig
Tel.: 034297/919651
Email: sszv leipzig@sszv.de
www.sszv.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann-Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 07 11-1 66 55 02
Email: zzv@ziegen-bw.de
www.ziegen-bw.de

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Der LTZ ist der Ursprungsverband der Thüringer Wald Ziege und stellt folglich ca. 30% der Elterntiere. Aber auch die Verbänden HZZV, LNZ und SSZV (Sachsen) haben einen starken Einfluss in der Zucht (siehe Tabelle 2).

Die Postleitzahlbezirke 0 und 9 weisen die höchsten Tierzahlen aus und sind dem Ursprungszuchtgebiet Thüringen zu zuordnen. Der Bezirk 8 ist vornehmlich dem Verband LBZ zuzuordnen. Da dieser Verband mit dem ZZBW ein eigenständiges Herdbuchsystem entwickelt, erscheint hier die Erkennung von zuchtaktiven Tieren zur Zeit nur eingeschränkt möglich. (siehe Tabelle 3 und Abbildung 1)

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
Berlin-Brandenburg	10	21
LBZ	38	56
LTZ	31	383
LZRP	8	81
LSZV MV	1	4
HZZV	17	201
Saarland	0	5
SSZV (Sachsen)	22	145
ZZV BW	19	43
LNZ	14	152
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	2	7
LRZ	3	12
LSHZ	1	5
LZWL	3	29
Gesamt(Alle Verbände)	169	1144

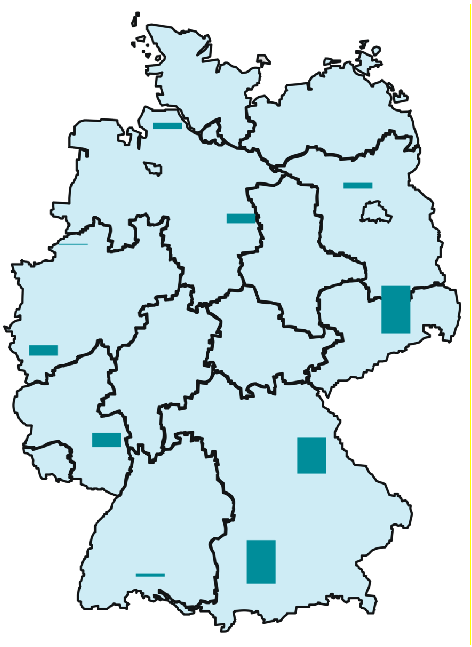
[a]für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
303	0
59	1
44	2
68	3
6	4
58	5
109	6
28	7
295	8
276	9

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



6.2 Herdenstruktur

Die Verbände mit jeweils über 10 Zuchtherden sind LTZ, Berlin-Brandenburg, LNZ und Sachsen. Für LBZ und ZZ BW erscheinen aus oben genannten Gründen die Herdenzahlen überschätzt (vergl. Tabelle 4 und 5).

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	Saarland
2	LSV Sachsen-Anhalt e.V.
3	HZZV
3	LSHZ
8	LZRP
12	LNZ
15	LBZ
16	Berlin-Brandenburg
19	LTZ
21	SSZV (Sachsen)
22	ZZV BW
122	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
28	0
8	1
8	2
12	3
3	4
7	5
10	6
4	7
16	8
21	9
117	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 6 verdeutlicht, dass die Zucht vielfach in kleinen Beständen mit bis zu 20 Tieren betrieben wird.

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
69	1 bis 9
34	10 bis 19
9	20 bis 29
4	30 bis 39
3	40 bis 49
2	50 bis 59
1	80 bis 89

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

Für die Verbände mit einer Herdbuchführung in serv.it OVICAP konnten Kennzahlen der Zucht ermittelt werden. Insbesondere für LBZ und ZZBW mit einem in der Entwicklung befindlichen neuen Systems können zur Zeit keine Zahlen vorgelegt werden. Tabelle 7 zeigt, dass sich die Zucht der Thüringer Wald Ziege kontinierlich vergrössert hat.

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	242	296	8	38	63
2001	308	361	12	28	90
2002	315	422	8	41	92
2003	358	533	10	41	77
2004	419	597	21	52	115
2005	475	681	24	52	133
2006	567	716	16	65	132
2007	642	942	13	72	199
2008	706	926	28	72	215
2009	719	894	19	35	163
2010	800	1132	26	49	234
2011	746	1414	23	48	189
2012	535	990	41	30	193

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 8 stellt die Entwicklung der Tierzahlen in der Milchleistungsprüfung nach Geburtsjahr in den Verbänden mit dem gemeinsamen Herdbuchprogramm serv.it OVICAP dar. Nach einer erfreulichen Zunahme der Prüfungsdichte ist leider bei den jüngeren Jahrgänge ein Rückgang zu verzeichnen.

Tabelle 8: Anzahl Tiere mit Milchleistungsprüfungen nach Geburtsjahr

Jahr[a]	Anzahl
2000	63
2001	69
2002	87
2003	91
2004	123
2005	142
2006	148
2007	163
2008	105
2009	92
2010	83

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 9 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Ge-

schlecht aufgelistet. In Tabelle 10 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die Anzahl geborener und registrierter Tiere der Rasse „Thüringer Waldziege“ nimmt kontinuierlich zu auf über 1.000 Jungtiere pro Jahr in 2010. In 2011 sind auch erstmals alle männlichen Jungtiere erfasst worden, dies scheint in den Jahren lt. Tabelle 9 nicht der Fall zu sein. Laut Tabelle 10 ist die Rasse in nahezu allen Bundesländern vertreten mit Schwerpunkten in Thüringen und Hessen.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 11 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 11 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Aus Tabelle 11 ist ersichtlich, dass von 215 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Ziegenböcken noch 115 und von 1.054 in diesen Jahren registrierten Ziegen noch 820 leben. 115 noch lebende Ziegenböcke und 820 noch lebende Ziegen, geboren 2005 – 2010, bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring der Thüringer Waldziege.

Tabelle 9: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	14	42
1991	18	41
1992	19	43
1993	25	72
1994	61	107
1995	98	164
1996	118	169
1997	180	172
1998	151	200
1999	126	212
2000	157	243
2001	155	291
2002	196	319
2003	257	334
2004	290	418
2005	332	490
2006	334	513
2007	421	626
2008	397	633
2009	313	665
2010	452	688
2011	713	676

Tabelle 10: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	24
znLSV Niedersachsen	988
zLV Thür. Schafzüchter e.V.	1.238
HZZV	1.100
LBZ	255
LSHZ	108
zzLSV Baden-Württemberg e.V.	157
LRZ	140
LZWL	216
LZRP	319
LSZV MV	44
SSZV (Sachsen)	947
Berlin-Brandenburg	108

Tabelle 11: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	332	490	38	156	11	88
2006	334	513	49	174	21	110
2007	421	626	41	188	23	135
2008	397	633	40	211	19	177
2009	313	665	23	177	20	163
2010	452	688	24	148	21	147
Gesamt	2.249	3.615	215	1.054	115	820

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 12 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 13 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 12 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 13 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 14 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 14 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 83 von 115 Ziegenböcken (=72%) und 660 von 820 Ziegen (=80%) die erforderliche Mindest-Pedigreevollständigkeit. Dieser Anteil an Tieren mit minimal ausreichenden Abstammungsinformationen für das Monitoring ist auf der Vaterseite und Mutterseite als suboptimal zu bewerten. Die verbleibende Monitoring Population C der Thüringer Waldziege umfasst dann insgesamt 1.810 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Im Maximum sind bis zu 8 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert. Im Regelfall aber wesentlich weniger.

Tabelle 12: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	1	0.00	0	0.00
1984	0	0.00	2	0.00
1985	1	0.00	2	0.00
1986	0	0.00	1	0.00
1987	1	0.00	5	0.00
1988	1	0.00	4	0.00
1989	1	0.00	4	0.08
1990	2	0.00	9	0.00
1991	5	0.11	4	0.00
1992	7	0.04	9	0.00
1993	7	0.05	11	0.23
1994	10	0.17	19	0.11
1995	13	0.17	19	0.22
1996	3	0.31	19	0.28
1997	18	0.24	33	0.29
1998	9	0.40	30	0.37
1999	27	0.40	45	0.34
2000	27	0.52	51	0.44
2001	18	0.48	50	0.46
2002	22	0.61	66	0.58
2003	25	0.63	74	0.64
2004	25	0.72	96	0.68
2005	32	0.77	130	0.73
2006	39	0.81	127	0.83
2007	38	0.82	159	0.86
2008	29	0.90	152	0.91
2009	21	0.90	147	0.90
2010	21	0.94	139	0.95

Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (1810 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	83	0.90	660	0.91
2	119	0.78	348	0.69
3	92	0.54	201	0.47
4	59	0.34	103	0.34
5	29	0.26	57	0.22
6	18	0.07	22	0.15
7	3	0.00	13	0.11
8	0	0.00	3	0.00
Gesamt	403		1407	

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

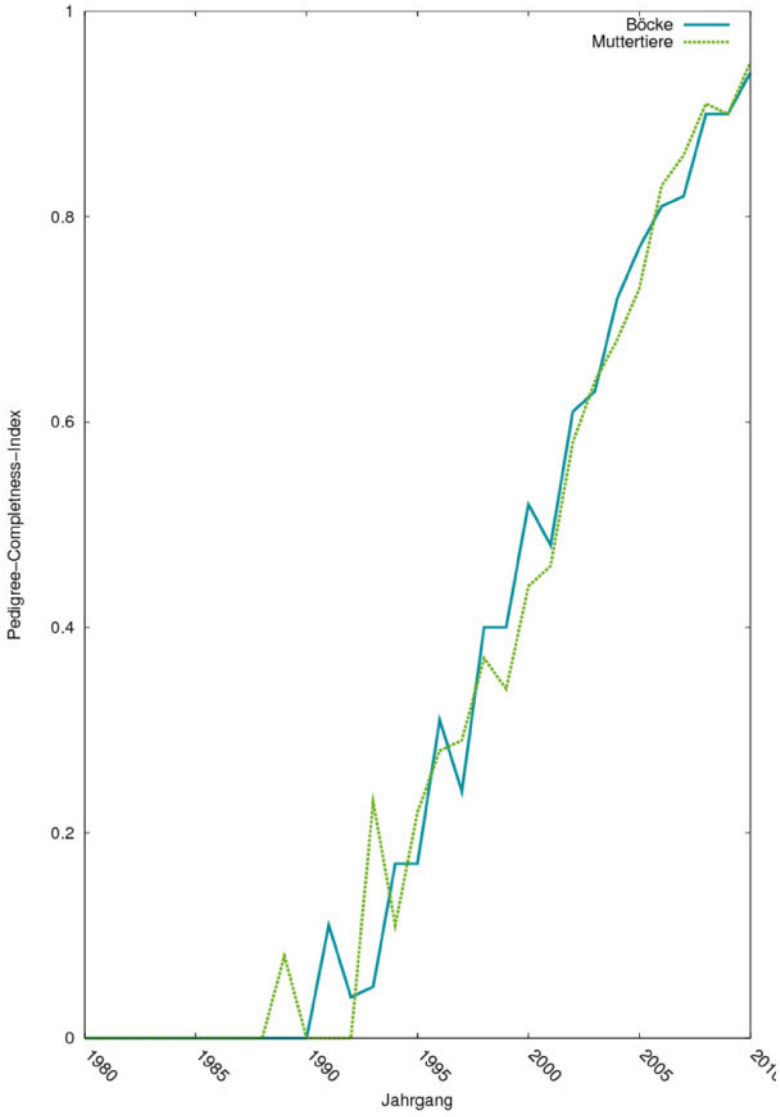


Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (743 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	4	0.83	58	0.86
2006	12	0.83	88	0.89
2007	14	0.91	105	0.90
2008	16	0.91	138	0.91
2009	16	0.91	132	0.91
2010	21	0.94	139	0.95
Gesamt	83		660	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 15 und die Muttertiere (Tabelle 16) ausgewiesen. Da keine fremdrassigen Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern der Thüringer Waldziege registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) kein Fremdgenanteil festzustellen.

Tabelle 15: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Thüringer Wald Ziege	sonstige	unbekannt
2005	4	0.38	100.00	0.00	0.00
2006	12	3.23	100.00	0.00	0.00
2007	14	4.66	100.00	0.00	0.00
2008	16	5.10	100.00	0.00	0.00
2009	16	2.98	100.00	0.00	0.00
2010	21	5.47	100.00	0.00	0.00
Ges.	83	4.21	100.00	0.00	0.00

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Thüringer Wald Ziege	sonstige	unbekannt
2005	58	5.14	100.00	0.00	0.00
2006	88	3.53	100.00	0.00	0.00
2007	105	2.79	100.00	0.00	0.00
2008	138	3.03	100.00	0.00	0.00
2009	132	3.86	100.00	0.00	0.00
2010	139	3.78	100.00	0.00	0.00
Ges.	660	3.57	100.00	0.00	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),

4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 17 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Abgeleitet aus dem Alter der Eltern der Monitoring-Ausgangspopulation C ist auf der Vaterseite ein um 1,2 Jahre geringeres Generationsintervall zu beobachten als auf der Mutterseite. Die Eltern der Böcke sind aufgrund des hohen Alters ihrer Mütter älter als die Eltern der Muttertiere. Insgesamt liegt das mittlere Generationsintervall bei 3,31 Jahren. Es liegt damit über dem Mittel in allen analysierten Ziegenrassen (Mittel ca. 2,88 Jahre).

Tabelle 17: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	83	2.93
Mutter auf Vater	83	4.10
Vater auf Mutter	660	2.94
Mutter auf Mutter	660	3.28

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.31 Jahre

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs (ΔF)** kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $>$ 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $>$ 0,70 der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen, vor allem auf der Vaterseite, bei vielen Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann bei den Thüringer Waldziegen auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden. Daher resultiert ein weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von N_e = 302. Aufgrund der unzulänglichen Daten scheint die beschriebene Methodik bei dieser Rasse nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation

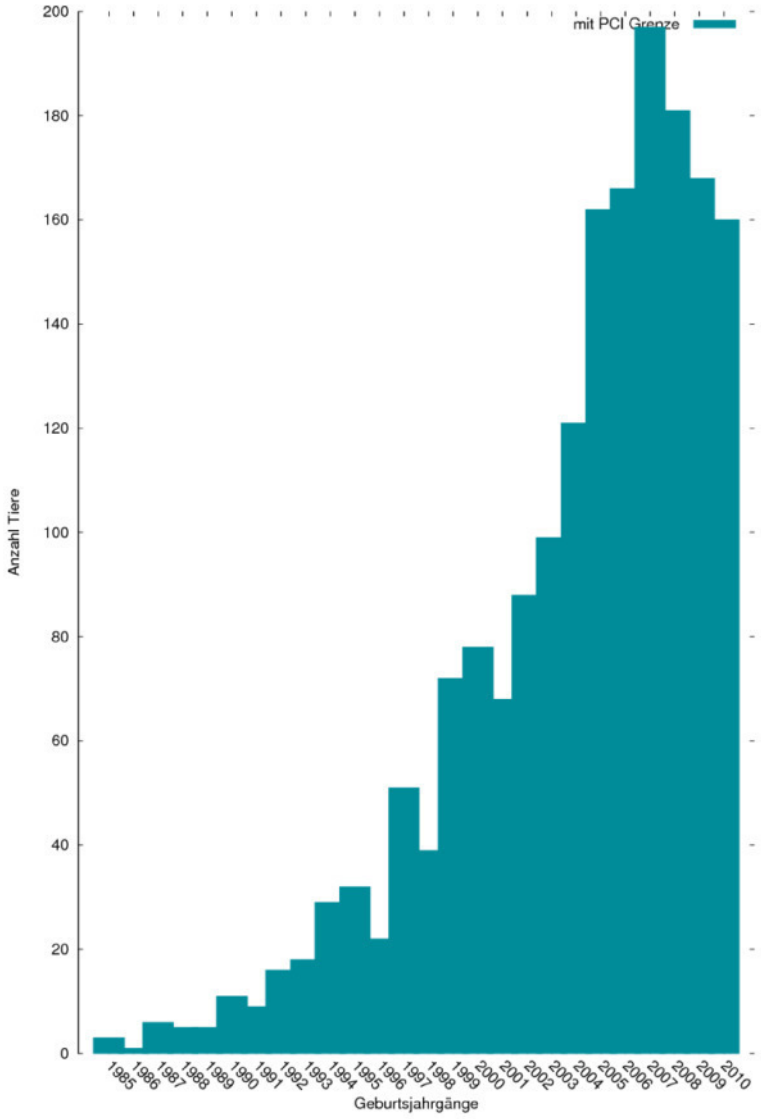
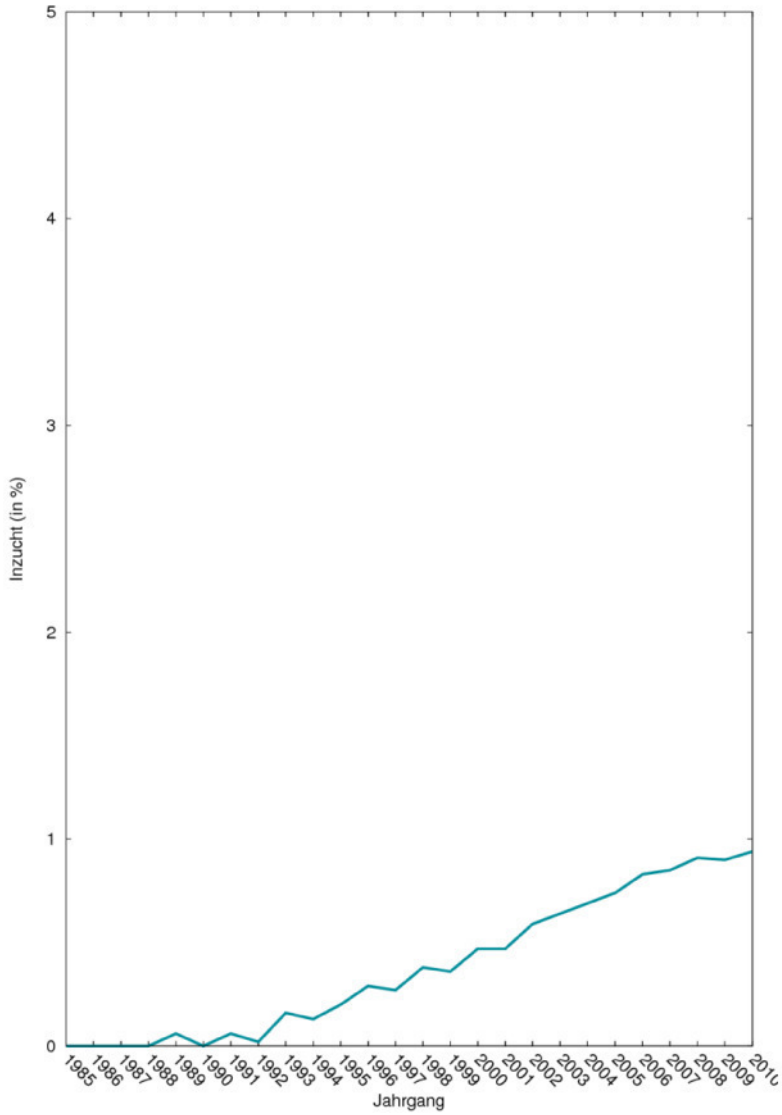


Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Thüringer Wald Ziege)



Mittl. Generationsintervall : 3.31 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 301.94

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 18 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 19 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 41, berechnet aus 102 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 18, weist aber auf eine wesentlich engere Blutführung und eingeschränktere genetische Variabilität hin als der Wert der effektiven Populationsgröße. Lt. Tabelle 19 haben 12 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation, 2 weibliche Founder einen Genanteil von $>$ 6%.

Tabelle 18: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	102	98	76
Anzahl effektive Foundertiere	41		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 20 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, f_a = 32, weist noch deutlicher auf die Überschätzung von Ne hin. Es sind 11 dominante Ahnen (>2% Genanteil), in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 20). Ein Bottle Neck Effekt dürfte vor allem durch einen Ziegenbock aus dem Jahr 1995 verursacht sein, der allein einen Genanteil von über 10% in der aktiven Zuchtpopulation aufweist. Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen damit auf eine stark eingeschränkte genetische Variabilität in der Rasse hin.

Tabelle 19: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
47521-7	22.03.1987	weiblich	8.32
45523-7	10.02.1985	weiblich	6.69
T2755-7	06.02.1992	männlich	3.80
44516-7	14.02.1984	weiblich	3.30
T2773/3-7	14.02.1992	männlich	2.98
F4026/3-7	14.01.1990	weiblich	2.97
47512/2-7	22.02.1987	weiblich	2.89
49886-7	25.03.1989	weiblich	2.74
T1758-7	20.01.1991	weiblich	2.24
T2754/3-7	06.02.1992	männlich	2.15
F4915/2-7	23.02.1989	männlich	2.14
94038-7	13.03.1994	weiblich	2.02
5069-7	23.03.1995	weiblich	1.99
T1753-7	18.01.1991	männlich	1.86
T3779/2-7	31.03.1993	weiblich	1.80
T3770-7	23.02.1993	männlich	1.76
6073-7	07.06.1995	weiblich	1.74
T2771-7	23.03.1992	weiblich	1.62
THTW000047588	01.01.1987	weiblich	1.56
06009	13.01.1995	männlich	1.44

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
40853-7	01.01.1980	männlich	1.38
SN8349-95002	14.01.1995	männlich	1.32
T1952-7	01.01.1993	männlich	1.25
3003-7	27.01.1993	weiblich	1.15
SNTW049030462	21.09.1990	männlich	1.09
48532/2-7	01.02.1988	männlich	1.05
SN8349-95001	23.01.1995	weiblich	1.03
49020-7	06.06.1990	weiblich	1.03
5060-7	01.01.1994	weiblich	1.03
T3762/3-7	08.01.1993	männlich	1.02
D11501	03.04.2000	männlich	0.99
49503-7	16.02.1989	weiblich	0.99
T2774/4-7	27.03.1992	weiblich	0.99
THTW003001767	22.01.1991	weiblich	0.99
7066	09.04.1997	weiblich	0.87
F4032/3-7	14.01.1990	männlich	0.77
94001	01.01.1994	männlich	0.72
9852/001	24.04.1998	männlich	0.70
D7075	10.04.2001	weiblich	0.69
TH1229907	19.05.1999	weiblich	0.65
F4025/3-7	13.01.1990	weiblich	0.64
BBTW001610159	01.02.2001	männlich	0.62
THTW001004028	09.01.1990	weiblich	0.58
4005-7	31.01.1994	männlich	0.51
D1205	10.04.2001	männlich	0.51
069904181	26.12.1999	männlich	0.50

Anzahl effektiver Ahnen : 32

Tabelle 20: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
5011-7	12.03.1995	männlich	10.2
6001-7	15.03.1995	männlich	6.7
5050-7	23.02.1995	weiblich	6.4
45523-7	10.02.1985	weiblich	4.1
SNTW057099941	15.02.1999	männlich	3.6
TH1220001	31.03.2000	männlich	3.5
7017-7	01.01.1997	männlich	3.0
44516-7	14.02.1984	weiblich	2.9
TH12299	08.05.1999	männlich	2.9
4007-7	13.02.1994	männlich	2.8
TH0610252	27.12.2001	männlich	2.1

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft

der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 21 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (1,47%) der 115 noch lebenden Vatertiere zu den 820 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation (Ausgangselternpopulation B) zeigen den Trend zur Blutlinienverengung nicht so deutlich auf

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 1.47 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 115
Anzahl verfügbare Mütter: 820

Tabelle 21: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE011620002066	3.13	4.30	51.56	599	25
DE010610039492	0.00	4.15	51.22	689	38
DE011620003560	0.00	4.10	50.39	626	41
DE010610039426	0.00	3.58	50.78	626	36
DE010610045115	14.45	3.32	61.99	521	18
DE011620000230	0.00	3.29	53.13	668	20
DE011600205371	28.52	3.26	43.36	636	17
DE011600405083	0.05	3.11	51.03	693	34
DE011300025228	0.00	3.00	50.15	673	3
0927806666029	0.00	2.88	25.78	599	2
DE011620008673	0.15	2.87	50.15	712	1
DE011600405146	0.00	2.83	50.00	711	4
DE011600417515	1.17	2.82	28.61	692	10
SNTW103056883	0.00	2.78	51.95	686	15
DE010800012348	1.56	2.77	50.81	629	11
DE011620007532	0.49	2.74	50.49	710	7
DE011620007531	0.49	2.74	50.49	710	7
DE011620003577	0.00	2.63	50.98	638	26
DE011600405086	0.00	2.59	50.00	606	24
DE011600405157	0.00	2.58	50.00	661	17
DE011400092555	4.39	2.57	61.15	619	11
DE011620003561	0.02	2.54	50.02	619	33
DE011400215115	0.10	2.52	52.05	693	9
DE010310283808	0.00	2.50	50.00	589	21
DE010800012335	0.00	2.49	50.00	526	3
DE010610149002	0.98	2.37	50.98	537	3
DE011400070275	0.00	2.32	52.54	515	12

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
D1389	0.20	2.30	50.34	538	12
DE011620003024	0.00	2.24	31.64	649	15
0550506	0.00	2.23	50.00	640	4

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist suboptimal und damit für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) nur bedingt geeignet. Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt.
- Die entsprechenden Kriterien, abgeleitet aus den Schätzwerten für die effektiven Gründertiere (Founder) bzw. effektiven Ahnen, zeigen besser die Realität. Danach ist die genetische Varianz in der Rasse bereits stark eingeschränkt.
- Nach diesen Zahlen wären aktuell züchterischen Maßnahmen nötig, um die genetische Variabilität in der Rasse gezielt zu erhalten bzw. den weiteren Inzuchtanstieg zu minimieren.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- WALDSCHAF -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

Service & Daten aus einer Quelle

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **5**

2.1 Leistungsprüfungen 6

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 6

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 9

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 9

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 9

2.3 Zuchtwertschätzung 10

2.4 Selektion 10

3 Rassebeschreibung **11**

3.1 Zuchtziel 11

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **11**

5 Rassedachverbände oder Vereine **13**

6 Informationen aus dem Herdbuch **13**

6.1 Verteilung auf Verbände 14

6.2 Herdenstruktur 15

6.3 Kennzahlen der Zucht 16

7 Populationsanalyse **19**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 19

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 21

7.3 Genanteile 25

7.4 Mittleres Generationsintervall 26

7.5 Inzucht und effektiv 27

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 31

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 33

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 34

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 15

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 24
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 29
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Waldschaf) 30

Tabellenverzeichnis

1 Leistungsspektrum 11
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände 14
3 Verteilung der Tiere auf Regionen 14
4 Anzahl Herden in den Verbänden 15
5 Verteilung der Herden auf Regionen 16
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 16
7 Entwicklung der Zucht 17
8 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 18
9 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 20
10 Verteilung auf Verbände 20
11 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 21
12 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 23
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (1336 Tiere) 23
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (507 Tiere) 25
15 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 26
16 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 26
17 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 27
18 Kennzahlen zu Foundertieren 31
19 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 32
20 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 33
21 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 34

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(Christian Mendel, 2012)

Das Waldschaf ist der direkte Nachfolger des bayerischen Zaupelschafes. Das Zaupelschaf wird in der Fachliteratur des 19. Jahrhunderts als die dominierende Rasse des südlichen Deutschlands und des gesamten Alpenraumes bezeichnet. Sie wird als die gewöhnlichste aller Rassen bezeichnet, die aufgrund ihrer groben, filzigen Mischwolle verschmäht wird. Diese alte und einst weit verbreitete Rasse ist eine robuste, extensive Landrasse mit sehr ruhigem Charakter, die aber mit den Hochleistungsrassen nicht konkurrieren kann und darf. Seine Stärke liegt in der Genügsamkeit einerseits und in der hohen Fruchtbarkeit und Asaisonalität andererseits.

Ursprünglich wurde diese Rasse als im Bayerischen Wald als „Waldschaf“ bezeichnet. Der Bayerische Wald, der Böhmerwald und das Mühlviertel in Oberösterreich stellen auch heute noch ein geschlossenes Zuchtgebiet des Waldschafes dar. Ein weiteres Vorkommen eines Abkömmlings des ursprünglichen Zaupelschafs existiert in Südungarn (Ciktaschaf). Die überwiegend mischwolligen Tiere sind weiß, es kommen auch braune und schwarze Waldschafe vor. Das Vlies muss einfarbig sein.

Innerhalb der Population des bayerischen Waldschafes lassen sich zwei Untertypen unterscheiden, ein größerer, mehr schlichtwolliger Typ sowie ein kleinerer mischwolliger Typ. Die genetische Streubreite dieser züchterisch nie bearbeiteten Rasse ist sehr groß. Das Zuchtziel liegt in der Erhaltung einer ursprünglich robusten Landrasse, die auch in Grenzertragsregionen und in der Landschaftspflege bestens eingesetzt werden kann.

1987 wurde diese Rasse in Bayern auf Antrag von Dr. Reiner Seibold züchterisch anerkannt. Reiner Seibold hatte in zahllosen Reisen in den Bayerischen Wald die letzten Restbestände aufgespürt. Vor allem auf dem Betrieb Josef Siegl, Unterbrettersbach bei Viechtach, fand er noch die traditionelle bäuerliche Waldschafhaltung. Seit drei Generationen war dort kein Fremdblut eingesetzt worden. Die Zucht begann mit 8 Bocklinien, von sechs Böcken konnten Anfang der 90-er Jahre eine staatliche Samenbank angelegt werden. 1990 hatten zwei Zuchtbetriebe 36 Zuchttiere, im Jahr 2000 gab es bereits 30 Zuchtbetriebe mit 722 Herdbuchschafen.

1990 wurde in Bayern eine „Arbeitsgemeinschaft zur Erhaltung von Wald- und Steinschaf“ gegründet, die eine intensivere Zusammenarbeit der Züchter ermöglicht. Am 13.10.1991 fand in Massing die erste Waldschafprämierung statt. Aus dem ursprünglich gemeinsamen Arbeitskreis entwickelte sich Ende der 90er Jahre die „Arbeitsgemeinschaft der Bayerischen Waldschafzüchter“.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten

Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende

- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht
- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt.

Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssystem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Muster-

zuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Das Waldschaf, das vom Zaupelschaf abstammt, ist klein bis mittelgroß. Das Kopfprofil ist gerade und das Nasenbein ist leicht gebogen. Ein großer Anteil der Böcke ist gehörnt. Weibliche Tiere tragen gelegentlich Hörner. Das einfarbige Vlies ist mischwollig von meist weißer, aber auch brauner oder schwarzer Farbe. Die Brunst ist asaisonal, eine zweimalige Lammung je Jahr ist möglich. Die Erstzulassung ist ab 8 Monaten möglich.

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Schlachtlämmern im Bereich von 180-230 g, das handelsübliche Lebendgewicht bei rund 35 kg.

Tabelle 1: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	60-70	3,5		65-70	
Jährlinge	50-55	3,0			
Lammböcke					
Mutterschaf	40-55	3,0	160-180	60-65	
Zuchtlämmer					

3.1 Zuchtziel

Züchtung eines robusten, wetterharten Schafes.

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die

wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Waldschaf:

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.
Haydnstraße 11
80336 München
Tel.: 089 / 53 62 27
Email: bhg-schafzucht@t-online.de
www.bhg-schafzucht.de

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
Kölnische Str. 48 - 50
34117 Kassel
Tel.: 0561/16984
Email:
www.schafe-hessen.de

Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 0711/16655-40
Email: Wohlfarth@schaf-bw.de
www.schaf-bw.de

Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.
Peter-Klöckner Str. 3
56073 Koblenz
Tel.: 0261/91593231
Email: rainer.wulff@lwk-rlp.de

Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.
Ostende 5
04288 Leipzig
Tel.: 034297/919651
Email: sszv leipzig@sszv.de
www.sszv.de

Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.
Bleichstr. 41
33102 Paderborn
Tel.: 05251-32561
Email: schafzuchtverband@lwk.nrw.de
www.schafzucht-nrw.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante

Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

In 6 der deutschen Zuchtverbände können Elterntiere des Waldsschafes gefunden werden, wobei die BHG als Ursprungsverband den Grossteil der Eltern stellt (siehe Tabelle 2).

Bei der regionalen Verteilung wird deutlich, dass sich neben Bayern ein weiteres Zentrum der Waldschafzucht im Postleitzahlbezirk 3, vornehmlich in Hessen gebildet hat (siehe Tabelle 3 und Abbildung 1).

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
SSZV (Sachsen)	1	9
LSV Baden-Württemberg e.V.	5	31
SZV NRW e.V.	2	20
Hessen	3	35
BHG	50	922
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	1	30
Gesamt(Alle Verbände)	62	1047

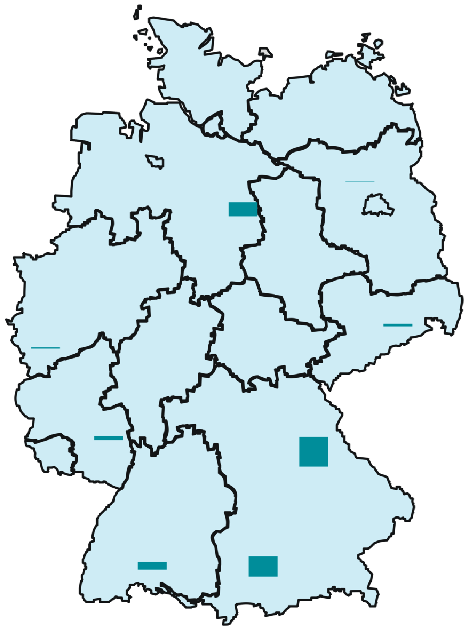
[a] für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
16	0
6	1
104	3
9	5
23	6
49	7
133	8
173	9

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



6.2 Herdenstruktur

Aus den Tabellen 4 und 5 zeigt sich, dass die Zuchtherden des Waldschafs grösstenteils in der BHG und dort im alpinen Bereich des Postleitzahlbezirks 8 zu finden sind.

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	Berlin-Brandenburg
1	SSZV (Sachsen)
1	SZV NRW e.V.
2	Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz
3	LSV Baden-Württemberg e.V.
4	Hessen
22	BHG
34	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
1	0
1	1
4	3
1	5
2	6
3	7
13	8
9	9
34	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Die Zucht der Waldschafe wird grösstenteils in Herden bis zu 20 Tieren durchgeführt (vergl. Tabelle 6).

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
9	1 bis 9
18	10 bis 19
3	20 bis 29
2	40 bis 49
1	50 bis 59
1	70 bis 79

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

In Tabelle 7 zeigt sich anhand der Anzahl Ablammungen eine Wachstum der Zucht von 2000 bis 2007. In den Folgejahren fällt die Zucht wieder auf ihr ursprüngliches Niveau zurück. Die Remontierung gemessen an der Anzahl Herdbuchaufnahmens schwankt etwas .

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	640	910	145	10	92
2001	603	863	107	16	159
2002	885	1242	108	7	175
2003	781	1064	119	5	184
2004	927	1238	115	12	187
2005	947	1171	176	13	172
2006	907	1192	164	11	150
2007	1004	1339	173	14	195
2008	822	1099	173	12	210
2009	987	1258	186	9	188
2010	756	1032	170	7	141
2011	649	924	103	12	201
2012	337	489	26	5	76

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Im Rahmen des Programms zur TSE-Resistenzucht wurden Untersuchungen beim waldschaf durchgeführt. Eine Übersicht zu den Ergebnissen bei ausgwählten Genotypausprägungen ist in Tabelle 8 zu finden. Nach einer etwas intensiveren Phase ist die Zahl der Untersuchungen rückläufig. Ein Grund für den Rückgang ist sicherlich in der erfolgreichen Umsetzung des TSE-Resistenzuchtprogramms zu sehen (vergl. Abschnitt 2.2 auf Seite 9)

Tabelle 8: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	80	8.8	7	46.3	37	2.5	2	2.5	2	-	-	37.5	30
2001	56	7.1	4	35.7	20	-	-	1.8	1	-	-	51.8	29
2002	87	13.8	12	39.1	34	-	-	1.1	1	-	-	41.4	36
2003	71	11.3	8	36.6	26	-	-	1.4	1	-	-	46.5	33
2004	74	6.8	5	40.5	30	-	-	-	-	-	-	52.7	39
2005	21	19.0	4	47.6	10	-	-	-	-	-	-	33.3	7
2006	16	31.3	5	18.8	3	-	-	-	-	-	-	50.0	8
2007	32	21.9	7	43.8	14	-	-	-	-	-	-	34.4	11
2008	11	18.2	2	27.3	3	-	-	-	-	-	-	54.5	6

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 9 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 10 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990. Die Anzahl geborener und registrierter Tiere der Rasse „Waldschaf“ nimmt seit 1990 kontinuierlich bis 2002 zu und ist seither ziemlich konstant bei 1.100 bis 1.200 Lämmer pro Geburtsjahr. Aufgrund des Verhältnisses der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 9 ist davon auszugehen, dass nicht alle geborenen männlichen Lämmer in den Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden. Laut Tabelle 10 wird die Rasse vor allem in Bayern gehalten. Daneben finden sich lediglich kleinere Tierzahlen in einigen anderen Bundesländern.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 11 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 11 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Aus Tabelle 11 ist ersichtlich, dass von 43 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 34 und von 659 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 558 leben. 34 noch lebende Schafböcke und 558 noch lebende Mutterschafe, geboren 2005 – 2010, bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring der Waldschafe.

Tabelle 9: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	54	93
1991	87	120
1992	103	112
1993	158	203
1994	158	200
1995	223	244
1996	256	257
1997	303	325
1998	392	400
1999	398	414
2000	463	486
2001	417	487
2002	621	650
2003	536	613
2004	614	690
2005	576	633
2006	589	660
2007	670	711
2008	554	585
2009	615	679
2010	515	533
2011	428	453

Tabelle 10: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	191
LSV Baden-Württemberg e.V.	158
LV Thür. Schafzüchter e.V.	5
SSZV (Sachsen)	91
Berlin-Brandenburg	3
SZV NRW e.V.	138
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	151
BHG	15.055

Tabelle 11: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	576	633	10	104	7	76
2006	589	660	8	153	6	111
2007	670	711	8	171	4	154
2008	554	585	8	114	8	104
2009	615	679	7	92	7	88
2010	515	533	2	25	2	25
Gesamt	3.519	3.801	43	659	34	558

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 12 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 13 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 12 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 13 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 14 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 14 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 28 von 34 Böcken (=82%) und 479 von 558 Mutterschafen (=86%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Dieser Anteil an Tieren mit ausreichenden Abstammungsinformationen für das Monitoring ist bezogen auf andere Schafrassen durchschnittlich zu bewerten. Die verbleibende Monitoring Population C der Waldschafe umfasst dann insgesamt 1.336 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Im Maximum sind bis zu 8 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert. Im Regelfall aber wesentlich weniger.

Tabelle 12: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	1	0.00	0	0.00
1984	0	0.00	2	0.00
1985	0	0.00	3	0.00
1986	0	0.00	6	0.00
1987	3	0.00	13	0.00
1988	5	0.05	8	0.09
1989	2	0.13	21	0.14
1990	6	0.21	23	0.15
1991	6	0.33	21	0.27
1992	4	0.36	16	0.32
1993	5	0.39	27	0.27
1994	3	0.64	26	0.33
1995	12	0.44	36	0.47
1996	8	0.57	33	0.54
1997	5	0.60	46	0.45
1998	8	0.65	33	0.64
1999	8	0.72	45	0.59
2000	12	0.68	58	0.65
2001	9	0.69	31	0.59
2002	6	0.71	69	0.71
2003	8	0.73	59	0.78
2004	6	0.87	49	0.74
2005	9	0.81	69	0.88
2006	8	0.92	124	0.88
2007	5	0.93	164	0.90
2008	8	0.90	96	0.93
2009	6	0.93	79	0.94
2010	1	1.00	25	0.95

Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (1336 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	28	0.94	479	0.92
2	46	0.78	318	0.74
3	38	0.52	208	0.52
4	29	0.38	110	0.32
5	10	0.22	47	0.19
6	2	0.13	15	0.07
7	1	0.00	4	0.06
8	0	0.00	1	0.00
Gesamt	154		1182	

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

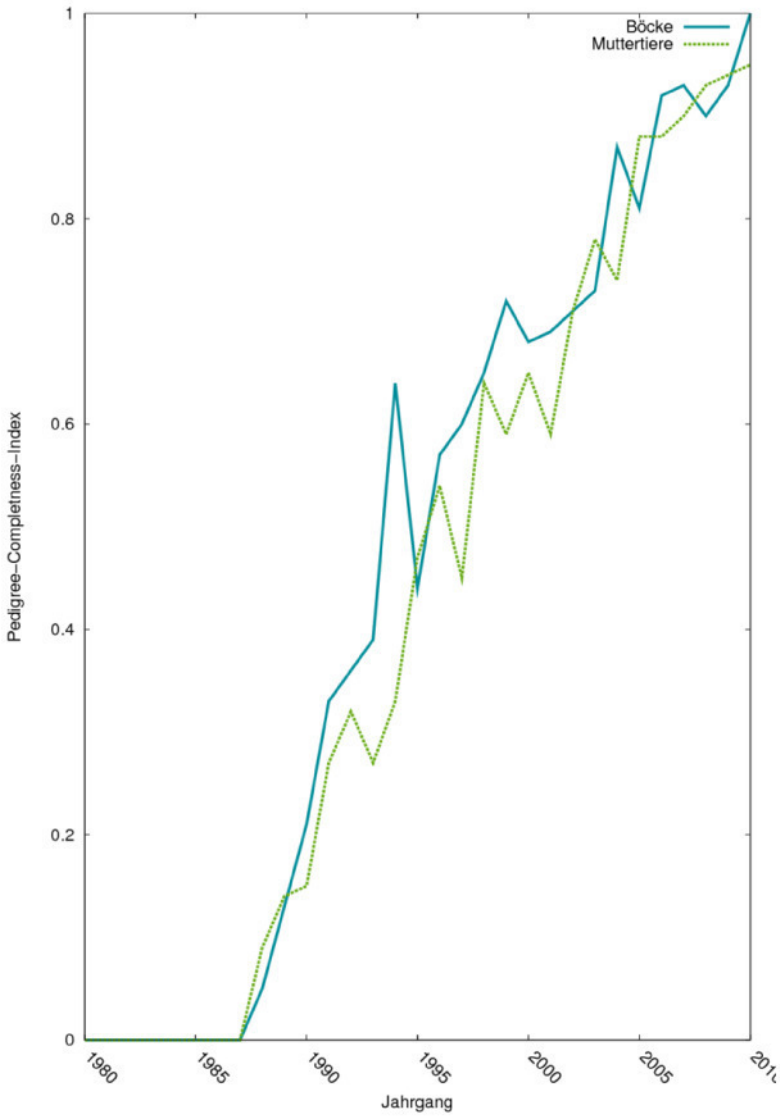


Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (507 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	5	0.91	61	0.90
2006	6	0.94	87	0.90
2007	3	0.96	139	0.92
2008	7	0.94	89	0.93
2009	6	0.93	78	0.94
2010	1	1.00	25	0.95
Gesamt	28		479	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 15 und die Muttertiere (Tabelle 16) ausgewiesen. Da kaum fremdrassige Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern der Waldschafe registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) lediglich Fremdgenanteil von $<2\%$ bei den Böcken und $>$ 0,5% bei den Mutterschafen festzustellen. Hier sind u.a. sehr geringe Anteile von Tieren der Rasse Brillenschaf zu finden.

Tabelle 15: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Waldschaf	sonstige	unbekannt
2005	5	13.45	100.00	0.00	0.00
2006	6	6.17	95.83	4.17	0.00
2007	3	7.99	100.00	0.00	0.00
2008	7	9.28	96.43	3.57	0.00
2009	6	11.62	100.00	0.00	0.00
2010	1	1.24	100.00	0.00	0.00
Ges.	28	9.44	98.21	1.79	0.00

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Waldschaf	sonstige	unbekannt
2005	61	8.86	100.00	0.00	0.00
2006	87	6.02	99.71	0.29	0.00
2007	139	7.29	99.73	0.27	0.00
2008	89	9.64	99.72	0.28	0.00
2009	78	8.78	99.36	0.64	0.00
2010	25	9.13	98.50	1.50	0.00
Ges.	479	8.03	99.63	0.37	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,

3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),

4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 17 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Abgeleitet aus dem Alter der Eltern der Monitoring-Ausgangspopulation C ist ein ziemlich einheitliches mittleres Generationsintervall auf der Vater- und Mutterseite zu beobachten. Insgesamt liegt das mittlere Generationsintervall bei 5,16 Jahren. Es ist damit das längste Generationsintervall in allen analysierten Schafrassen (Mittel ca. 3,6 Jahre).

Tabelle 17: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	28	5.30
Mutter auf Vater	28	5.12
Vater auf Mutter	479	5.71
Mutter auf Mutter	479	4.53

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 5.16 Jahre

7.5 Inzucht und effektiv

e Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs (ΔF)** kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

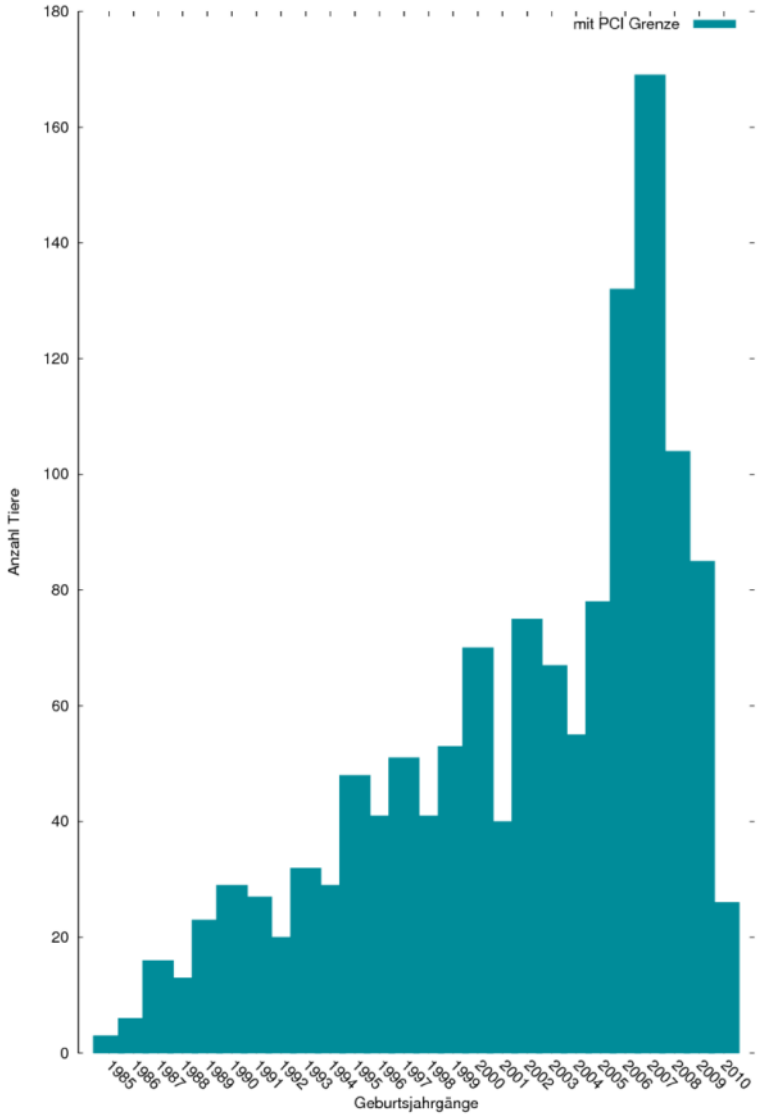
Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $>$ 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $>$ 0,70 der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen bei vielen Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann bei den Waldschafen auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden. Daher resultiert ein

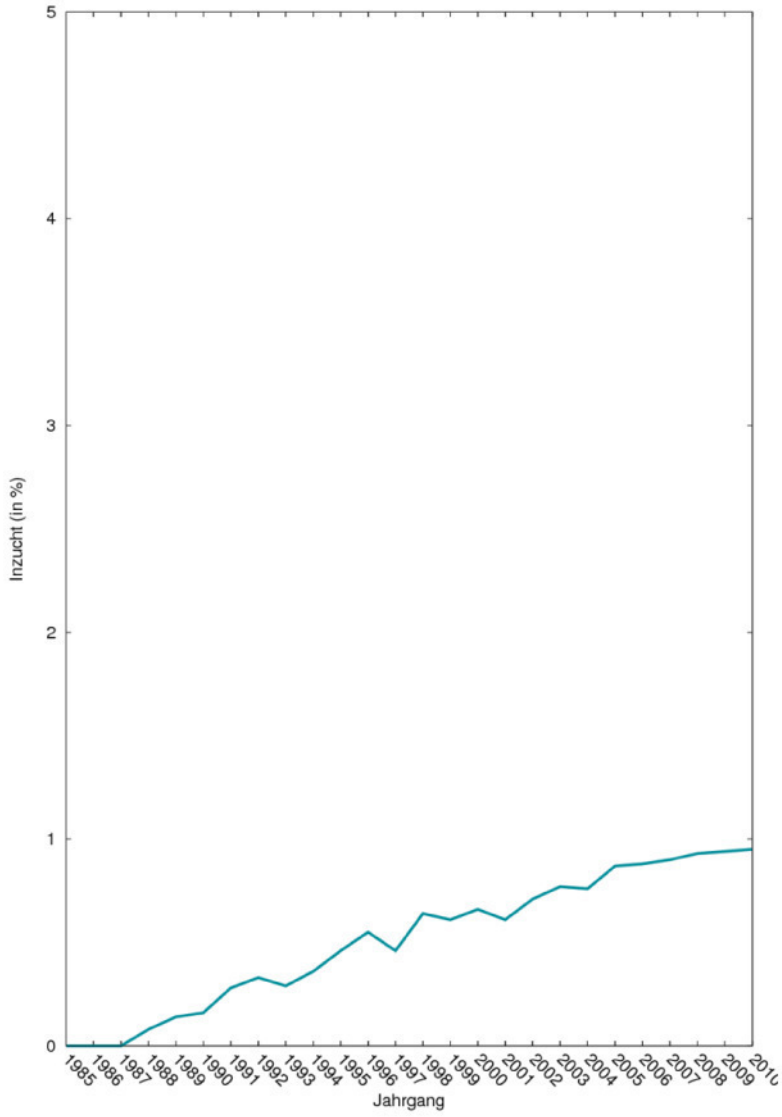
Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation



weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von N_e = 240. Aufgrund der unzulänglichen Daten scheint die beschriebene Methodik bei dieser Rasse nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Mittl. Generationsintervall : 5.16 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 240.21

Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Waldschaf)



7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 18 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 19 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 25, berechnet aus 90 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 18, weist aber auf eine wesentlich engere Blutführung und genetische Variabilität hin als der Wert der effektiven Populationsgröße. Lt. Tabelle 19 haben 17 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation, 6 Founder haben einen Genanteil von $>$ 5%.

Tabelle 18: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	90	32	21
Anzahl effektive Foundertiere	25		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 20 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil $>$ 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, f_a = 19, weist noch deutlicher auf die Überschätzung von Ne hin. Es sind 13 dominante Ahnen (>2% Genanteil), in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 20). 4 Ahnen haben einen Genanteil $>$ 5%. Der dominanteste Ahne, ein 1988 geborener Bock, hat einen Genanteil von 12% in der aktiven Zuchtpopulation und bewirkt damit einen deutlichen Bottle Neck Effekt, was in der Maßzahl fa zum Ausdruck kommt. Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen damit auf eine bereits sehr eingeschränkte genetische Variabilität in der Rasse hin.

Tabelle 19: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
091610010	15.02.1988	männlich	7.73
091610015	05.01.1987	männlich	7.43
092930033	01.01.1991	männlich	6.93
091610009	15.02.1988	männlich	6.42
091610014	15.01.1987	männlich	6.23
091610002	15.02.1986	weiblich	5.84
091610064	15.02.1987	weiblich	4.94
091610003	15.02.1986	weiblich	3.79
092941405	20.01.1987	männlich	3.49
092920001	15.02.1985	weiblich	2.75
091610011	15.04.1988	männlich	2.59
092920002	15.02.1987	weiblich	2.50
091580011	15.02.1980	männlich	2.49
092910001	01.03.1987	weiblich	2.13
097180009	15.05.1994	weiblich	2.12
091610006	15.02.1984	weiblich	2.04
307014454841	09.01.1998	männlich	2.03
092940006	05.01.1986	weiblich	1.85
092880005	01.02.1991	weiblich	1.55
091610030	15.02.1989	weiblich	1.54
091610054	26.12.1986	weiblich	1.41
091580042	15.02.1995	weiblich	1.25
092900007	22.01.1990	männlich	1.09

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
091610028	15.02.1987	weiblich	0.94
093830072	15.02.1997	weiblich	0.84
093850009	15.02.1994	weiblich	0.73
092900006	17.01.1990	weiblich	0.64
092860008	08.02.1993	weiblich	0.63
092860009	01.12.1993	weiblich	0.62
092930002	15.01.1989	weiblich	0.59
091580037	15.04.1993	weiblich	0.57
092900003	15.01.1988	weiblich	0.55
091590009	15.03.1987	weiblich	0.54
092870001	08.10.1990	männlich	0.52

Anzahl effektiver Ahnen : 19

Tabelle 20: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
091610008	23.02.1988	männlich	11.8
092920051	10.02.1990	männlich	9.8
092860007	03.01.1993	männlich	9.7
097180049	08.08.1998	männlich	7.8
091610015	05.01.1987	männlich	4.3
092910018	06.02.1995	männlich	4.2
092930033	01.01.1991	männlich	3.9
092940050	07.02.1989	männlich	3.4
091580072	21.01.1996	männlich	3.0
091610010	15.02.1988	männlich	2.9
091610011	15.04.1988	männlich	2.6
092920001	15.02.1985	weiblich	2.4
091580146	04.02.2001	männlich	2.3

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 21 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (2,89%) der 34 noch lebenden Vatertiere zu den 558 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation (Ausgangselternpopulation B) zeigen ebenfalls den Trend zur Blutlinienverengung auf.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 2.89 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 34
Anzahl verfügbare Mütter: 558

Tabelle 21: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
091590062	2.88	6.62	58.25	487	29
093830166	25.00	6.26	82.03	481	62
091590142	6.69	5.93	58.36	487	53
093830165	0.00	4.77	65.63	434	57
092830129	0.20	4.06	27.05	464	18
093230098	0.00	3.93	64.07	484	31
093230166	2.20	3.87	56.16	499	7
092920353	20.31	3.70	77.34	486	20
092830133	0.20	3.66	37.70	490	12
092920502	9.38	3.62	87.50	457	22
091590083	1.20	3.61	38.71	489	1
092920317	9.38	3.24	71.88	457	21
093230100	0.00	3.19	53.96	496	27
092830140	0.00	2.92	50.00	490	12
092920315	21.88	2.82	78.91	130	21
BW2300234023	6.25	2.78	53.13	417	17
DE010710073288	0.10	2.66	53.22	485	8
05956615003	0.00	2.60	51.56	497	12
BW230056631	12.50	2.57	94.53	485	31
092830146	0.10	2.50	50.83	511	4
092920318	8.20	2.32	63.48	457	8
092920319	3.91	2.31	35.94	465	5
DE010510191742	0.01	2.25	25.91	500	6
092810113	0.51	2.17	52.07	481	11
092960017	0.00	2.14	50.02	450	8
BY2309915017	0.00	2.06	32.81	312	9
BY/09L345	0.00	1.76	39.84	68	24
092920275	0.00	1.65	61.91	130	11
SN20083171	0.00	1.35	51.76	461	7

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist relativ über alle Schafrassen gesehen durchschnittlich,

und damit für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) noch nicht geeignet. Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt.

- Die entsprechenden Kriterien, abgeleitet aus den Schätzwerten für die effektiven Gründertiere (Founder) bzw. effektiven Ahnen, zeigen besser die Realität. Danach wäre in der Rasse die genetische Varianz erheblich eingeschränkt.

- Nach diesen Zahlen wären aktuell züchterischen Maßnahmen einzuplanen, um die genetische Variabilität in der Rasse gezielt zu erhalten. Ein systematischer Austausch von Vatertieren zwischen Herden ist zu empfehlen. Diese Vatertiere sollten jeweils eine möglichst niedrige Verwandtschaft zur Ziel-/Einsatzherde aufweisen.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- WEISSE DEUTSCHE EDELZIEGE -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **5**

2.1 Leistungsprüfungen 5

2.1.1 Milchleistungsprüfung 6

2.1.2 Zuchtleistungsprüfung 7

2.1.3 Beurteilung der äußeren Erscheinung 7

2.1.4 Kriterien für die Eintragung in das Zuchtbuch 7

2.2 Selektion 8

2.3 Zuchtwertschätzung 8

2.4 CAE-Sanierungsprogramm 8

3 Rassebeschreibung **9**

3.1 Zuchtziel 9

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **10**

5 Rassedachverbände oder Vereine **12**

6 Informationen aus dem Herdbuch **13**

6.1 Verteilung auf Verbände 13

6.2 Herdenstruktur 14

6.3 Kennzahlen der Zucht 16

7 Populationsanalyse **17**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 17

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 20

7.3 Genanteile 24

7.4 Mittleres Generationsintervall 26

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 27

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 31

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 33

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 35

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 14

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 23
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 29
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Weiße Deutsche Edelziege) 30

Tabellenverzeichnis

1 Maße und Gewichte . . . 9
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände . . . 13
3 Verteilung der Tiere auf Regionen . . . 14
4 Anzahl Herden in den Verbänden . . . 15
5 Verteilung der Herden auf Regionen . . . 15
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen . . . 16
7 Entwicklung der Zucht . . . 16
8 Anzahl Tiere mit Milchleistungsprüfungen nach Geburtsjahr . . . 17
9 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht . . . 18
10 Verteilung auf Verbände . . . 19
11 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) . . . 20
12 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) . . . 22
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (3342 Tiere) . . . 24
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (715 Tiere) . . . 24
15 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage . . . 25
16 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage . . . 25
17 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden . . . 26
18 Kennzahlen zu Foundertieren . . . 31
19 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) . . . 32
20 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 33
21 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren . . . 34

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

In Deutschland gab es bis zum Ende des 19. Jahrhunderts eine beträchtliche Anzahl von lokalen Ziegenschlägen. Darunter wurden in den verschiedenen Regionen auch weiße Ziegen beschrieben. Allerdings muss deren züchterischer Zustand sehr unbefriedigend gewesen sein. Vor allem lag dieses an den schlechten Haltungsbedingungen und durch züchterische Unkenntnis ausgelöste Inzuchtdepressionen.

Der Landwirt Christian Dettweiler aus Wintersheim/Rhein importierte aus der Schweiz 1884 die ersten weißen Ziegen, es handelte sich um Appenzeller. Acht Jahre später veranlasste er den Brauereibesitzer Ulrich aus Pfungstadt die ersten Saanenziegen zu importieren. Der Erfolg dieser Einkreuzungen löste die Gründung vieler Ziegenzuchtvereine im Starkenburger Raum aus.

Später wurde die Farbe weiß bei den Ziegen festgelegt und die Tiere wurden als Saanenziege bezeichnet. Ab 1901 wurde eine hessische Körordnung eingeführt, die eine zielstrebige züchterische Bearbeitung der Rasse förderte.

Dank des Engagements von Dettweiler u. a. und der daraus resultierenden Anerkennung der Ziege konnten sich die Ziegenbestände im ehemaligen Reichsgebiet von 1873 bis 1918 von 2,3 Mio. auf 4,3 Mio. nahezu verdoppeln.

Der Reichsverband der Deutschen Ziegenzüchtervereinigungen und die Deutsche Landwirtschaftsgesellschaft fassten 1928 alle lokalen weißen Ziegenschläge zur Weißen Deutschen Edelziege (WDE) zusammen.

Hauptzuchtgebiete sind Schleswig-Holstein, Niedersachsen, Sachsen, Nordrhein-Westfalen, Hessen und Baden.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm basiert auf den bundesweit einheitlichen Rasse- und Zuchtzielbeschreibungen des Bundesverbands der Deutschen Ziegenzüchter e.V. (BDZ). Es umfasst alle Maßnahmen, die der Erhaltungszucht der Ziegenrassen dienen und die zur Erreichung der Zuchtziele der jeweiligen Rasse geeignet sind. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen und die Beurteilung der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich. Am Zuchtprogramm nehmen nur Tiere der Hauptabteilung des Zuchtbuches teil.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen

Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben. Bei Milchziegenrassen werden die Leistungsmerkmale für die Zuchtwertteile Milchleistung und Zuchtleistung an weiblichen Tieren in Feldleistungsprüfungen ermittelt.

2.1.1 Milchleistungsprüfung

Die Milchleistungsprüfung wird nach Anlage 1 der Verordnung über die Leistungsprüfungen und die Zuchtwertfeststellung bei Schafen und Ziegen vom 16. Mai 1991 (BGBl. I S. 1126) sowie gemäß einer vom Internationalen Komitee für Leistungsprüfungen in der Tierproduktion (ICAR) festgelegten Methode durchgeführt.

Bei der Durchführung der MLP werden die A-Methode (amtliche Kontrolle) sowie die B-Methode (Besitzerkontrolle) anerkannt. Bei der A-Methode wird in ca. 30-tägigem Rhythmus bei jeder Melkung (in der Regel abends und morgens) von einem Mitarbeiter der MLP-Organisation (häufig eines örtlichen Landeskontrollverbandes) eine repräsentative Milchprobe entnommen und die Menge sowie die Inhaltsstoffe bestimmt. Bei der B-Methode wird die oben genannte Methode durch den Tierbesitzer bzw. dessen Beauftragten durchgeführt.

Am Prüftag werden mindestens die Milchmenge festgestellt und daraus der Fettgehalt und der Eiweißgehalt ermittelt (Einzelprüfung). Die Milchmenge ergibt sich aus allen Gemelken des Prüftages. Für die Ermittlung des Fettgehaltes und des Eiweißgehaltes wird eine für mindestens zwei Untersuchungen ausreichende Milchprobe entnommen und die bei jeder Melkzeit ermittelte Milchmenge berücksichtigt. Aus der Milchmenge, dem Fettgehalt und dem Eiweißgehalt werden die Fettmenge und die Eiweißmenge berechnet. Die in der Einzelprüfung festgestellte Milchmenge, Fettmenge und Eiweißmenge wird mit der Anzahl der Melktage des Prüfzeitraums multipliziert. Der Lammtag gilt nicht als Melktag.

Gemäß der oben genannten Verordnung müssen bei Ziegen in einer Laktation mindestens acht Einzelprüfungen durchgeführt werden.

Die Darstellung der Ergebnisse der Milchleistungsprüfung erfolgt bei Ziegen in einer 240-Tage-Leistung; sie ist die Leistung vom Tage nach dem Lammen bis zum Ende des Prüfzeitraums dieser Laktation, längstens jedoch bis zum Ablauf des 240. Laktationstags. Angegeben werden die Ordnungszahl der Laktation und die Anzahl der Laktationstage. Die Milchleistung wird zumeist unter Angabe der folgenden Werte dargestellt: die Milchmenge, der Fettgehalt (in Prozent) und die Fettmenge (in kg) sowie der Eiweißgehalt (in Prozent) und die Eiweißmenge (in kg).

Zusätzlich können angegeben werden:

- Jahresleistung; sie ist die Leistung in einem Prüfungsjahr.
- die mittlere Jahresleistung; sie wird berechnet, indem die Leistung in der Zeit vom Tage nach dem ersten Lammen bis zum Ende des letzten abgeschlossenen Prüfungsjahres, bei abgegangenen Tieren bis zu ihrem Abgang, durch die Anzahl der Tage dieses Zeitraumes dividiert und das Ergebnis mit 365 multipliziert wird; Voraussetzung für die Berechnung ist, dass mindestens zwei Laktationen abgeschlossen sind und der Zeitraum vom ersten Lammen an mindestens 730 Tage beträgt;
- die Lebensleistung; sie ist die Leistung vom Tage nach dem ersten Lammen bis zum Ende des letzten abgeschlossenen Prüfungsjahres, bei abgegangen Tieren bis zum Abgang;

- die Bestandsdurchschnittsleistung; sie wird berechnet, indem die Milchmenge, Fettmenge und Eiweißmenge eines Bestandes im Prüfungsjahr durch die Summe der Futtertage des Bestandes dividiert und die Ergebnisse mit 365, in einem Schaltjahr mit 366 multipliziert werden.

2.1.2 Zuchtleistungsprüfung

Für die Ermittlung des Zuchtwertteils Zuchtleistung werden bei Ziegen die Anzahl der lebend geborenen Lämmer, bezogen auf das Zuchtjahr und das Zuchttier ermittelt. Hierfür werden die Meldungen der Züchter mittels der Ablammlisten eines Jahres erfasst und vom jeweiligen Zuchtverband ausgewiesen.

2.1.3 Beurteilung der äußeren Erscheinung

Die Bewertung der äußeren Erscheinung erfolgt anhand der Rasse- und Zuchtzielbeschreibungen des BDZ. Diese Bewertung der Zuchttiere erfolgt auf dem Ziegenbetrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten. Auch anlässlich von Verkaufsveranstaltungen oder Schauen werden die Merkmale von Bewertungskommissionen erhoben. Die Beurteilung erfolgt bei Milchziegenrassen zumeist in den Kategorien: Rahmen, Form und Euter bzw. äußerer Erscheinung. Das Ergebnis der Bewertung wird für jedes Merkmal in einer Note ausgedrückt (beste Bewertung= 9, schlechteste= 1, nicht bewertet= 0). Die erste Bewertung der äußeren Erscheinung findet zumeist zur Eintragung des Tieres in das Zuchtbuch statt. Böcke werden zumeist anhand der Benotung zusätzlich in Zuchtwertklassen eingeteilt. Die beste Bewertung erfolgt in der Zuchtwertklasse I.

2.1.4 Kriterien für die Eintragung in das Zuchtbuch

Jede in Deutschland anerkannte Zuchtorganisation, die die Zucht der Weißen und Bunten Deutschen Edelziege sowie der Thüringer Waldziege betreut, hat ein eigenes Zuchtprogramm. Obwohl die gesetzlichen Vorgaben identisch sind und das Zuchtprogramm auf den Vorgaben des BDZ basiert, weichen diese Zuchtprogramme hinsichtlich der Benotung der äußeren Erscheinung und der Eintragung in die Abteilungen des Zuchtbuchs geringfügig voneinander ab. Dennoch wird jedes Zuchttier eines Zuchtverbandes beim Verkauf von den anderen Verbänden entsprechend eingetragen.

Eine Kooperation von neun Ziegenzuchtverbänden arbeitet auf diesem Gebiet eng zusammen. Hierzu gehören die Zuchtverbände aus folgenden Regionen: Hessen, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, Rheinland, Rheinland-Pfalz, Sachsen-Anhalt, Schleswig-Holstein, Thüringen und Westfalen-Lippe. Unter anderem hat diese Kooperation Mindestanforderungen für die Körung von Böcken in den jeweiligen Verbänden festgelegt. Hiernach müssen Böcke am Tag der Körung mindestens fünf Monate alt sein. Ferner muss bei den Milchziegenrassen die Bockmutter bei der 240-Tage-Milchleistung bei den Weißen und Bunten Deutschen Edelziegen mindestens 45 kg Fett und Eiweiß erreicht worden sein. Bei Thüringer Wald Ziegen ist eine Leistung von insgesamt 40 kg Fett und Eiweiß vorgeschrieben. Des Weiteren ist Voraussetzung, dass die Bockmutter mindestens mit einer Note 6 im Euter bewertet wurde.

Bundesweite oder überregionale Schauen und Veranstaltungen von Zuchtziegen, sowie bundesweite statistische Auswertungen, die in den vergangenen Jahren durchgeführt wurden, sind eine gute Basis für den Vergleich der Zuchttiere und ihrer Leistungen über die Grenzen

der einzelnen Verbände hinaus und geben einen guten Eindruck über den Leistungsstand der jeweiligen Rasse.

2.2 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der äußeren Erscheinungsmerkmale anlässlich von Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Dieses wird von den Zuchtverbänden i. d. R. auf den Betrieben oder auch auf Veranstaltungen überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Rahmen, Form, Euter vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung über alle Verbände zu erstellen. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

2.3 Zuchtwertschätzung

Ein vom Bundesverband (BDZ) zu verabschiedendes Zuchtwertschätzverfahren für Ziegen erlangt auch für den Landesverband unmittelbare Gültigkeit.

2.4 CAE-Sanierungsprogramm

In der Ziegenzucht wird von den Zuchtverbänden in Zusammenarbeit mit Tiergesundheitsorganisationen ein freiwilliges Sanierungsprogrammes von Ziegenbeständen gegen CAE angeboten.

Die CAE ist eine virusbedingte, langsam fortschreitende Infektionskrankheit der Ziegen. die durch Gelenksentzündungen (Arthritis) bei erwachsenen Tieren, Gehirnentzündungen (Encephalitis) bei Jungtieren, chronische Euter- und Lungenentzündungen sowie chronische Abmagerung auffällt. Infizierte Tiere bleiben lebenslang Virusträger und ausscheider, eine Heilung ist nicht möglich.

Der Erreger ist ein Lentivirus aus der Familie der Retroviridae. Es besteht eine nahe Ver-

wandtschaft zur Maedi/Visna-Erkrankung der Schafe. Die Übertragung des CAE-Virus erfolgt über Kolostrum/ Milch auf die Lämmer sowie durch virushaltige Körpersekrete (Sperma, Nasensekret, Blut) und die Atemluft auf andere Ziegen. Eine wichtige Infektionsquelle sind oft infizierte, aber nicht klinisch erkrankte Tiere.

Ökonomische Schäden entstehen durch verringerte Milchproduktion, chronische Abmagerung, schlechte Reproduktionsergebnisse (verminderte Fruchtbarkeit und Lämmeraufzucht), und Handelsbeschränkungen. Das Ziel einer Herdensanierung ist die Schaffung CAE-unverdächtiger Beständeünd deren Erhaltung. Auf diese Weise sollen durch CAE hervorgerufene ökonomische Schäden gemindert und die Verbreitung des Erregers vermieden werden. Für CAE-unverdächtige Zuchttiere werden spezielle Veranstaltungen wie Auktionen und Schauen durchgeführt.

3 Rassebeschreibung

Die Weiße Deutsche Edelziege ist eine hochproduktive Milchziege, sie hat eine weiße Farbe, leichte Pigmentflecken an Nase, Ohren und Euter sind zulässig. • Mittlerer bis großer Rahmen, hornlose und gehörnte Tiere. • Kurze und glatt anliegende Behaarung. • Saisonale Brunst, Frühreife, Erstzulassung mit sieben bis neun Monaten. • Fest ansitzendes, drüsiges Euter mit ausgeprägtem Zentralband, Bauch- und Schenkeleuter. • Klar abgesetzte, mittellange Striche, leichte Melkbarkeit.

Tabelle 1: Maße und Gewichte

	Ziege	Bock
Gewicht (kg)	55-75	70-100
Widerristhöhe (cm)	70-90	80-100

Leistungen

850 bis 1200 kg Milch, 3,2 bis 3,5 % Fett, 2,8 bis 3,0 % Eiweiß/ 240-Tage Laktation. Bei entsprechender Haltung und Fütterung höhere Leistungen möglich. Erste Ablammung bis zum Alter von 15 Monaten, eine Ablammung pro Jahr, 1,8 bis 2,0 geborene Lämmer pro Jahr.

3.1 Zuchtziel

Angestrebt wird eine fruchtbare, widerstandsfähige und langlebige Ziege mit großer Wirtschaftlichkeit auf Grund hoher Fett- und Eiweißmengenleistungen und ihrer Eignung zur Landschaftspflege. Der Rücken sollte möglichst straff sein, mit breit angelegtem, nicht zu stark abfallendem Becken. Das Fundament soll trocken und nicht zu fein, die Beinstellung korrekt sein. Gefordert wird ein gleichmäßiges, geräumiges, drüsiges und fest angesetztes Euter, das weit nach vorne und im Schenkelbereich hinauf reicht. Die gleichermaßen für das Hand-und Maschinenmelken gut geeigneten, leicht melkenden Striche sollen mittig unter den Hälften angesetzt, senkrecht nach unten weisen, mittellang, gleichförmig und klar abgesetzt sein.

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Weiße Deutsche Edelziege:

Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.
Am Haingraben 16
35305 Grünberg
Tel.: 06401-5261
Email: info@ziegenzucht.de
www.ziegenzucht.de

Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.
Karow, Zarchliner Str. 7
19395 Plau
Tel.: 038738/73071
Email: schafzucht@rinderzucht-mv.de
www.schafzucht-mv.de

Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.
Angerstr. 6
06118 Halle
Tel.: 0345/5214941
Email: roesler@lkv-st.de

Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.
Haydnstr. 11
80336 München
Tel.: 089/537856
Email: geschaeftsstelle@ziegenzucht-bayern.de
www.ziegenzucht-bayern.de

Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.
Dillinger Str. 67
66822 Lebach
Tel.: 06881/928-201
Email: anton.schmitt@lwk-saarland.de

Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.
Nevinghoff 40
48147 Münster
Tel.: 0251/2376-864
Email: kontakt@Landesziegenzuchtverband-westfalen.de
www.landesziegenzuchtverband-westfalen.de/

Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.
Peter-Klöckner-Str. 3
56073 Koblenz
Tel.: 0261 / 91593-231
Email: rainer.wulff@lwk-rlp.de
www.ziegenzucht-rlp.de

Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.
Mars-la-Tour-Str. 6
26121 Oldenburg
Tel.: 0441-801639
Email:

Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.
Halfenslennefe 1
51491 Overath
Tel.: 02204-72425
Email: info@ziegenzucht-rheinland.de
www.ziegenzucht-rheinland.de/

Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431/332608
Email: info@schafzucht-kiel.de
www.schafzucht-kiel.de

Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.
Am Johannishof 3
99085 Erfurt
Tel.: 0361/74980713
Email: lv@thueringer-ziegen.de
www.thueringer-ziegen.de

Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.
Ostende 5
04288 Leipzig
Tel.: 034297/919651
Email: sszv leipzig@sszv.de
www.sszv.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann-Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 07 11-1 66 55 02
Email: zzv@ziegen-bw.de
www.ziegen-bw.de

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Die Weiße Deutsche Edelziege ist in allen Zuchtverbänden vertreten. Mit Abstand sind in Sachsen-Anhalt die meisten Elterntiere zu finden. Schwerpunkte der Zucht bilden SSZV (Sachsen), LBZ, LZWL, ZZV BW und HZZV (siehe Tabelle 2).

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
LRZ	10	51
LZWL	7	175
LSZV MV	2	44
Saarland	4	12
LBZ	89	276
LTZ	7	44
Berlin-Brandenburg	24	46
LNZ	14	103
ZZV BW	96	160
LSHZ	5	24
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	117	1574
LZRP	3	12
HZZV	14	115
SSZV (Sachsen)	11	868
Gesamt(Alle Verbände)	403	3504

[a] für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Regionale Zentren der Zucht sind die Postleitzahlbezirke 0 und 3 in den östlichen Landesteilen, in denen auch die grössten Bestände zu finden sind. Die Zahlen für Bayern und ZZV BW sind auf Grund der nur teilweisen Integration der Herdbuchinformationen in serv.it OVICAP zu hoch (siehe Tabelle 3 und Abbildung 1).

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken

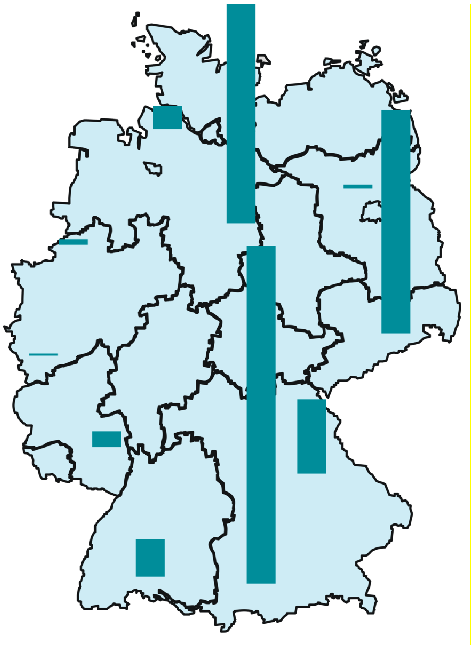


Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
1194	0
25	1
155	2
1508	3
45	4
29	5
127	6
298	7
1853	8
475	9

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.2 Herdenstruktur

Die Tabellen in diesem Abschnitt können lediglich für die Verbände mit einer Herdbuchführung in serv.it OVICAP interpretiert werden. Jeweils über 10 Zuchtherden können in den Verbänden Berlin-Brandenburg und LNZ gefunden werden (vergl. Tabelle 10).

Regionale Schwerpunkte sind in den Postleitzahlbezirken 0 und 2 zu finden (siehe Tabelle 6).

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	LZRP
1	LZWL
1	Saarland
2	LSZV MV
2	LTZ
3	LSV Sachsen-Anhalt e.V.
4	LSHZ
5	HZZV
7	SSZV (Sachsen)
17	LNZ
19	Berlin-Brandenburg
51	ZZV BW
74	LBZ
187	gesamt

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
12	0
2	1
20	2
12	3
6	4
4	5
9	6
31	7
49	8
27	9
176	gesamt

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Zuchttiere sind eher in kleinere Beständen zu finden (vergl. Tabelle 6).

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
99	1 bis 9
42	10 bis 19
14	20 bis 29
8	30 bis 39
2	40 bis 49
6	50 bis 59
1	60 bis 69
1	70 bis 79
2	80 bis 89
2	90 bis 99
10	100 und mehr

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

Für die Tabellen in diesem Abschnitt konnten leider noch nicht Zahlen der beiden Verbände mit einem eigenständigen Herdbuchsystem berücksichtigt werden. Bei den Verbänden mit einem zentralen Herdbuchsystem zeigt sich in der Anzahl Ablammungen über die Jahre eine Steigerung der Zuchtaktiväten bis 2009. Ob sich danach ein Abwärtstrend abzeichnet, kann zum jetzigen Zeitpunkt noch nicht bestätigt werden, da LZWL und LRZ für die Herdbuchführung noch ihre Altprogramme nutzen. Die Herdbuchaufnahmen zeigen eine starkte Schwankung über die Jahre, lassen aber keinen eindeutigen Trend erkennen (siehe Tabelle 7)

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	1305	2313	14	55	195
2001	1424	2442	14	65	158
2002	1743	2875	171	69	255
2003	1916	2954	95	62	213
2004	2258	3733	292	57	285
2005	2262	3835	409	63	209
2006	2285	3905	125	48	134
2007	2329	4132	626	67	325
2008	2681	4157	601	42	691
2009	2689	4402	448	39	1953
2010	2500	4229	10	61	458
2011	1236	2272	226	31	646
2012	795	1452	210	24	246

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

In der Milchziegenzucht ist die Milchleistungsprüfung eine wichtiger Bestandteil der Leistungserfassung. Leider ist bei den Verbänden, die mit dem Herdbuchsystem serv.it OVICAP

arbeiten, nach einer Steigerung der Prüfungsdichte wiederum ein Absinken zu verzeichnen (siehe Tabelle 8). Zahlen aus dem Verbänden ZZ BW und LBZ konnten aus den oben genannten Gründen noch nicht berücksichtigt werden

Tabelle 8: Anzahl Tiere mit Milchleistungsprüfungen nach Geburtsjahr

Jahr[a]	Anzahl
2000	423
2001	612
2002	645
2003	442
2004	520
2005	513
2006	708
2007	822
2008	638
2009	543
2010	158
2011	6

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 9 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 10 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die Anzahl geborener und registrierter Tiere der Rasse „Weiße Deutsche Edelziege“ nimmt kontinuierlich zu auf ca. 4.500 im letzten wohl vollständig erfassten Jahr 2009. Von den männlichen werden nur knapp 3/4 aller geborenen Tiere registriert. Nach Tabelle 9 sind die Geburtsjahrgänge ab 2010 wohl noch nicht vollständig im Herdbuchsystem erfasst. Laut Tabelle 10 ist die Weiße Deutsche Edelziege in fast allen Zuchtverbänden bzw. Bundesländern vertreten. Mit Abstand wurden in Sachsen-Anhalt die meisten Tiere registriert. Schwerpunkte der Zucht bilden weiter Sachsen, Bayern, Westfalen-Lippe, Baden-Württemberg und Hessen.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 11 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 11 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern

wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Aus Tabelle 11 ist ersichtlich, dass von 229 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Ziegenböcken noch 164 und von 3.751 in diesen Jahren registrierten Ziegen noch 3.262 leben. 164 noch lebende Ziegenböcke und 3.262 noch lebende Ziegen, geboren 2005 – 2010, bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring der Weißen Deutschen Edelziege.

Tabelle 9: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	136	900
1991	404	1.540
1992	385	1.650
1993	458	1.528
1994	561	1.586
1995	1.140	1.977
1996	1.129	1.335
1997	944	1.481
1998	909	1.363
1999	694	1.507
2000	1.050	1.706
2001	1.052	1.927
2002	1.394	2.043
2003	1.494	2.135
2004	1.855	2.461
2005	1.953	2.559
2006	1.973	2.403
2007	1.940	2.669
2008	1.865	2.671
2009	2.108	2.436
2010	2.012	2.253
2011	1.163	1.112

Tabelle 10: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	9.727
znLSV Niedersachsen	648
Saarland	75
zLV Thür. Schafzüchter e.V.	190
HZZV	740
LBZ	2.263
LSHZ	1.315
zzLSV Baden-Württemberg e.V.	700
LRZ	1.648
LZWL	1.678
LZRP	41
LSZV MV	268
SSZV (Sachsen)	8.751
Berlin-Brandenburg	164

Tabelle 11: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	1.953	2.559	44	549	25	392
2006	1.973	2.403	57	662	37	525
2007	1.940	2.669	33	754	25	642
2008	1.865	2.671	42	905	30	855
2009	2.108	2.436	42	754	37	725
2010	2.012	2.253	11	127	10	123
Gesamt	11.851	14.991	229	3.751	164	3.262

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 12 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 13 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 12 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 13 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 14 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 14 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen nur 45 von 164 Ziegenböcken (=27%) und 670 von 3.262 Ziegen (=20%) die erforderliche Mindest-Pedigreevollständigkeit. Dieser Anteil an Tieren mit minimal ausreichenden Abstammungsinformationen für das Monitoring ist auf beiden Elternseiten als ungenügend zu bewerten. Die verbleibende Monitoring Population C der Weißen Deutschen Edelziege umfasst dann insgesamt 3.342 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Im Maximum sind bis zu 13 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert. Im Regelfall aber wesentlich weniger.

Tabelle 12: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	9	0.13	16	0.04
1981	9	0.14	12	0.10
1982	7	0.08	20	0.12
1983	6	0.08	15	0.15
1984	11	0.02	19	0.17
1985	9	0.16	16	0.26
1986	13	0.15	18	0.16
1987	13	0.23	21	0.19
1988	17	0.39	25	0.23
1989	17	0.24	24	0.28
1990	18	0.18	36	0.32
1991	21	0.40	38	0.40
1992	16	0.17	28	0.50
1993	19	0.20	30	0.43
1994	24	0.35	40	0.40
1995	30	0.26	39	0.44
1996	33	0.35	92	0.26
1997	32	0.22	59	0.38
1998	31	0.35	159	0.25
1999	40	0.30	157	0.25
2000	38	0.39	90	0.40
2001	33	0.53	147	0.46
2002	35	0.53	162	0.47
2003	36	0.51	133	0.51
2004	45	0.45	133	0.62
2005	37	0.51	144	0.65
2006	49	0.68	216	0.66
2007	27	0.68	214	0.75
2008	12	0.55	204	0.83
2009	22	0.67	187	0.82
2010	2	0.92	71	0.84

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

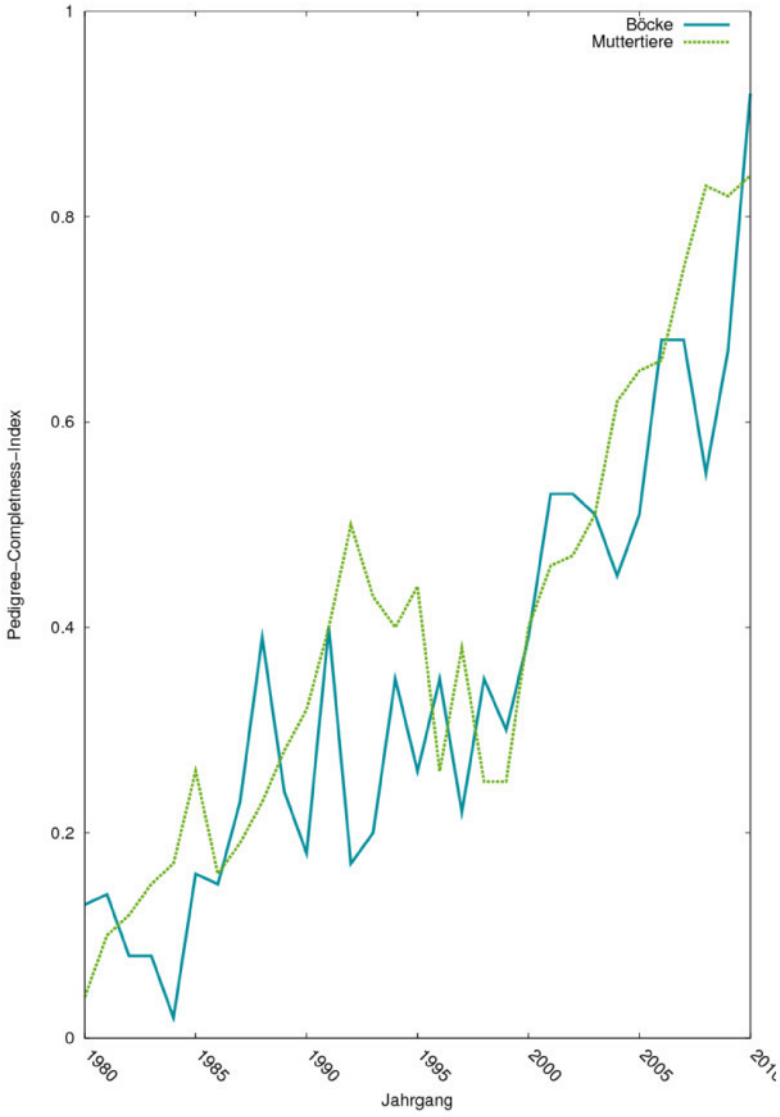


Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (3342 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	45	0.84	670	0.84
2	118	0.60	500	0.64
3	147	0.38	465	0.47
4	125	0.36	401	0.28
5	89	0.30	221	0.28
6	62	0.23	130	0.32
7	49	0.31	75	0.26
8	42	0.19	62	0.19
9	26	0.14	45	0.14
10	16	0.16	26	0.09
11	5	0.06	12	0.15
12	2	0.13	6	0.05
13	1	0.00	2	0.00
Gesamt	727		2615	

Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (715 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	6	0.85	33	0.85
2006	10	0.83	90	0.81
2007	10	0.88	129	0.83
2008	3	0.78	187	0.83
2009	14	0.81	160	0.85
2010	2	0.92	71	0.84
Gesamt	45		670	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass

in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 15 und die Muttertiere (Tabelle 16) ausgewiesen. Bei der Weißen Deutschen Edelziege sind als einziger Rasse im Herdbuch fremdrassige Ahnen in nennenswertem Umfang registriert, daher ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) ein größerer Fremdgenanteil festzustellen. Bei den Ziegenböcken wird ein mittlerer Fremdgenanteil von ca. 18% und bei den Ziegen von ca.30% in der aktiven Zuchtpopulation analysiert. Die „Fremdgene“ stammen im Wesentlichen alle von importierten Zuchttieren der Saanenziege. Da die Weiße Deutsche Edelziege auf die schweizerische Saanenziege zurückzuführen ist, ist dies eigentlich nicht als Fremdgenanteil zu bezeichnen, sondern eher als laufender Zuchttieraustausch mit dem Herkunftszuchtgebiet. Weiterhin sind auch in geringem Umfang Tiere der Rassen Bunte Deutsche Edelziege und Anglo-Nubier-Ziege vertreten.

Tabelle 15: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Weiße Deutsche Edelziege	sonstige	unbekannt
2005	6	4.56	95.41	4.59	0.00
2006	10	9.30	81.38	18.62	0.00
2007	10	1.97	89.76	10.24	0.00
2008	3	0.35	87.30	12.70	0.00
2009	14	3.55	67.95	32.05	0.00
2010	2	9.74	97.25	2.75	0.00
Ges.	45	4.68	82.04	17.96	0.00

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Weiße Deutsche Edelziege	sonstige	unbekannt
2005	33	4.61	79.25	20.75	0.00
2006	90	3.52	69.21	30.79	0.00
2007	129	2.84	73.56	26.44	0.00
2008	187	3.31	68.36	31.64	0.00
2009	160	2.16	66.45	33.55	0.00
2010	71	2.75	65.65	34.35	0.00
Ges.	670	2.98	69.27	30.73	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 17 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Abgeleitet aus dem Alter der Eltern der Monitoring-Ausgangspopulation C ist auf der Vaterseite ein ca. 0,7 Jahre geringeres Generationsintervall zu beobachten als auf der Mutterseite. Die Eltern der Böcke sind etwa 0,4 Jahre älter als die die Eltern der Muttertiere. Insgesamt liegt das mittlere Generationsintervall bei 3,03 Jahren. Es liegt damit etwas über dem Mittel in allen analysierten Ziegenrassen (Mittel ca. 2,88 Jahre).

Tabelle 17: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	45	2.82
Mutter auf Vater	45	3.72
Vater auf Mutter	670	2.55
Mutter auf Mutter	670	3.03

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.03 Jahre

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße ((N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $>$ 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $>$ 0,70 der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen auf beiden Elternseiten bei vielen Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann bei den Weißen Deutschen Edelziegen auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden. Daher resultiert ein weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von N_e = 644. Aufgrund der unzulänglichen Daten scheint die beschriebene Methodik bei dieser Rasse nicht geeignet zur Quantifizierung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Mittl. Generationsintervall : 3.03 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 644.07

Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation

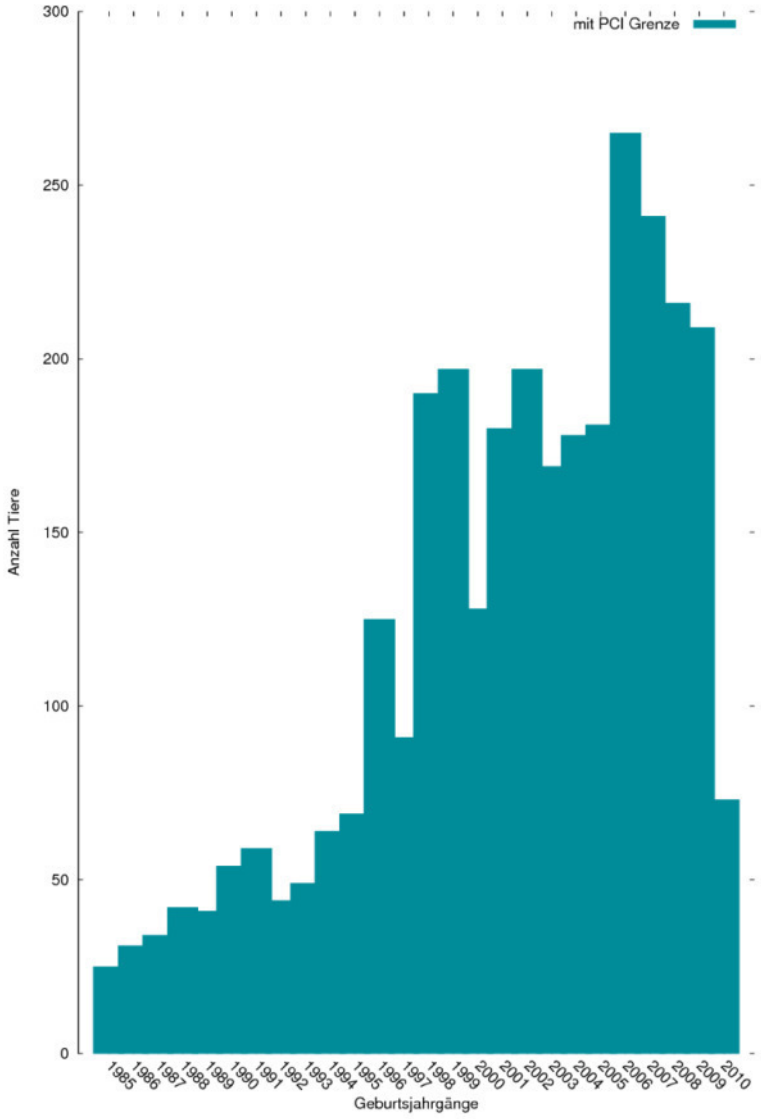
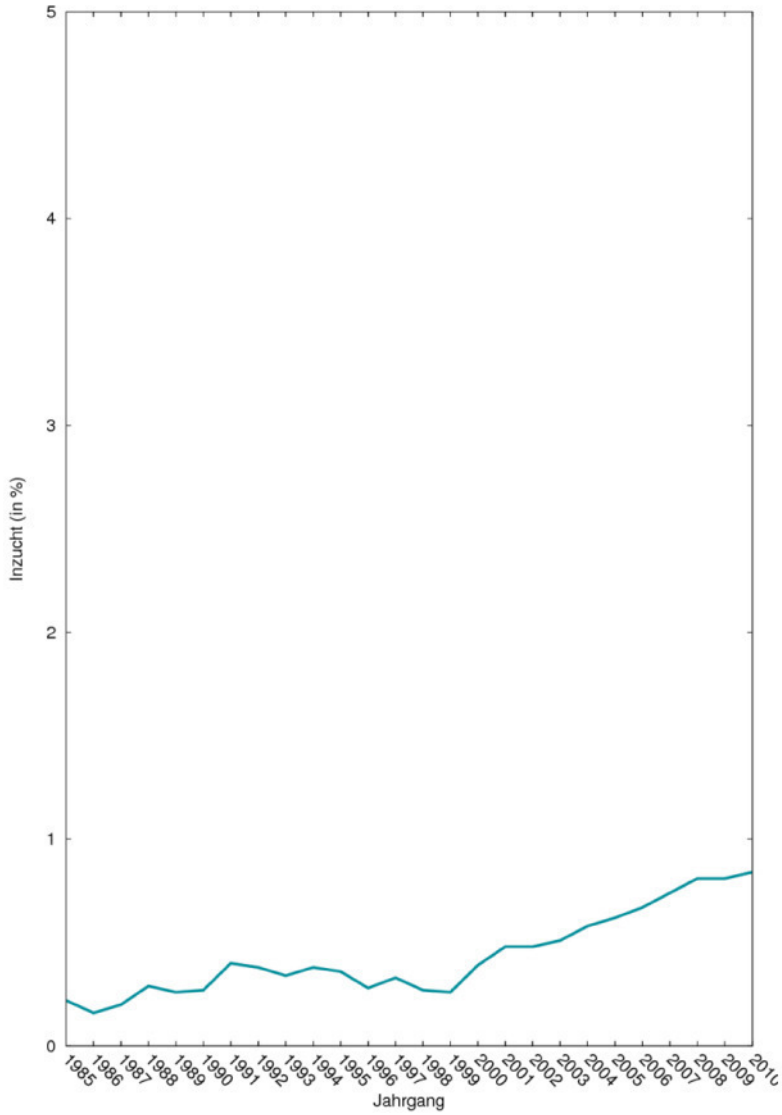


Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Weiße Deutsche Edelziege)



7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 18 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 19 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 127, berechnet aus 580 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 18, dürfte ebenfalls aufgrund der nicht ausreichenden Datenstruktur noch leicht überschätzt sein. Lt. Tabelle 19 haben nur 4 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation.

Tabelle 18: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	580	63	157
Anzahl effektive Foundertiere	127		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 20 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, f_a = 80, dürfte eher der Realität entsprechen und weist deutlich auf die Überschätzung von Ne hin. Es sind 9 dominante Ahnen (>2% Genanteil), in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 20). Lediglich ein Ahne hat einen Genanteil > 4%, ein Bottle Neck Effekt dürfte durch diesen einen Ziegenbock aber nicht verursacht sein. Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen damit zwar auf keine eingeschränkte genetische Variabilität in der Rasse hin, aufgrund der vorliegenden Datengrundlage sind die Ergebnisse aber vorsichtig zu interpretieren.

Tabelle 19: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
THWE007009901	07.03.1999	männlich	3.60
CHSA235000789	05.02.1997	männlich	2.75
FRWE001000182	20.11.1997	männlich	2.44
CHSA218098464	30.03.1998	weiblich	2.14
FRWE001000199	05.01.1994	männlich	1.75
THWE006001310	24.02.1991	weiblich	1.72
CH466B	06.05.1997	männlich	1.53
FRWE001000164	29.10.1996	männlich	1.49
25112/2	10.03.1986	männlich	1.43
0379023-0185	01.02.2004	männlich	1.24
CHSA139001225	01.02.1998	männlich	1.18
7941890040	18.12.1989	männlich	1.16
NLSA907096165	15.02.1996	männlich	1.06
3089604	01.02.1996	männlich	1.02
BBAN001200411	12.02.2004	männlich	1.01
46311-1	26.01.1986	männlich	0.98
9023-NL05212	21.03.2005	männlich	0.93
NLSA907096202	12.02.1996	weiblich	0.92
FRWE001000145D	24.10.1993	männlich	0.88
SAWE007009327	01.03.1999	weiblich	0.88
CHSA017001155	11.03.1996	weiblich	0.85
FRWE001000154	30.12.1993	männlich	0.83
FRWE001000504	10.01.2000	männlich	0.82

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
CHSA185098412	24.03.1998	weiblich	0.82
16192	13.02.1986	männlich	0.78
U 0114	14.07.1984	weiblich	0.77
FRWE001000503	22.01.1999	männlich	0.77
NLSA907096209	13.02.1996	weiblich	0.77
202RP	07.03.2002	männlich	0.73
49164-1	31.01.1989	weiblich	0.71
U 1751	23.01.1979	männlich	0.70
CHSA033001110	10.04.1996	weiblich	0.67
NLSA907096222	15.02.1996	weiblich	0.66
U 9901	07.07.1974	weiblich	0.65
NLSA376096035	01.03.1996	weiblich	0.65
CHSA125001194	24.02.1997	männlich	0.65
U 9926	05.11.1979	weiblich	0.64
CHSA251099649	25.04.1999	weiblich	0.64
S989	31.01.1990	männlich	0.63
NLSA376096057	01.03.1997	männlich	0.63
NLSA907096236	16.02.1996	weiblich	0.63
sawe007099633	01.03.1999	weiblich	0.61
D3148	27.02.1985	weiblich	0.61
S 989	31.01.1990	männlich	0.61
SH96032004	30.01.1996	männlich	0.60
D3242	19.01.1994	weiblich	0.60
BS038533D	09.03.1998	weiblich	0.59
U 1734	11.02.1982	männlich	0.52
200RR	26.02.2004	männlich	0.51

Anzahl effektiver Ahnen : 80

Tabelle 20: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
SNWE079019972	12.03.2001	männlich	4.1
THWE007009901	07.03.1999	männlich	3.6
DE011400024254	07.02.2006	männlich	3.4
SNWE057099920	13.02.1999	männlich	2.7
CHSA235000789	05.02.1997	männlich	2.7
SNWE064029821	09.12.2001	männlich	2.6
108H103	10.01.1995	männlich	2.4
FRWE001000182	20.11.1997	männlich	2.3
3640501	01.01.2005	männlich	2.3

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung

nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 21 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (0,32%) der 123 noch lebenden Vatertiere zu den 827 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation (Ausgangselternpopulation B) zeigen ebenfalls keinen Trend zur Blutlinienverengung auf.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 0.32 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 164
Anzahl verfügbare Mütter: 3262

Tabelle 21: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE011500169052	0.00	1.00	50.00	725	2
DE011400193900	0.00	0.99	50.00	434	67
DE011400194348	0.00	0.96	53.52	437	32
DE011400193865	3.13	0.96	53.13	550	8
DE011400193607	0.00	0.86	62.50	233	75
DE011400125771	3.13	0.79	53.13	335	33
DE011400124999	0.00	0.75	50.00	112	75
DE011400203044	0.00	0.71	51.56	244	57
DE011500910364	0.00	0.63	50.00	756	3
DE011400193700	0.00	0.56	32.03	485	14
DE011400193699	0.00	0.56	32.03	485	14
DE011400203215	0.00	0.51	25.00	429	7
DE011400124984	0.00	0.44	50.00	279	12
DE011500169959	0.00	0.31	25.00	758	1
DE011500169960	0.00	0.31	25.00	758	1
DE011500910165	0.00	0.30	50.00	107	1
DE011500910166	0.00	0.30	50.00	107	1
DE011620001446	0.00	0.23	53.61	298	3
DE010310883542	0.00	0.20	31.32	99	8
DE011500169022	0.00	0.20	50.00	724	2
DE010510299356	0.18	0.20	27.13	317	11
DE010310653016	0.00	0.17	50.02	96	11
DE010310653015	0.00	0.17	50.05	96	11
DE010310584699	0.00	0.16	31.25	40	8
DE011620001448	0.00	0.15	26.27	298	1
DE010510200203	0.00	0.13	50.00	80	6
DE010310584700	0.00	0.13	50.00	26	8
DE010310884506	0.00	0.10	50.00	366	1
DE010610149579	0.00	0.09	50.00	227	8
DE010101007254	18.75	0.09	68.75	382	2

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist suboptimal und damit für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) nicht geeignet. Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt.
- Die entsprechenden Kriterien, abgeleitet aus den Schätzwerten für die effektiven Gründertiere (Founder) bzw. effektiven Ahnen, zeigen besser die Realität. Danach ist die genetische Varianz in der Rasse aber auch noch nicht eingeschränkt.
- Nach diesen Zahlen wären aktuell keine besonderen züchterischen Maßnahmen nötig, um die genetische Variabilität in der Rasse gezielt zu erhalten bzw. den Inzuchtanstieg zu minimieren.
- Für eine abschließende Beurteilung der genetischen Situation in der Rasse ist allerdings zu überprüfen, inwiefern die Datengrundlage eventuell für die hier geforderten Auswertungen noch verbessert und vervollständigt werden kann.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- WEISSE GEHÖRNTE HEIDSCHNUCKE -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

1.1 Linien 5

2 Zuchtprogramm **6**

2.1 Leistungsprüfungen 6

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 6

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 9

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 9

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 10

2.3 Zuchtwertschätzung 10

2.4 Selektion 11

3 Rassebeschreibung **11**

3.1 Zuchtziel 12

4 anerkannte Züchtervereinigungen **12**

5 Rassedachverbände oder Vereine **14**

6 Informationen aus dem Herdbuch **14**

6.1 Verteilung auf Verbände 14

6.2 Herdenstruktur 16

6.3 Kennzahlen der Zucht 17

7 Populationsanalyse **20**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 20

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 22

7.3 Genanteile 26

7.4 Mittleres Generationsintervall 27

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 28

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 32

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 35

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 36

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 16
2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 25
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 30
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Weiße Gehörnte Heidschnucke) 31

Tabellenverzeichnis

1 Leistungsspektrum 12
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände 15
3 Verteilung der Tiere auf Regionen 15
4 Anzahl Herden in den Verbänden 16
5 Verteilung der Herden auf Regionen 17
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 17
7 Entwicklung der Zucht 18
8 Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein 18
9 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 19
10 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 21
11 Verteilung auf Verbände 21
12 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 22
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 24
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (1495 Tiere) 24
15 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (531 Tiere) 26
16 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 27
17 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 27
18 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 28
19 Kennzahlen zu Foundertieren 32
20 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 33
21 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 34
22 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 35

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(Klaus Gerdes, 2012n)

Heidschnucken zählen zu den ältesten Schafrassen Mitteleuropas. Bis zum Ende des 19. Jahrhunderts erfolgte keine Differenzierung nach weißer oder grauer Farbgebung oder Behornung. Nur vereinzelt hielt man Bestände mit ausschließlich weißen Tieren. Damals hatte Schafwolle noch einen großen Wert, in vielen Haushalten wurde die Wolle versponnen und auch aus der etwas gröberen Heidschnuckenwolle wurden diverse Strickwaren hergestellt. Die weiße Heidschnuckenwolle war insofern begehrter, als die Wolle der Tiere gefärbt werden konnte.

Nach der Jahrhundertwende wurden hornlose Schnucken züchterisch getrennt erfaßt und 1949 wurde der Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter gegründet, der ausschließlich die Graue Gehörnte Heidschnucke betreut. Spätestens von diesem Zeitpunkt an gilt die Weiße Gehörnte Heidschnucke als eigenständige Rasse.

Schon damals wurde in der Zuchtzielbeschreibung auf die Bedeutung der Heidschnucke für die Landschaftspflege hingewiesen. Damals gab es im Weser-Ems-Gebiet noch ausgedehnte Heide- und Moorflächen. Die genügsamen Schnucken kamen mit dem kargen Standort zurecht und der Schafdung aus der winterlichen Stallhaltung wurde auf die hofnahen Flächen verbracht und trug durch die Humusbildung zum Aufbau der wertvollen Eschböden bei. Die Rasse hatte nie ein zusammenhängendes Zuchtgebiet. Viele Herden sind bis heute über das gesamte Weser-Ems-Gebiet verteilt. Auch in Ostfriesland hat es immer schon Weiße Gehörnte Heidschnucken gegeben.

Einen weiteren Schwerpunkt der Zucht gab es in Cloppenburg. Dort fand bis 2007 die jährliche Kör- und Absatzveranstaltung für Heidschnucken und weitere Landschafrassen statt. Seit 2008 wird in Sulingen der Niedersächsische Landschaftag durchgeführt. An dieser Kör- und Absatzveranstaltung können sich Züchter der Weißen Hornlosen und Gehörnten Heidschnucke aus dem gesamten Bundesgebiet beteiligen.

Zur Landschaftspflege eingesetzt wird die Rasse in folgenden Gebieten: Hahnenmoor, Thülsfelder Talsperre, Bockholter- und Vreeser Dose, Engdener Wüste, Fehntjer Tief, Klostermoor und in weiteren wertvollen Biotopen. Die Heidschnucken werden also überwiegend in der Landschaftspflege oder auf extensivem Grünland gehalten, die Mutterschafe sind fast ganzjährig draußen und die Lämmer wachsen sehr langsam bei Tageszunahmen von 100 – 200g. Das Fleisch der Heidschnucken ist sehr zart und hat aufgrund der extensiven Haltungs- und Fütterungsbedingungen einen wildbretähnlichen Geschmack. Unter Feinschmeckern gilt Heidschnuckenfleisch als Delikatesse und es ist bedauerlich, dass ein großer Teil dieses vorzüglichen Fleisches in den allgemeinen Kanälen untergeht.

1.1 Linien

In Weser-Ems haben gekörte Böcke immer Namen bekommen. Im Grund gibt es nur die S und die T-Linie als reine WGH- Blutlinie. Um 1995 wurden 2 Isländerböcke aus Dänemark importiert und männliche Nachkommen begründeten die I-Linie. Die Nachkommen waren schwerer als die der alten Linien und Zuchttiere ließen sich gut verkaufen, vor allem an die Halter, die vom Lammfleischverkauf leben mussten. Unser Hauptzüchter Rolfes aus Bösel (siehe Sambraus, Gefährdete Nutztierrassen) hat nie I-Böcke eingesetzt. Die Wolle war feiner und entsprach nicht der typischen Schnuckenwolle, aber viel schlimmer waren die Pig-

mentierungen an den unbewollten Körperteilen. Aufgrund der braunen Flecken und aufgrund häufiger Fundamentmängel (die dünnen Schnuckenbeine konnten das größere Gewicht offensichtlich nicht tragen) wurden Böcke häufig schlecht bewertet oder gar nicht gekört. Rolfes selber hat die H-Linie (h von hornlos) begründet, in dem er einen gehörnten Bock aus der Zucht WHH eingesetzt hat und erst nachdem sich die Eigenschaft “Gehörnt“verfestigt hatte, wurden Böcke zur Körung aufgetrieben und an andere Züchter verkauft.

Vor einigen Jahren hat Heftrich-Beckers ebenfalls einen gehörnten Bock der Rasse Weiße hornlose Heidschnucke (WHH) eingesetzt, das war Moorle, der Begründer der M- Linie (M von Moorschnucke). Anschließend hat sie noch mal 20 weibliche Weiße Hornlose Heidschnucken ins Vorbuch der Weißen Gehörnten Heidschnucke eintragen lassen. Über die sog. Aufstiegsregelung wachsen deren Nachkommen ins Hauptherdbuch. Die Hereinnahme von Genen einer fremden Rasse ist heute tierzuchtrechlich nur noch eingeschränkt möglich. Man muß Nachkommen immer ins Vorbuch eintragen und erst, wenn Eltern und Großeltern in der Hauptabteilung eingetragen sind, darf ein Zuchtbock gekört werden.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht

- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt. Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssys-

tem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Die Weiße Gehörnte Heidschnucke gehört zur Gruppe der kurzschwänzigen, nordischen Heideschafe. Es ist ein genügsames mischwolliges Landschaf und für die Beweidung von Heide- und Moorflächen besonders geeignet. Die Farbe ist weiß und ohne Abzeichen. Der lange, keilförmige Kopf trägt schneckenförmige Hörner bei den Böcken und sichelförmig nach hinten gebogene Hörner bei den weiblichen Tieren. Die Hörner dürfen bei beiden Geschlechtern nicht eng am Kopf stehen, um Beschädigungen des Kopfes zu vermeiden. Das mischwollige Vlies soll rein weiß und gleichmäßig ausgebildet sein. Das äußere Vlies besteht aus grobem Oberhaar, das innere Vlies aus feinerem, weichem Unterhaar. Kopf, Beine und der kurze Schwanz sollen unbewollt und weiß behaart sein. Kleine Pigmentflecken an

Kopf und Beinen sind zulässig. Die Brunst ist saisonal, die Erstzulassung erfolgt im Alter von 10 bis 18 Monaten, je nach Fütterungs- und Haltungsbedingungen. Sehr gute Muttereigenschaften und eine leichte Lammung sind weitere Kennzeichen dieser Rasse.

Tabelle 1: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	70-80	3,5		65-70	
Jährlinge	60-70	3,0			
Lammböcke					
Mutterschaf	40-50	1,8	100-120	60-65	
Zuchtlämmer	30-40	2,0			

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Schlachtlämmern im Bereich von 180-230 g, das handelsübliche Lebendgewicht bei rund 30-34 kg.

3.1 Zuchtziel

Züchtung eines genügsamen, widerstandsfähigen und zur Landschaftspflege besonders geeigneten Landschafes. Erwünscht ist ein fettarmer Schlachtkörper, der qualitativ hochwertiges Fleisch liefert. Durch korrekte Ausbildung von Fundament und Klauen wird eine gute Marschfähigkeit erreicht.

4 anerkannte Züchtervereinigungen

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.
Haydnstraße 11
80336 München
Tel.: 089 / 53 62 27
Email: bhg-schafzucht@t-online.de
www.bhg-schafzucht.de

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
Kölnische Str. 48 - 5
34117 Kassel
Tel.: 0561/16984
Email:
www.schafe-hessen.de

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/329777
Email: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de
schafzucht-niedersachsen.de

Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.
Angerstr. 6
06118 Halle
Tel.: 0345/5214941
Email: roesler@lkv-st.de

Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.
Mars-la-Tour-Str. 6
26121 Oldenburg
Tel.: 04 41-8 21 23
Email: LSV@LWK-Niedersachsen.de
www.schafzuchtverband-weser-ems.de

Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.
Peter-Klöckner Str. 3
56073 Koblenz
Tel.: 0261/91593231
Email: rainer.wulff@lwk-rlp.de

Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431/332608
Email: info@schafzucht-kiel.de
www.schafzucht-kiel.de

Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.
Bleichstr. 41
33102 Paderborn
Tel.: 05251-32561
Email: schafzuchtverband@lwk.nrw.de
www.schafzucht-nrw.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

Interessengemeinschaft Weiße Gehörnte Heidschnucke
26121 Oldenburg
Email: info@schafzuchtverband-weser-ems.de
www.schafzuchtverband-weser-ems.de

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Der Schwerpunkt der Zucht liegt in Weser-Ems, wo über 50% der Elterntiere gefunden werden. Daneben hat sich auch in Schleswig-Hosltein ein nördliches Zuchtgebiet etabliert (siehe 2).

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
Weser-Ems	24	656
SH-S	10	33
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	1	15
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	3	51
SZV NRW e.V.	8	119
LSV Niedersachsen	2	102
Hessen	1	21
BHG	5	31
Gesamt(Alle Verbände)	54	1028

[a]für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

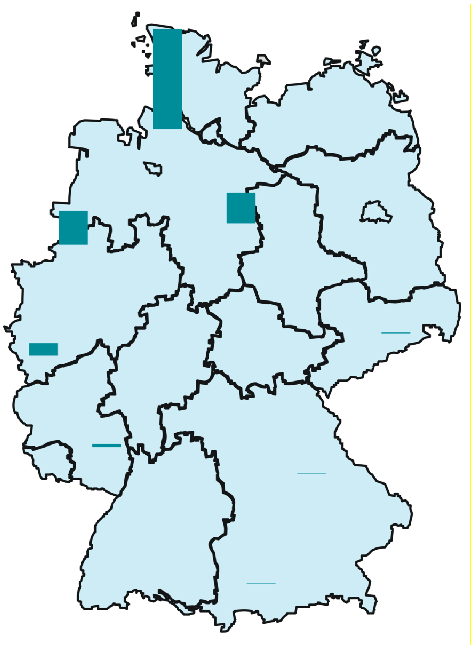
Regional sind die Schwerpunkte der Zucht in den Postleitzahlbezirken 2 bis 4 im Nordwesten der Republik zu finden (siehe Tabelle 3 und Abbildung 1).

Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
5	0
576	2
167	3
213	4
80	5
18	6
1	7
2	8
5	9

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



6.2 Herdenstruktur

Aus den Tabellen 4 und 5 wird deutlich, dass die aktiven Zuchtherden hauptsächlich in dem Ursprungszuchtgebiet zu finden sind.

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	BHG
2	Hessen
2	LSV Sachsen-Anhalt e.V.
4	LSV Niedersachsen
4	Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz
5	SZV NRW e.V.
12	SH-S
17	Weser-Ems
47	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
1	0
21	2
7	3
9	4
5	5
2	6
1	8
1	9
47	gesamt

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

In Tabelle 6 wird deutlich, dass die Zucht starkt in kleineren Beständen betrieben wird. Daneben bilden aber auch einige wenige grössere Bestände mit über 100 Tieren einen züchterischen Schwerpunkt.

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
11	1 bis 9
17	10 bis 19
8	20 bis 29
5	30 bis 39
2	40 bis 49
1	50 bis 59
1	80 bis 89
2	100 und mehr

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

In Tabelle 7 kann aus den Anzahl Ablammungen ein postiver Trend in der Zuchtaktivität gefunden werden, der sich leicht schwankend auf ca 600 Ablammungen je Jahr eingependelt

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	332	448	21	18	116
2001	408	539	22	22	141
2002	439	623	13	13	137
2003	455	506	9	16	129
2004	517	566	11	19	150
2005	560	682	18	16	144
2006	583	745	24	23	154
2007	578	760	17	26	179
2008	665	818	18	28	219
2009	576	665	25	20	251
2010	611	787	53	40	233
2011	708	933	3	26	322
2012	662	853		22	184

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

hat.

Tabelle 8: Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein

	Anzahl			
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2001	3	6		
2002	14	27		
2003	21	32		
2004	28	46		17
2006	53	75		
2007	30	54		70
2008	11	18		30
2009	12	16		
2010	56	67		2
2011	47	76		

In Tabelle 9 ist die Entwicklung der Untersuchungen im Rahmen des TSE-Resistenzuchtprogramms dargestellt. Der Anzahl der Untersuchungen sind schwankend über die Jahre gleichbleibend.

Tabelle 9: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	33	36.4	12	36.4	12	-	-	-	-	3.0	1	12.1	4
2001	27	18.5	5	48.1	13	-	-	-	-	-	-	29.6	8
2002	34	20.6	7	44.1	15	2.9	1	-	-	-	-	29.4	10
2003	83	20.5	17	47.0	39	-	-	-	-	3.6	3	27.7	23
2004	58	19.0	11	55.2	32	-	-	-	-	1.7	1	24.1	14
2005	66	37.9	25	42.4	28	-	-	-	-	-	-	19.7	13
2006	97	22.7	22	61.9	60	-	-	-	-	1.0	1	14.4	14
2007	87	35.6	31	44.8	39	-	-	-	-	-	-	19.5	17
2008	59	52.5	31	44.1	26	-	-	-	-	-	-	3.4	2
2009	59	25.4	15	64.4	38	-	-	-	-	-	-	10.2	6
2010	78	55.1	43	37.2	29	-	-	-	-	-	-	7.7	6
2011	36	25.0	9	66.7	24	-	-	-	-	-	-	8.3	3
2012	43	53.5	23	41.9	18	-	-	-	-	-	-	4.7	2

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 10 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 11 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990.

Die Anzahl geborener und registrierter Tiere der Rasse „Weiße Gehörnte Heidschnucke “ nimmt seit 1990 kontinuierlich zu. Dies dürfte in erster Linie ein Erfassungseffekt sein, d.h. es werden mehr geborene Tiere registriert. Aufgrund des Verhältnisses der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 10 ist nach wie vor davon auszugehen, dass zumindest nicht alle geborenen männlichen Lämmer in den Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden.

Laut Tabelle 11 wird die Rasse vor allem in Niedersachsen gehalten. Daneben finden sich noch größere Tierzahlen (>500) in Bayern und Nordrhein-Westfalen.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 12 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 12 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Aus Tabelle 12 ist ersichtlich, dass von 73 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 48 und von 797 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 686 leben.

48 noch lebende Schafböcke und 686 noch lebende Mutterschafe, geboren 2005 – 2010, bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring der Weißen Gehörnten Heidschnucke.

Tabelle 10: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	77	157
1991	133	211
1992	179	302
1993	215	328
1994	254	364
1995	241	425
1996	250	429
1997	264	425
1998	222	356
1999	244	319
2000	231	391
2001	291	340
2002	305	394
2003	197	360
2004	243	385
2005	296	437
2006	343	473
2007	336	496
2008	360	503
2009	320	374
2010	376	446
2011	441	520

Tabelle 11: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	100
LSV Niedersachsen	800
Weser-Ems	4.444
SZV NRW e.V.	725
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	43
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	127
SH-S	129
BHG	908

Tabelle 12: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	296	437	12	109	4	65
2006	343	473	18	140	12	103
2007	336	496	15	182	7	163
2008	360	503	10	201	9	193
2009	320	374	9	126	7	123
2010	376	446	9	39	9	39
Gesamt	2.031	2.729	73	797	48	686

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 13 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 14 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 13 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 14 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 15 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 15 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 44 von 48 Böcken (=92%) und 487 von 686 Mutterschafen (=71%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Dieser Anteil an Tieren mit ausreichenden Abstammungsinformationen für das Monitoring ist bezogen auf andere Schafrassen knapp durchschnittlich zu bewerten. Die verbleibende Monitoring Population C der Leineschafe umfasst dann 1.495 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen).

Im Maximum sind bis zu 10 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert. Im Regelfall aber wesentlich weniger.

Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1981	1	0.00	1	0.00
1983	0	0.00	1	0.00
1984	1	0.00	4	0.06
1985	1	0.30	7	0.00
1986	1	0.00	6	0.00
1987	1	0.00	13	0.00
1988	4	0.00	17	0.03
1989	5	0.00	18	0.00
1990	7	0.04	25	0.06
1991	10	0.10	17	0.12
1992	6	0.41	24	0.16
1993	6	0.37	33	0.31
1994	8	0.38	18	0.38
1995	6	0.39	36	0.38
1996	13	0.48	47	0.44
1997	3	0.66	32	0.58
1998	5	0.51	43	0.60
1999	13	0.69	37	0.55
2000	9	0.72	61	0.56
2001	9	0.83	37	0.68
2002	10	0.81	49	0.77
2003	12	0.81	81	0.77
2004	13	0.84	71	0.74
2005	12	0.95	84	0.82
2006	17	0.81	115	0.89
2007	12	0.90	140	0.93
2008	10	0.90	142	0.95
2009	7	0.96	99	0.92
2010	9	0.94	25	0.94

Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (1495 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	44	0.95	487	0.94
2	46	0.80	315	0.78
3	51	0.67	214	0.52
4	29	0.49	137	0.36
5	25	0.21	76	0.23
6	9	0.16	34	0.12
7	3	0.15	16	0.00
8	3	0.10	2	0.00
9	1	0.00	2	0.00
10	0	0.00	1	0.00
Gesamt	211		1284	

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

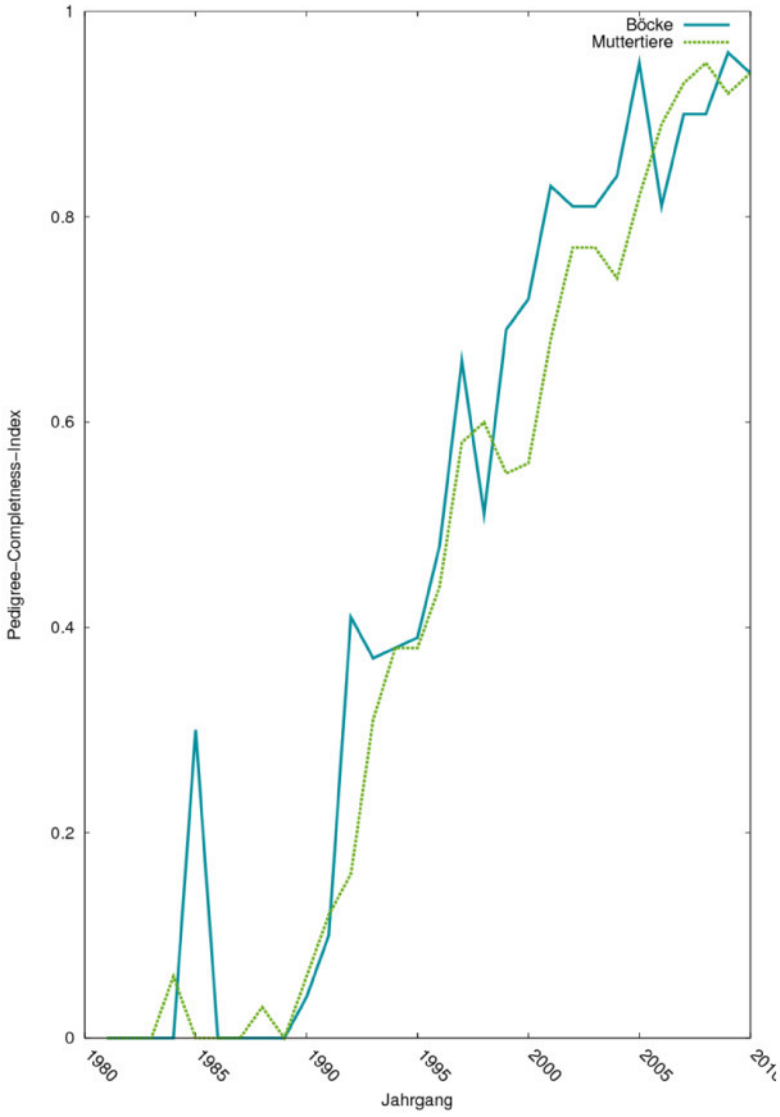


Tabelle 15: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (531 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	3	0.95	41	0.93
2006	10	0.91	71	0.94
2007	7	0.97	113	0.95
2008	8	0.96	138	0.95
2009	7	0.96	99	0.92
2010	9	0.94	25	0.94
Gesamt	44		487	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 16 und die Muttertiere (Tabelle 17) ausgewiesen. Da keine fremdrassigen Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern der Weißen Gehörnten Heidschnucke registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) kein Fremdgenanteil festzustellen.

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Weiße Gehörnte Heidschnucke	sonstige	unbekannt
2005	3	1.29	100.00	0.00	0.00
2006	10	9.80	100.00	0.00	0.00
2007	7	4.65	100.00	0.00	0.00
2008	8	4.80	100.00	0.00	0.00
2009	7	5.81	100.00	0.00	0.00
2010	9	4.90	100.00	0.00	0.00
Ges.	44	5.85	100.00	0.00	0.00

Tabelle 17: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Weiße Gehörnte Heidschnucke	sonstige	unbekannt
2005	41	5.24	100.00	0.00	0.00
2006	71	6.12	100.00	0.00	0.00
2007	113	4.96	100.00	0.00	0.00
2008	138	5.08	100.00	0.00	0.00
2009	99	4.72	100.00	0.00	0.00
2010	25	4.16	100.00	0.00	0.00
Ges.	487	5.10	100.00	0.00	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),

4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 18 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert.

Tabelle 18: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	44	3.03
Mutter auf Vater	44	3.66
Vater auf Mutter	487	3.15
Mutter auf Mutter	487	3.95

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.45 Jahre

Abgeleitet aus dem Alter der Eltern der Monitoring-Ausgangspopulation C ist ein ziemlich einheitliches mittleres Generationsintervall auf der Vater- und Mutterseite zu beobachten. Die Väter sind generell etwas jünger als die Mütter bei Geburt ihrer Nachkommen.

Die Böcke haben etwas jüngere Eltern als die Mutterschafe. Insgesamt liegt das mittlere Generationsintervall mit 3.45 Jahren und liegt damit unter dem entsprechenden Wert über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre).

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs (ΔF)** kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

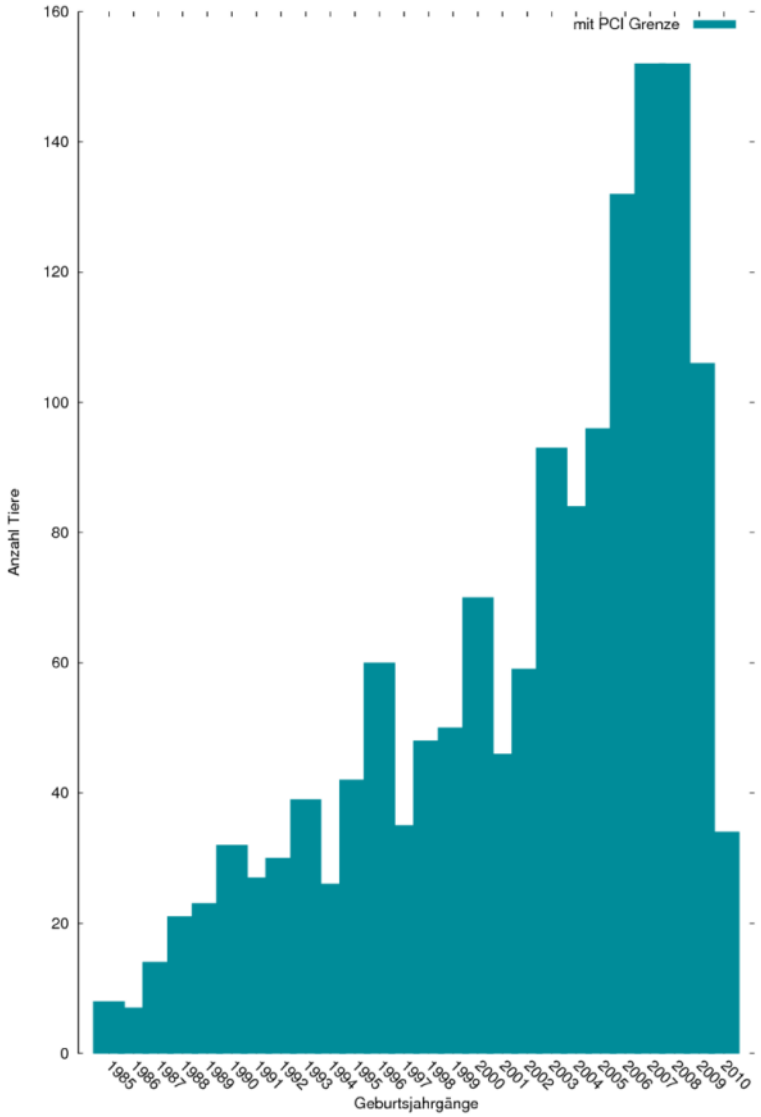
Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $>$ 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $>$ 0,70 der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen bei vielen Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann bei den Weißen Gehörnten Heidschnucken auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden.

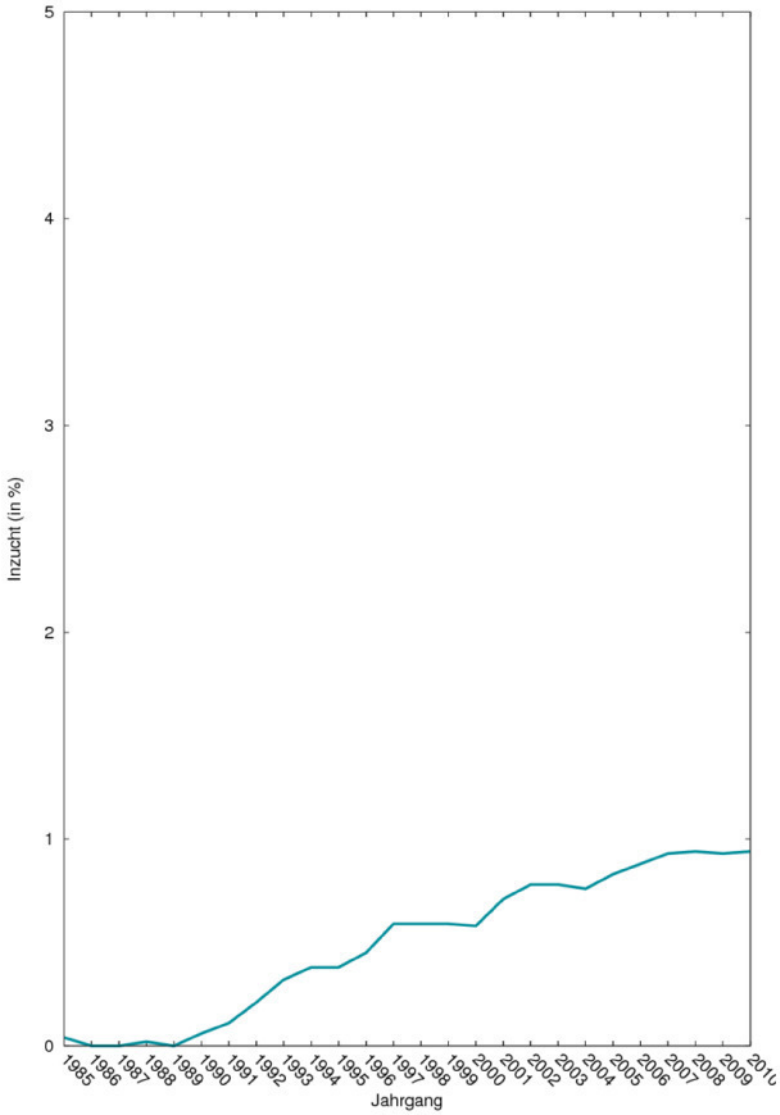
Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation



Daher resultiert ein überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von N_e = 333. Aufgrund der unzulänglichen Daten scheint die beschriebene Methodik bei dieser Rasse nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Mittl. Generationsintervall : 3.45 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 333.17

Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Weiße Gehörnte Heidschnucke)



7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 19 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 20 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet.

Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 35, berechnet aus 119 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 19, weist auf eine wesentlich engere Blutführung und genetische Variabilität hin als der Wert der effektiven Populationsgröße. Lt. Tabelle 20 haben 11 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation. Auffällig dabei ist, dass darunter mehr weibliche Tiere zu finden sind als männliche. 4 Founder haben sogar einen Genanteil von über 5% in der aktiven Zuchtpopulation.

Tabelle 19: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	119	47	51
Anzahl effektive Foundertiere	35		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig

sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 21 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet.

Die Kennzahl effektive Ahnen, $f_a = 21$ weist noch deutlicher auf die Überschätzung von Ne hin. Es sind 12 dominante Ahnen ($> 2\%$ Genanteil), in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 21). Durch den wichtigsten Ahnen (Genanteil $> 15\%$), ein 1992 geborener Bock, und seine Nachkommen dürfte eine ziemlicher „Bottle Neck“ - Effekt entstanden sein.

Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen damit auf eine bereits erheblich eingeschränkte genetische Variabilität in der Rasse hin.

Tabelle 20: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
WE31/11598	14.03.1985	weiblich	7.78
WE31/6128	06.04.1994	männlich	6.82
WE31/11731	15.03.1987	weiblich	5.10
WE31/5809	15.02.1990	männlich	5.02
WE31/11939	20.03.1988	weiblich	4.57
WE31/5873	21.02.1991	männlich	4.57
WE31/11766	18.03.1987	weiblich	3.37
WE31/12094	21.03.1989	weiblich	3.08
WE31/11265	27.03.1979	weiblich	2.79
WE31/12089	02.04.1989	weiblich	2.70
WE31/11769	02.03.1987	weiblich	2.07
WE31/NSK172	05.04.1991	männlich	1.90
WE31/11684	24.03.1986	weiblich	1.88
0991225652	20.03.1987	männlich	1.65
WE31/13269	01.01.1994	weiblich	1.56
WE31/12429	28.03.1991	weiblich	1.45
WE31/11334	10.03.1981	weiblich	1.43
WE31/5464	12.03.1984	männlich	1.43
WE024330	10.05.2004	männlich	1.25
WE31/11907	10.03.1988	weiblich	1.22
WE31/11596	02.04.1985	weiblich	1.16

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
WE31/11648	08.03.1986	weiblich	1.14
WE31/11940	13.03.1988	weiblich	1.11
WE31/12297	18.01.1990	weiblich	1.07
WE31/12161	15.02.1990	weiblich	1.02
WE31/11921	22.03.1988	weiblich	0.98
WE31/5808	20.01.1990	männlich	0.98
WE31/5814	05.03.1990	männlich	0.98
096390002	15.04.1988	weiblich	0.96
WE31/12440	01.01.1989	weiblich	0.85
WE31/11685	08.03.1986	weiblich	0.76
WE31/12905	19.03.1993	weiblich	0.71
WE31/12270	27.02.1990	weiblich	0.68
WE31/12088	18.03.1989	weiblich	0.67
WE31/12296	22.03.1990	weiblich	0.66
WE31/11771	22.03.1987	weiblich	0.65
WE31/5732	19.03.1989	männlich	0.65
WE31/11446	10.04.1983	weiblich	0.62
WE31/12269	13.04.1991	weiblich	0.62
WE31/5727	02.02.1989	männlich	0.61
WE31/5940	07.03.1991	männlich	0.61
WE31/5807	13.01.1990	männlich	0.60
096390001	15.04.1988	weiblich	0.57
WE31/12402	26.03.1990	weiblich	0.57
WE31/12058	31.03.1989	weiblich	0.56
WE31/12167	01.04.1990	weiblich	0.53
WE31/5801	17.03.1989	männlich	0.53

Anzahl effektiver Ahnen : 21

Tabelle 21: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
WE31/6012	05.03.1992	männlich	e 15.6
WE31/6128	06.04.1994	männlich	e 6.8
WE31/6256	17.03.1996	männlich	e 6.2
WE31/6089	29.03.1993	männlich	e 5.5
WE31/5954	13.03.1992	männlich	e 4.4
WE31/6416	20.03.1998	männlich	e 3.6
WE31/6337	21.03.1997	männlich	e 2.8
WE31/6014	10.03.1992	männlich	e 2.7
WE31/11731	15.03.1987	weiblich	e 2.5
WE31/12874	22.02.1993	weiblich	e 2.5
WE31/5531	22.03.1985	männlich	e 2.3
0937050761	11.03.2003	männlich	e 2.1

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 22 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern.

Die mittlere Verwandtschaft (4,43%) der 48 noch lebenden Vatertiere zu den 686 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation (Ausgangselternpopulation B) weist ebenfalls auf eine erhebliche Blutlinienverengung hin. Praktisch sind alle Väter mit fast allen Muttertieren bereits irgendwie verwandt. Durch gezielte Anpaarung kann damit die Inzuchtzunahme kaum vermieden sondern nur noch möglichst gering gehalten werden.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 4.43 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 48
Anzahl verfügbare Mütter: 686

Tabelle 22: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE010310041476	14.06	8.11	65.43	578	10
DE010510136791	1.73	7.15	55.32	579	38
DE010310063721	10.33	6.72	59.36	564	27
WE024315	0.67	6.65	61.76	566	28
DE010310526987	4.20	6.63	56.95	566	23
DE010310475918	5.86	6.31	57.46	566	10
DE010310868584	8.52	6.26	59.70	566	4
DE010310526957	0.52	5.92	54.45	566	17
DE010310063743	2.40	5.92	52.92	564	21
DE010310063729	3.48	5.81	56.02	564	36
WE020518	0.33	5.59	54.29	564	19
DE010310868606	5.02	5.42	30.76	566	5
DE010310348070	2.88	5.39	54.41	564	28
DE010310288910	3.17	5.33	37.54	564	9
WE024321	0.00	5.21	47.81	578	16
DE010310348125	4.28	5.15	56.45	578	13
DE010310585196	2.67	5.09	53.88	564	6
DE010310041466	0.00	5.04	55.22	565	26
DE010310475914	1.57	4.96	36.21	578	11
DE010310288859	4.74	4.91	61.36	564	11
DE010310660922	4.81	4.78	55.10	566	11

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE010310063805	5.41	4.76	53.84	564	12
DE010310769159	1.00	4.71	52.58	579	19
WE022010	5.57	4.69	39.15	564	7
WE022009	4.09	4.67	61.67	578	15
DE010310863435	12.92	4.61	62.92	564	16
DE010310853601	1.94	4.57	33.93	578	2
DE010510120608	2.20	4.38	53.12	566	14
DE010310868588	0.76	4.32	50.76	566	7
DE010310526972	5.22	4.18	55.62	565	16

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist relativ über alle Schafrassen gesehen durchschnittlich, und damit für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) kaum geeignet. Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher überschätzt.
- Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen entspricht besser der Realität und weist auf eine erheblich eingeschränkte genetische Varianz in der Rasse hin.
- Nach diesen Zahlen wären züchterische Maßnahmen einzuplanen, um die genetische Variabilität in der Rasse gezielt zu erhalten. Hier wäre in erster Linie an den systematischen Austausch von Vatertieren zwischen Herden zu denken. Diese Vatertiere sollten jeweils eine möglichst niedrige Verwandtschaft zur Ziel-/Einsatzherde aufweisen.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- WEISSE HORNLOSE HEIDSCHNUCKE -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

Service & Daten aus einer Quelle

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **6**

2.1 Leistungsprüfungen 7

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 7

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 10

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 10

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 10

2.3 Zuchtwertschätzung 11

2.4 Selektion 11

3 Rassebeschreibung **12**

3.1 Zuchtziel 13

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **13**

5 Rassedachverbände oder Vereine **15**

6 Informationen aus dem Herdbuch **15**

6.1 Verteilung auf Verbände 16

6.2 Herdenstruktur 17

6.3 Kennzahlen der Zucht 18

7 Populationsanalyse **21**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 21

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 23

7.3 Genanteile 27

7.4 Mittleres Generationsintervall 28

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 29

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 33

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 35

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 37

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 17

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 26
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 31
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Weiße Hornlose Heidschnucke) 32

Tabellenverzeichnis

1 Leistungsspektrum 12
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände 16
3 Verteilung der Tiere auf Regionen 16
4 Anzahl Herden in den Verbänden 17
5 Verteilung der Herden auf Regionen 18
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 18
7 Entwicklung der Zucht 19
8 Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein 19
9 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 20
10 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 22
11 Verteilung auf Verbände 22
12 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 23
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 25
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (4489 Tiere) 27
15 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1381 Tiere) 27
16 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 28
17 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 28
18 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 29
19 Kennzahlen zu Foundertieren 33
20 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 34
21 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 35
22 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 36

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(Mathias Brockob, 2012)

Die Herkunft der Weißen Hornlosen Heidschnucke lässt sich nicht eindeutig belegen. Meist wird in der Literatur nur von der Heidschnucke gesprochen. Alle Heidschnuckenrassen gehören zur Gruppe der kurzschwänzigen nordischen Heideschafe. 1859 wird in verschiedenen Publikationen erstmals auch von weißen Heidschnucken gesprochen. Diese scheinen teilweise auch hornlos gewesen zu sein. Es gab Empfehlungen für die Einkreuzungen mit Oldenburger Marschschafen, Leine- und Bentheimer Landschafen. Dies führte wahrscheinlich auch dazu, dass zu dieser Zeit die Weißen Hornlosen Heidschnucken höhere Gewichte als die Grauen Gehörnten aufwiesen.

1905 wurde in den Eliteherden der Landwirtschaftskammer für die Provinz Hannover zwischen weißen und dunklen Heidschnucken unterschieden. Es wird vermutet, dass es sich bei diesen weißen Heidschnucken um hornlose Tiere handelte. In den Herden des Freiherrn von Lepel (Freistatt) wurden ca. 700 Mutterschafe gehalten. Gelegentlich auftretende gehörnte Schafe wurden von der Zucht ausgeschlossen.

Nach dem 1. Weltkrieg nahmen die Weißen Hornlosen Heidschnucken stark zu. 1919 wurden 57815 graue und 111219 weiße Schnucken gezählt. Am 09.11.1921 wurde auf Gut Stelle (Böhling) die erste Herdbuchherde der Weißen Hornlosen Heidschnucken vom Stader Schafzuchtverband anerkannt. Ab 1922 wird eine eigene Abteilung im Verband der Schafzuchtvereine für den Regierungsbezirk Stade geführt. Die damalige Zuchtzielbeschreibung entsprach schon weitestgehend der Heutigen. Zu dieser Zeit sollen 60 Böcke und 300 Mutterschafe registriert gewesen sein.

Die Weiße Hornlose Heidschnucke war vornehmlich in den Moor- und Geestgebieten der Region Bremervörde, Rotenburg, Verden, Nienburg, Diepholz, Osnabrück bis Oldenburg beheimatet. Im Jahr 1936 betrug der Anteil Weißer Hornloser Heidschnucken am Gesamtschafbestand in den Kreisen Grafschaft Diepholz 94 %, Nienburg 52 %, Bremervörde 66 %, Rotenburg/ Hannover 79 % und Verden 38 %.

Die Veränderungen in der Landwirtschaft (Düngung, Maschinen) verdrängten die Heidschnucken aus ihrem ursprünglichen Lebensraum, da der Schafmist und die Beweidung als Kultivierungsmöglichkeit ihre einzigartige Bedeutung verloren. Um 1940 gab es nur noch rund 100 000 Heidschnucken. Mit fortschreitender Intensivierung der Acker- und Grünlandnutzung auf den leichten und anmoorigen Böden wurde die Haltung Weißer Hornloser Heidschnucken, zumal wenn noch ein Schäfer entlohnt werden musste, wegen mangelnder Rentabilität aufgegeben.

Anfang der 1960er fand noch eine Körung in Freistatt statt. Trotz der fehlenden Eintragungen in den Folgejahren hatten die beiden letzten Stammzüchter, Böhling und Rohlfs, 1970 noch ca. 250 Mutterschafe. Diese bildeten die Grundlage für die weitere Herdbuchzucht im Landesschafzuchtverband in Hannover. Ab 1974 wurden wieder Körungen durchgeführt. Besonders die Eignung zur Beweidung von Mooren und Feuchtgebieten sorgte in der Folgezeit für viele Neugründungen von Schäfereien und führte zu einer kräftigen Aufstockung des Bestandes. Eine zunehmende Anzahl von Hobby- und Kleinschafhaltungen unterstützte diesen Trend. Auch in anderen Bundesländern wurde die Vorzüglichkeit der Weißen Hornlosen Heidschnucken in der Moor- und Feuchtgebietpflege erkannt und Schäfereien gegründet. Die Schafe stehen beim Fressen teilweise schon im Wasser und springen gar auf kleine Inseln im Wasser. Der Beiname „Moorschnucke“ wurde aufgrund der guten Anpassung an Feuchtgebiete gebräuchlich.

Es zeigt sich, dass auch während einer über Jahrzehnte gehenden engen Zucht keine relevanten Inzuchtschäden bei dieser Rasse aufgetreten sind. Allerdings wurden Anfang der ´70 Jahre des letzten Jahrhunderts 4 weiße gehörnte Böcke als neue Linienbegründer eingesetzt, um eine Verbreiterung der Zuchtbasis zu gewährleisten. Alle in früheren Jahren durchgeführten Versuche zur Verbesserung der Leistungen durch Einkreuzungen hatten gezeigt, dass dies eine Erhöhung der Ansprüche mit sich brachte bzw. die ausschließliche Beweidung von extensiven Feuchtgebieten nicht mehr möglich war.

Obwohl es sich um eine ausgesprochene Naturrasse handelt, ist die Schnucke nicht spätreif. Sie kann bei guter Jugendentwicklung und gesicherter, weiterer guter Versorgung schon im Alter von 7 bis 8 Monaten erstmals zugelassen werden. Unter extensiven Bedingungen wie der reinen Moorbeweidung sollte die Bedeckung jedoch erst mit etwa 1,5 Jahren erfolgen. Ende Mai bis Anfang Juni werden die Schnucken geschoren. Zu dieser Zeit muss die Schur vorgenommen werden, weil sich später die Wolle vom Tier löst und es zu einer stärkeren Verfilzung kommt.

Ab 1978 wurde eine jährliche Auktion auf Gut Stelle, die ab 1999 nach Sulingen verlegt wurde, durchgeführt. Seit 1997 können Böcke aus anderen Landesverbänden zu dieser Auktion aufgetrieben werden, die sich in den letzen Jahren zum Niedersächsischen Landschaftag entwickelt hat.

2010 wurden von 18 Herdbuchzüchtern im LSV Niedersachsen wieder über 1800 eingetragene Zuchttiere gehalten. Die Weiße Hornlose Heidschnucke hatte damit in diesem Zuchtverband die zahlenmäßig größte Herdbuchpopulation. Auch in vielen anderen Bundesländern und im Ausland sind heute Tiere dieser Rasse zu finden. Jan Teerling erhielt 2009 den Niedersächsischen Staatsehrenpreis für hervorragende Leistungen in der Tierzucht für seine Verdienste um den Erhalt der Weißen Hornlosen Heidschnucke.

Heute hat die Moorschnucke im Rahmen des Naturschutzes und der Landschaftspflege bei der Erhaltung natürlicher Lebensräume in Mooren und Feuchtgebieten wieder große Bedeutung erlangt und leistet hier unschätzbare Dienste für die Allgemeinheit. Die Vermarktung erfolgt u.a. über das EU-geschützte Ursprungzeichen und über das beim Patentamt eingetragene Warenzeichen „Diepholzer Moorschnucke“.

Quellen

Schmidt, Heinz: Weiße Hornlose Heidschnucke – Kleinste Schafrasse mit großer Bedeutung, Deutsche Schafzucht 18/1981

Sambraus,H.H.:Gefährdete Nutztierrassen, Ulmer Verlag Stuttgart 1994

Coldewey, Heiner: Schnucken,Schnick Schnack, vorwiegend in weiß, 2000

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.; Jahresberichte u.a.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw.

Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht

- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht
- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt.

Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssystem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Muster-

zuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Die Weiße Hornlose Heidschnucke gehört zur Gruppe der kurzschwänzigen, nordischen Heideschafe. Es ist ein kleinwüchsiges mischwolliges Landschaf, das von den besonderen Verhältnissen der feuchten Moor-Heidelandschaft geprägt wurde. Es kann sich von Heidekraut und Moorgräsern und -kräutern sowie Birkenaufwuchs ernähren. Beide Geschlechter sind ungehörnt. Kleiner, länglicher Kopf mit kleinen, schräg aufwärtsstehenden Ohren. Sehr feiner Knochenbau, feste Klauen. Die Farbe ist weiß und ohne Abzeichen. Der Kopf ist unbewollt, kann aber auch einen kleinen Wollschopf (Schaupe) tragen. Sehr gute Muttereigenschaften und leichte Lammungen sind rassetypisch. Das mischwollige Vlies soll rein weiß und gleichmäßig ausgebildet sein. Das äußere Vlies besteht aus grobem Oberhaar, das innere aus feinem, weichem Unterhaar. Das Vlies soll möglichst dicht und langgewellt den Körper bedecken, ein rundlockiges Vlies ist unerwünscht. Es ist auf eine ausreichende Bauchbewollung zu achten. Beine und der kurze Schwanz sollen weiß und unbewollt sein. Kleine Pigmentflecken an Kopf und Beinen sind zulässig.

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Schlachtlämmern im Bereich von 180 - 230 g, das handelsübliche Lebendgewicht bei rund 30-34 kg.

Tabelle 1: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	65-80	3,0-4,0		65-70	
Jährlinge	50-65	2,5-3,0			
Lammböcke					
Mutterschaf	40-50	1,7-2,5	100-120	60-65	
Zuchtlämmer					

3.1 Zuchtziel

Anspruchslos, widerstandsfähig, marschfähig, besonders zur Landschaftspflege in Feuchtgebieten und Mooren geeignet. Durch korrektes Fundament und feste Klauen wird eine gute Marschfähigkeit erreicht. Erstzulassung ab sechs Monaten möglich, je nach Entwicklungszustand. Saisonaler Brunstzyklus.

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Weiße Hornlose Heidschnucke:

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.
Haydnstraße 11
80336 München
Tel.: 089 / 53 62 27
Email: bhg-schafzucht@t-online.de
www.bhg-schafzucht.de

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
Kölnische Str. 48 - 50
34117 Kassel
Tel.: 0561/16984
Email:
www.schafe-hessen.de

Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.
Karow, Zarchliner Str. 7
19395 Plau
Tel.: 038738/73071
Email: schafzucht@rinderzucht-mv.de
www.schafzucht-mv.de

Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.
Heinrich-Baumann Str. 1-3
70190 Stuttgart
Tel.: 0711/16655-40
Email: Wohlfarth@schaf-bw.de
www.schaf-bw.de

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/329777
Email: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de
schafzucht-niedersachsen.de

Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.
Angerstr. 6
06118 Halle
Tel.: 0345/5214941
Email: roesler@lkv-st.de

Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.
Mars-la-Tour-Str. 6
26121 Oldenburg
Tel.: 04 41-8 21 23
Email: LSV@LWK-Niedersachsen.de
www.schafzuchtverband-weser-ems.de

Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.
Dillinger Str. 67
66822 Lebach
Tel.: 06881/928-201
Email: anton.schmitt@lwk-saarland.de

Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.
Steenbeker Weg 151
24106 Kiel
Tel.: 0431/332608
Email: info@schafzucht-kiel.de
www.schafzucht-kiel.de

Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.
Bleichstr. 41
33102 Paderborn
Tel.: 05251-32561
Email: schafzuchtverband@lwk.nrw.de
www.schafzucht-nrw.de

Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.
Neue Chaussee 6
14550 Groß-Kreutz
Tel.: 033 207 - 54 168
Email: info@szvbb.de

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Über 50% der Elterntiere sind im LSV Niedersachsen zu finden, der auch den Ursrpungszuchtverband bildet (vergl. Tabelle 2). Neben der Verbreitung in einigen weiteren Verbänden sind in Weser-Ems, Sachsen-Anhalt, Schleswig-Holstein und SZV NRW e.V. weitere Schwerpunkte zu finden.

Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
Saarland	2	35
Hessen	1	2
LSV Baden-Württemberg e.V.	2	56
Weser-Ems	8	280
LSZV MV	0	2
BHG	1	26
LSV Niedersachsen	34	1328
SH-S	2	80
SZV NRW e.V.	7	135
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	5	170
Gesamt(Alle Verbände)	62	2114

[a]für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

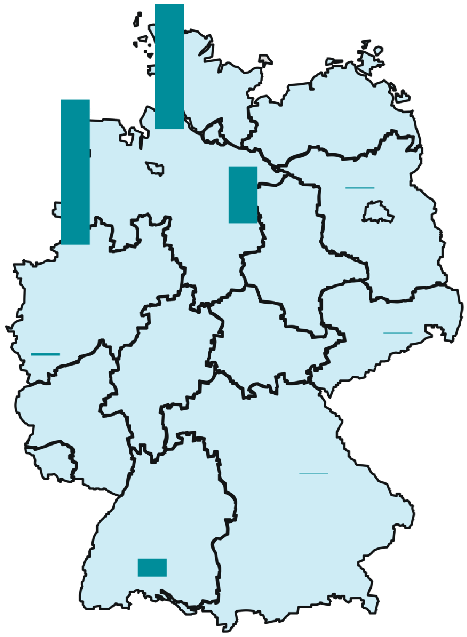
Regional ist die Zucht stark in Nordwesten Deutschlands vertreten. (siehe Tabelle 3 und Abbildung 1).

Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
4	0
6	1
1501	2
317	3
779	4
17	5
4	6
98	7
4	9

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken



6.2 Herdenstruktur

Die höchste Anzahl Zuchtherden sind im LSV Niedersachsen, gefolgt von SZV NRW e.V. Weser-Ems und Sachsen-Anhalt zu finden. Regional konzentrieren sich die Herden analog zu den Zuchttieren auf die Posleitzahlbezirke des Nordwestens 2,3 und 4 (siehe Tabellen 4 und 5

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	BHG
1	Hessen
1	LSV Baden-Württemberg e.V
1	LSZV MV
3	SH-S
5	LSV Sachsen-Anhalt e.V.
7	Weser-Ems
10	SZV NRW e.V.
16	LSV Niedersachsen
45	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
1	0
1	1
21	2
10	3
8	4
2	5
1	7
1	9
45	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Die Zucht erfolgt in Herden unterschiedlichster Grösse, wobei Herden bis zu 30 Tieren zahlmässig häufig vertreten sind (vergl. Tabelle 6) .

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
8	1 bis 9
10	10 bis 19
10	20 bis 29
3	30 bis 39
1	40 bis 49
3	50 bis 59
3	60 bis 69
1	70 bis 79
1	80 bis 89
1	90 bis 99
4	100 und mehr

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

Ab 2007 ist nach einer stabilen Phase ein leichter Abwärtstrend in den Anzahl Ablammungen zu verzeichnen (vergl. Tabelle 7).

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	1966	2431	43	48	653
2001	2059	2549	81	95	859
2002	2180	2664	82	35	580
2003	1961	2350	42	62	455
2004	2043	2489	60	55	669
2005	1998	2480	47	38	513
2006	2086	2567	44	43	423
2007	1825	2251	49	69	440
2008	1636	1985	23	93	502
2009	1673	2105	37	89	533
2010	1709	2118	39	95	556
2011	1642	2178	169	86	564
2012	1333	1751	39	14	363

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 8: Entwicklung der Zucht in Schleswig-Holstein

	Anzahl			
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2002	17	22		
2003	17	21		
2004	17	21		7
2005	17	21		3
2006	14	17		12
2007	14	17		15
2008	30	40		27
2009	30	39		42
2010	25	26		26
2011	34	38		15

In Tabelle 9 ist die Entwicklung der Untersuchungen im Rahmen des TSE-Resistenzuchtprogramms dargestellt. Der An zahl der Untersuchungen sind schwankend über die Jahren gleichbleibend.

Tabelle 9: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2000	80	3.8	3	40.0	32	-	-	-	-	-	-	55.0	44
2001	73	9.6	7	41.1	30	-	-	-	-	1.4	1	47.9	35
2002	130	6.2	8	46.2	60	-	-	-	-	0.8	1	46.9	61
2003	171	15.8	27	38.6	66	-	-	-	-	-	-	45.6	78
2004	294	16.7	49	54.8	161	0.3	1	-	-	-	-	28.2	83
2005	154	28.6	44	48.7	75	-	-	-	-	1.9	3	20.1	31
2006	178	25.8	46	61.2	109	1.1	2	-	-	0.6	1	11.2	20
2007	215	35.8	77	42.8	92	0.9	2	-	-	0.9	2	19.5	42
2008	195	45.1	88	52.3	102	0.5	1	-	-	-	-	2.1	4
2009	136	48.5	66	50.0	68	-	-	-	-	-	-	1.5	2
2010	145	57.9	84	37.9	55	1.4	2	-	-	-	-	2.8	4
2011	154	59.1	91	37.0	57	-	-	-	-	-	-	3.2	5
2012	39	51.3	20	38.5	15	-	-	-	-	-	-	10.3	4

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 10 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 11 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990. Die Anzahl geborener und registrierter Tiere der Rasse „Weiße Hornlose Heidschnucke“ ist seit 1990 ziemlich konstant ansteigend bis ca. 2002. Danach sind die Tierzahlen wieder etwas rückläufig. Aufgrund des Verhältnisses der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 10 ist davon auszugehen, dass nicht alle geborenen männlichen Lämmer in den Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden (ca. 10% weniger). Laut Tabelle 11 wird die Rasse vor allem in Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen gehalten.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 12 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 12 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet.

Aus Tabelle 12 ist ersichtlich, dass von 98 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 75 und von 1.862 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 1.556 leben. 75 noch lebende Schafböcke und 1.556 noch lebende Mutterschafe, geboren 2005 – 2010, bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring der Weißen Hornlosen Heidschnucke.

Tabelle 10: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	672	997
1991	762	999
1992	772	958
1993	737	896
1994	730	1.041
1995	812	1.299
1996	910	1.228
1997	922	1.252
1998	995	1.374
1999	1.092	1.409
2000	1.142	1.573
2001	1.266	1.479
2002	1.351	1.433
2003	1.101	1.408
2004	1.235	1.327
2005	1.230	1.357
2006	1.273	1.378
2007	1.123	1.194
2008	1.020	1.084
2009	1.063	1.133
2010	1.027	1.152
2011	1.028	1.175

Tabelle 11: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	14
LSZV MV	29
LSV Baden-Württemberg e.V.	301
LSV Niedersachsen	7.951
Weser-Ems	2.067
SSZV (Sachsen)	5
Berlin-Brandenburg	1
SZV NRW e.V.	1.998
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	471
Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz	20
Saarland	94
SH-S	150
BHG	1.115

Tabelle 12: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	1.230	1.357	18	337	8	183
2006	1.273	1.378	15	418	10	338
2007	1.123	1.194	22	320	16	275
2008	1.020	1.084	19	347	17	330
2009	1.063	1.133	16	390	16	380
2010	1.027	1.152	8	50	8	50
Gesamt	6.736	7.298	98	1.862	75	1.556

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 13 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 14 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 13 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 14 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 15 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 15 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 69 von 75 Böcken (=92%) und 1.312 von 1.556 Mutterschafen (=84%) die erforderliche Pedigreevollständigkeit. Dieser Anteil an Tieren mit ausreichenden Abstammungsinformationen für das Monitoring ist im Vergleich zu anderen Schafrassen auf der männlichen Seite und auf der weiblichen Seite überdurchschnittlich. Die verbleibende Monitoring Population C der Weißen Hornlosen Heidschnucke umfasst dann 4.489 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Im Maximum sind bis zu 10 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert. Im Regelfall aber wesentlich weniger.

Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	8	0.00	17	0.00
1981	6	0.11	17	0.04
1982	6	0.10	34	0.11
1983	5	0.24	35	0.18
1984	8	0.33	25	0.26
1985	8	0.40	45	0.19
1986	6	0.27	29	0.24
1987	17	0.38	62	0.39
1988	11	0.42	43	0.46
1989	13	0.64	65	0.49
1990	14	0.63	50	0.52
1991	19	0.65	60	0.57
1992	11	0.56	66	0.58
1993	11	0.69	67	0.54
1994	15	0.63	95	0.60
1995	18	0.79	110	0.52
1996	19	0.78	137	0.57
1997	17	0.77	144	0.66
1998	19	0.79	137	0.65
1999	29	0.79	151	0.74
2000	18	0.89	189	0.73
2001	16	0.72	196	0.80
2002	19	0.72	212	0.80
2003	22	0.88	199	0.84
2004	20	0.90	214	0.86
2005	20	0.91	246	0.93
2006	23	0.89	366	0.91
2007	21	0.93	281	0.93
2008	19	0.94	295	0.91
2009	16	0.96	333	0.95
2010	8	0.97	45	0.92

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

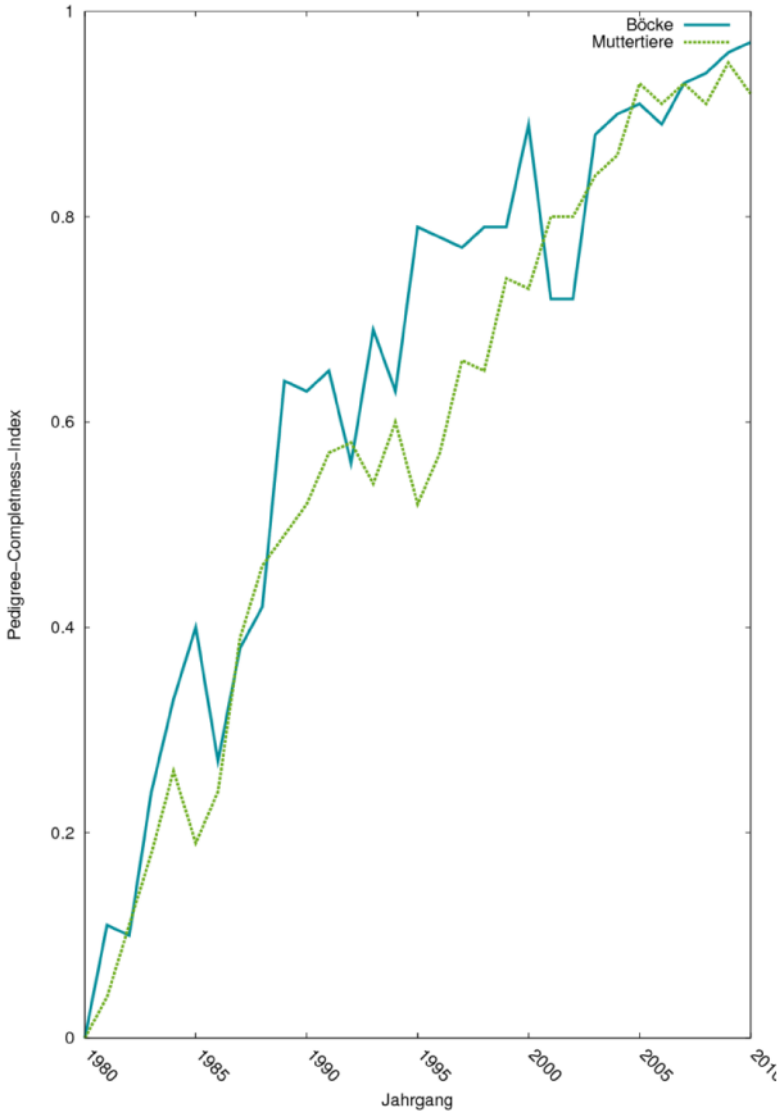


Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (4489 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	69	0.95	1312	0.94
2	87	0.86	924	0.84
3	100	0.80	664	0.68
4	64	0.69	451	0.60
5	55	0.56	278	0.52
6	42	0.47	181	0.38
7	29	0.42	118	0.26
8	17	0.24	64	0.13
9	5	0.14	23	0.05
10	0	0.00	6	0.00
Gesamt	468		4021	

Tabelle 15: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (1381 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	7	0.95	148	0.96
2006	10	0.93	275	0.93
2007	13	0.97	228	0.94
2008	16	0.93	284	0.93
2009	15	0.96	332	0.95
2010	8	0.97	45	0.92
Gesamt	69		1312	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Her-

kunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 16 und die Muttertiere (Tabelle 17) ausgewiesen. Da keine fremdrassigen Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern der Weißen Hornlosen Heidschnucke registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) kein Fremdgenanteil festzustellen.

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Weiße Hornlose Heidschnucke	sonstige	unbekannt
2005	7	6.09	100.00	0.00	0.00
2006	10	3.93	100.00	0.00	0.00
2007	13	3.91	100.00	0.00	0.00
2008	16	3.16	100.00	0.00	0.00
2009	15	2.65	100.00	0.00	0.00
2010	8	4.09	100.00	0.00	0.00
Ges.	69	3.71	100.00	0.00	0.00

Tabelle 17: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Weiße Hornlose Heidschnucke	sonstige	unbekannt
2005	148	4.15	100.00	0.00	0.00
2006	275	4.74	100.00	0.00	0.00
2007	228	4.94	100.00	0.00	0.00
2008	284	4.50	100.00	0.00	0.00
2009	332	3.78	100.00	0.00	0.00
2010	45	2.85	100.00	0.00	0.00
Ges.	1312	4.35	100.00	0.00	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Generationsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter

- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 18 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Abgeleitet aus dem Alter der Eltern der Monitoring-Ausgangspopulation C sind die Väter der Böcke ca. 0,4 Jahre jünger als die Väter der Muttertiere. Die Mütter der Böcke und der Mutterschafe sind in etwa gleich alt. Insgesamt liegt das mittlere Generationsintervall mit 3,61 Jahren genau im Mittel über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre).

Tabelle 18: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	69	3.02
Mutter auf Vater	69	4.03
Vater auf Mutter	1.312	3.41
Mutter auf Mutter	1.312	3.97

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.61 Jahre

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und

vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße** ($\mathbf{N_e}$) ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

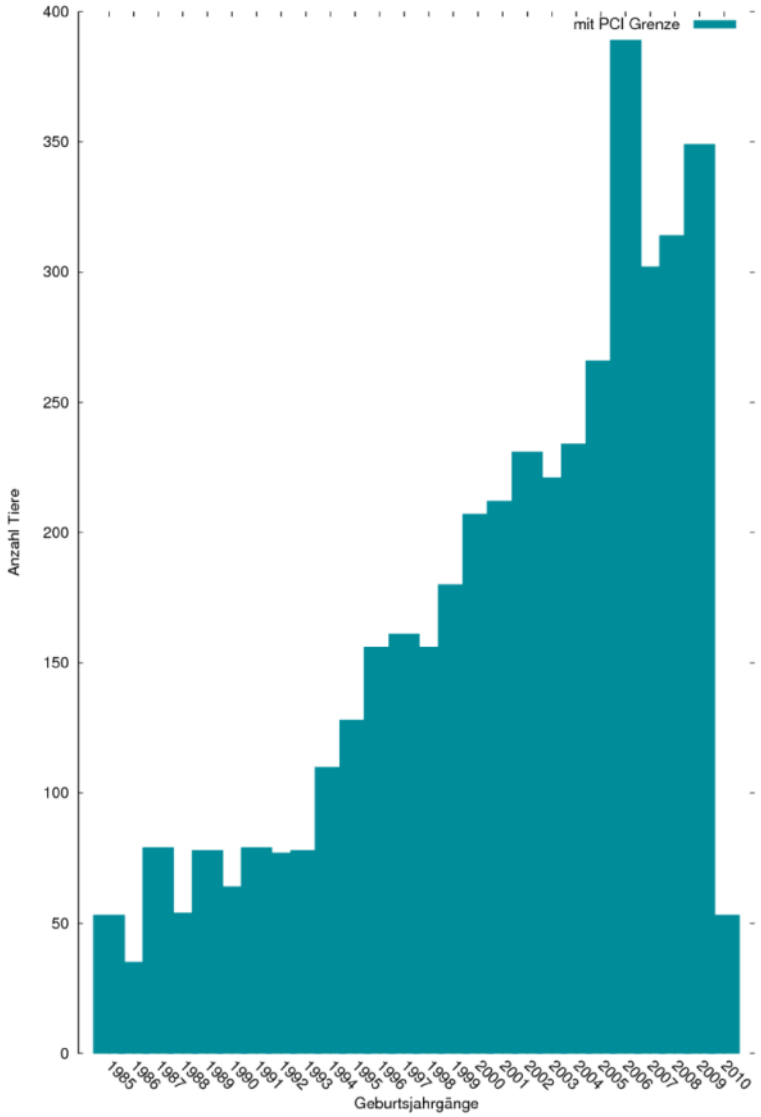
Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $>$ 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen

Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation

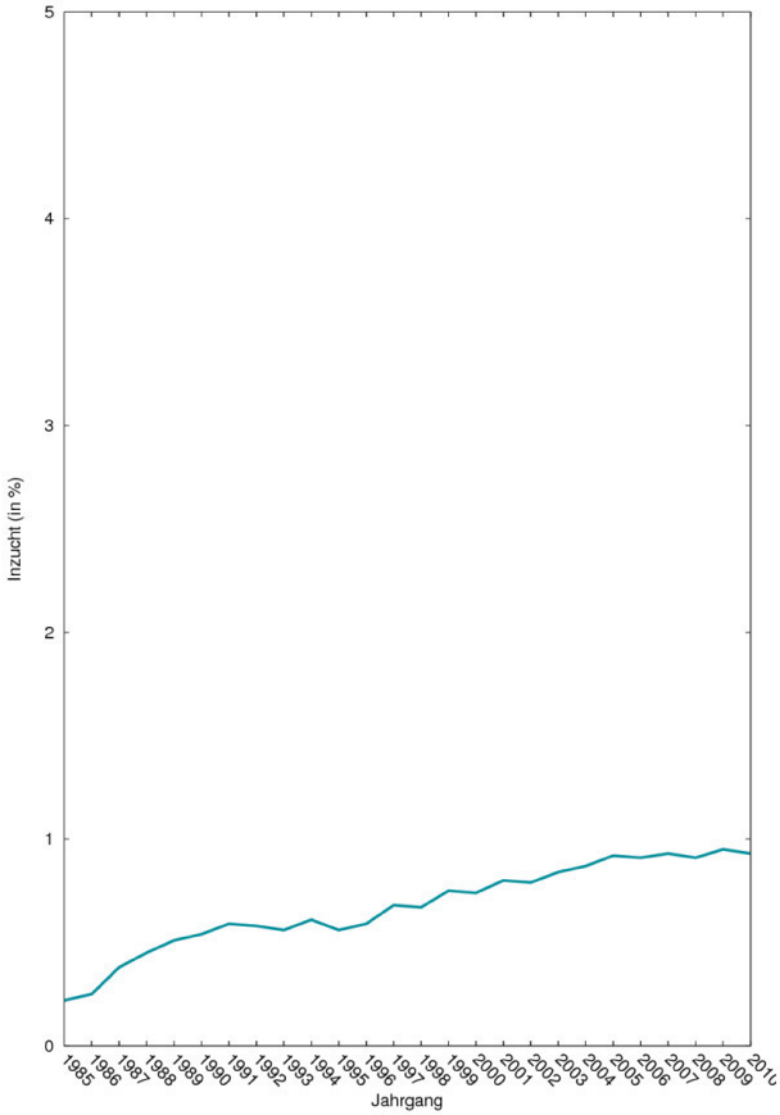


Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $> 0{,}70$ der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Aufgrund der geringen Tierzahlen, der geringen verfügbaren Pedigree-Tiefen und der Zucht innerhalb Herden, besteht kaum die Chance die reale Inzucht korrekt festzustellen bzw. zu berechnen. Bei den Weißen Hornlosen Heidschnucken kann daher auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht sauber abgeleitet werden. Daher resultiert ein weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von $N_e = 489$. Aufgrund der teilweise unzulänglichen Daten ist die beschriebene Methodik bei dieser Rasse nicht geeignet zur Quantifizierung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Mittl. Generationsintervall : 3.61 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 489.21

Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Weiße Hornlose Heidschnucke)



7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 19 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 20 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 71, berechnet aus 305 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 19, weist auf eine wesentlich engere Blutführung und genetische Variabilität hin als der Wert der effektiven Populationsgröße. Lt. Tabelle 20 haben 11 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation. Es ist aber kein Founder mit einem Genanteil $>$ 5% zu finden.

Tabelle 19: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	305	179	82
Anzahl effektive Foundertiere	71		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** gibt die minimale Anzahl von Ahnen wieder, die nötig sind, um die komplette genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären. Berechnet werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 21 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, $f_a = 39$ weist noch deutlicher auf die Überschätzung von Ne hin. Es sind 10 dominante Ahnen (>2% Genanteil), in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 21). Der wichtigste Ahne, ein 1998 geborener Bock, hat einen Genanteil von 8%. Ein geringer „Bottle Neck“ Effekt kann auf diesen Ahnen zurückgeführt werden. Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen damit auf eine eingeschränkte genetische Variabilität in der Rasse hin.

Tabelle 20: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
NI32001000005	01.01.1980	männlich	3.35
NI32022000005	01.01.1981	männlich	3.35
NI32003083341	17.03.1983	weiblich	3.33
NI32002000814	09.04.1988	männlich	3.14
NI32012000112	24.04.1976	weiblich	3.03
NI32002000922	01.01.1979	weiblich	2.98
NI32009080065	01.01.1980	weiblich	2.70
NI32002000455	05.05.1974	weiblich	2.68
NI32002000817	12.04.1978	männlich	2.65
NI32002000842	01.01.1978	weiblich	2.36
NI32012000901	16.03.1979	weiblich	2.06
WF32/B0741	09.03.1994	männlich	1.80
NI32007000952	18.03.1979	weiblich	1.71
NI32012000813	30.04.1978	weiblich	1.64
NI32022000506	10.03.1985	männlich	1.58
WF32/B1430	05.04.2001	männlich	1.56
NI32002081155	24.03.1981	weiblich	1.49
NI32002000843	16.03.1978	weiblich	1.38
NI32002000013	01.01.1970	weiblich	1.24
NI32012000218	25.03.1982	männlich	1.20
NI32025000430	01.01.1974	weiblich	1.12
NI32025000018	20.03.1980	männlich	1.12
NI32002000452	07.04.1974	weiblich	1.09
NI32009000805	03.03.1978	männlich	1.00

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
WF32/B1431	10.03.2002	männlich	0.99
WF32/H0632	13.05.1996	weiblich	0.98
NI32022081154	25.02.1981	weiblich	0.97
NI32021089009	01.01.1989	weiblich	0.96
NI32022000606	01.01.1976	weiblich	0.94
NI32012000001	18.03.1980	männlich	0.92
NI32022082238	01.01.1982	weiblich	0.90
NI32002000006	18.03.1980	männlich	0.90
WE32/NSS093339	10.03.1993	männlich	0.88
NI32002000807	22.03.1978	weiblich	0.77
NI32012083390	03.04.1983	weiblich	0.75
NI32018000633	14.03.1986	männlich	0.68
NI32012000220	31.03.1982	männlich	0.63
NI32022087738	01.01.1987	weiblich	0.62
WF32/S00152	01.02.1987	weiblich	0.60
NI32014088814	01.01.1988	weiblich	0.60
NI32002000920	01.01.1979	weiblich	0.57
NI32022082224	03.04.1982	weiblich	0.56
NI32010080002	18.04.1980	weiblich	0.55
NI32022087737	01.01.1987	weiblich	0.55
NI32012080006	01.01.1980	weiblich	0.55
NI32002000505	01.01.1975	weiblich	0.53
NI32002000906	15.03.1979	männlich	0.53
NI32002000112	01.01.1976	weiblich	0.52
WE008763	19.03.2003	weiblich	0.51
WE32/NSZ002041	14.02.2000	weiblich	0.51
NI32022087742	01.01.1987	weiblich	0.51

Anzahl effektiver Ahnen : 39

Tabelle 21: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
NI32022098868	01.03.1998	männlich	8.1
NI32006098829	10.03.1998	männlich	6.1
NI32021095510	19.02.1995	männlich	5.6
NI32022095526	28.02.1995	männlich	5.0
NI32002000714	24.03.1987	männlich	3.5
NI32018000009	18.02.1990	männlich	3.4
NI32002000438	09.03.1984	männlich	3.0
NI32009000402	25.03.1984	männlich	2.8
NI32022000005	01.01.1981	männlich	2.4
DE010310016038	16.03.2006	männlich	2.1

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft

der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 22 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (3,36%) der 75 noch lebenden Vatertiere zu den 1.556 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation (Ausgangselternpopulation B) zeigt ebenfalls den Trend zu einer Blutlinienverengung.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 3.36 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 75
Anzahl verfügbare Mütter: 1556

Tabelle 22: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE010310245873	8.26	6.60	59.94	1434	78
DE010310245867	3.28	6.45	38.44	1435	77
DE010310245872	5.18	6.24	41.85	1435	77
DE010310246047	5.09	6.22	39.59	1435	77
DE010310896822	7.56	5.99	59.57	1435	30
DE010310846255	5.29	5.40	57.55	1436	17
DE010310246068	0.12	5.29	52.48	1435	55
DE010310245876	4.38	4.84	52.19	1435	8
DE010310606220	1.03	4.70	51.03	1435	20
DE010310245859	0.18	4.69	38.97	1435	55
DE010310246038	0.40	4.67	33.66	1435	76
DE010310246052	0.54	4.61	40.66	1437	26
DE010310249847	1.85	4.42	52.30	1435	15
DE010310245660	1.92	4.24	54.60	1436	11
DE010510278578	0.33	3.98	25.88	1435	2
DE010310246061	0.10	3.96	35.66	1435	54
DE010310901676	0.90	3.78	51.42	1435	13
DE010310047421	0.00	3.72	32.04	1434	76
DE010310698955	0.30	3.66	29.95	1435	7
DE010310846256	2.67	3.56	31.13	1436	3
WE32002276588	8.50	3.48	30.72	1434	7
DE010510120515	0.49	3.38	32.95	1435	10
DE010310249886	1.84	3.37	39.83	1435	16
DE010310034187	1.61	3.07	35.27	1435	42
SA32005039217	0.82	2.87	51.07	1435	7
DE010510280903	1.50	2.86	53.11	1437	14
DE010510120547	0.29	2.79	52.81	1435	14
DE010310896224	2.52	2.73	30.06	1435	2

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
DE010310845722	0.61	2.69	39.11	1435	9
DE010510110713	2.08	2.56	31.56	1435	12

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden:

- Die Datengrundlage, vor allem was die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Tiere betrifft, ist relativ über alle Schafrassen gesehen zwar überdurchschnittlich, aber für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e) immer noch suboptimal. Da zu wenig Ahnen bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher weit überschätzt.
- Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen entspricht eher der Realität und weist auf eine eingeschränkte genetische Varianz in der Rasse hin.
- Nach diesen Zahlen wären kurzfristig züchterischen Maßnahmen einzuplanen, um die genetische Variabilität in der Rasse gezielt zu erhalten. Diese sind in erster Linie über den gezielten Einsatz und Austausch von Vatertieren über Herden zu sehen. Die Vatertiere sollten zu den Muttertieren der Zielherden möglichst gering verwandt sein.
- Mittelfristig ist die weitere Entwicklung der Daten für eine fundiertere Analyse der Bewertungskriterien zu prüfen.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.

Monitoring tiergenetischer Ressourcen

- WEISSES BERGSCHAF -



herausgegeben von VDL und BDZ

erstellt von **vit**

Service & Daten aus einer Quelle

1. Oktober 2012

Auftraggeber

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Auftragnehmer

Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V. (VDL)

Bundesverband Deutscher Ziegenzüchter e.V. (BDZ)

erstellt von

Vereinigte Informationssysteme Tierzucht w.V. (**vit**)

Inhaltsverzeichnis

1 Zuchtgeschichte **5**

2 Zuchtprogramm **6**

2.1 Leistungsprüfungen 6

2.1.1 Fleischleistungsprüfung 6

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen 9

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung 9

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm 10

2.3 Zuchtwertschätzung 10

2.4 Selektion 11

3 Rassebeschreibung **11**

3.1 Zuchtziel 12

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen **12**

5 Rassedachverbände oder Vereine **14**

6 Informationen aus dem Herdbuch **14**

6.1 Verteilung auf Verbände 14

6.2 Herdenstruktur 16

6.3 Kennzahlen der Zucht 16

7 Populationsanalyse **19**

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring 19

7.2 Pedigree-Vollständigkeit 21

7.3 Genanteile 25

7.4 Mittleres Generationsintervall 26

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße 28

7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen 32

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere 35

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse 36

Abbildungsverzeichnis

1 Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken 15

2 Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index 24
3 Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation 30
4 Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Weißes Bergschaf) 31

Tabellenverzeichnis

1 Leistungsspektrum 12
2 Verteilung Elterntiere auf Verbände 15
3 Verteilung der Tiere auf Regionen 15
4 Anzahl Herden in den Verbänden 16
5 Verteilung der Herden auf Regionen 16
6 Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen 16
7 Entwicklung der Zucht 17
8 Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen 18
9 Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht 20
10 Verteilung auf Verbände 20
11 Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge) 21
12 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen) 23
13 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (2255 Tiere) 25
14 Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (622 Tiere) 25
15 Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage 26
16 Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage 26
17 Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden 27
18 Kennzahlen zu Foundertieren 32
19 Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil) 33
20 Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation 35
21 Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren 35

Abkürzungen

BHG Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.

Hessen Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.

HZZV Hessischer Ziegenzuchtverband e.V.

LSZV MV Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V.

LSV Baden-Wuerttemberg e.V. Landesschafzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

LSV Niedersachsen Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.

LSV Sachsen-Anhalt e.V. Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.

Weser-Ems Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

LBZ Landesverband Bayerischer Ziegenzüchter e.V.

Saarland Landesverband der Schaf- und Ziegenhalter im Saarland e.V.

Schafzuchtverb.Rheinland-Pfalz Landesverband der Schafhalter Rheinland-Pfalz e.V.

LZWL Landesverband der Ziegenzüchter für Westfalen-Lippe e.V.

LZRP Landesverband der Ziegenzüchter Rheinland-Pfalz e.V.

LNZ Landesverband Niedersächsischer Ziegenzüchter e.V.

LRZ Landesverband Rheinischer Ziegenzüchter e.V.

LSHZ Landesverband Schleswig-Holsteiner Ziegenzüchter e.V.

LV Thuer. Schafzuechter e.V. Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.

LTZ Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V.

SH-S Landesverbandes Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.

SSZV (Sachsen) Sächsischer Schaf- und Ziegenzuchtverband e.V.

SZV NRW e.V. Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.

Berlin-Brandenburg Schafzuchtverband Berlin-Brandenburg e.V.

Stade Stader Schafzuchtverband e.V.

VLH Verband Lüneburger Heidschnuckenzüchter e.V.

ZZV BW Ziegenzuchtverband Baden-Württemberg e.V.

ZVSP Zuchtverband für Ostpreußische Skudden und Rauhwollige Pommersche Landschafe e.V.

1 Zuchtgeschichte

(Christian Mendel, 2012)

Anfang des 17. Jahrhundert war das Zaupel- oder Steinschaf im bayerischen Teil der Alpen vorherrschend. Bis Ende der 30er Jahre des vorigen Jahrhunderts waren in Bayern vier verschiedene Bergschafrassen, nämlich das Stein-, Goggel-, Kärntner- und Bergamaskerschaf bekannt. Als Goggelschaf wurden alle Tiere bezeichnet, die nicht eindeutig einer der drei anderen Rassen zuzuordnen waren. Sämtliche vier Rassen tragen Schlichthaarwolle im C-CD-Charakter von großer Länge und meist seidigem Glanz. Bei allen Rassen sind melierte, braune und tiefschwarze Vliese zu finden.

Diese Rassenvielfalt widersprach der damaligen Bestrebung nach Rassenbereinigung. Aus diesem Grund entschloss man sich im Jahre 1939 auf Anregung Bayerns (Dr. H. O. Diener, München), für das gesamte Bergschafzuchtgebiet einheitliche Zuchtziele und Zuchtverfahren aufzustellen. Über die bisherigen Lokaltypen und –schläge hinweg hat man sich dahin geeinigt, das größte und wirtschaftlichste Bergschaf im Typ des früheren Bergamasker-/Kärntnerschafes als anzustrebende Rasse zu züchten und dieses als „Deutsches Bergschaf“ zu bezeichnen.

Die beiden Rassen „Steinschaf“ und „Bergamaskerschaf“ bildeten die Ausgangsrassen für alle heutigen Bergschafrassen. Im geringen Umfang hat auch noch das Paduanerschaf die Bergschafrassen, vor allem das Kärntnerschaf, beeinflusst.

Mit nachahmenswertem Beispiel ist das „Werdenfelserland“ züchterisch vorangegangen. Bereits im Jahr 1923 wurde dort ein Bergschafzuchtverein gegründet. Schon am 21.09.1924 konnte der Verein seine erste Bergschafschau, zu den 95 Schafe kamen, veranstalten. 1931 folgte die zweite Schafschau, zu der 26 Stein-, 27 Goggel-, 15 Bergamaskerschafe und 25 Kreuzungstiere gebracht wurden. Bis 1942 folgten weitere Prämierungen. Nach dem zweiten Weltkrieg datiert die erste Prämierung des Vereins der Werdenfelser Bergschafzüchter aus dem Jahr 1953.

Die Bergschafschauen mit Prämierung im gesamten bayerischen Alpengebiet und im Bayerischen-/Böhmerwald, veranstaltet vom Landesverband Bayerischer Schafzüchter waren bis 1941 beliebte Züchterveranstaltungen. Im Jahr 1938 ergab eine Zählung über 22.000 Bergschafe. Die größte Tierzahl auf Prämierungen wurde mit 1.370 aufgetriebenen Bergschafen im Jahr 1940 erreicht.

Heute gibt es in allen Gebirgslandkreisen gut organisierte Schafhaltervereinigungen, die im ein- oder zweijährigen Turnus Prämierungen durchführen, welche die züchterische Entwicklung der Bergschafrassen fördern und unterstützen. In der Zucht des Bergschafes besteht seit vielen Jahren das Bestreben, die Fleischleistung dieser Rasse zu verbessern, um die Wirtschaftlichkeit zu sichern.

1938 wurde mit der Herdbuchführung und Leistungsprüfungen bei den Bergschafen begonnen. Zum Ende des Jahres 1941 waren nachstehende Betriebe züchterisch erfasst: Strafgefängnis Bernau, Gutsverwaltung Wallenburg, Paul Grasegger, Garmisch, Glatz, Garmisch, Elsaß, Werdenstein und Kollmann, Weitenau.

Nach dem Krieg im Jahr 1948 nahm der Landesverband Bayerischer Schafzüchter die züchterische Arbeit wieder neu auf. Am 31.12.1951 verteilten sich die Zuchtstätten des Deutschen Bergschafes auf zwei Gutsbetriebe: Gutsverwaltung Wallenburg und Strafgefangenenanstalt Bernau und sechs bäuerliche Kleinschäfereien: Michael Bernauer, Haslach (TS), Josef Gehmacher, Hausen (TS), Blasius Glatz, Garmisch, Paul Grasegger, Garmisch, Clement Man-

gold, Wengen (GAP) mit einem eingetragenen Herdbuchbestand von 268 Bergschafen.

Der erste Bockmarkt für Weiße Bergschafe fand am 23. Februar 1940 in der Hochlandhalle in Weilheim statt. 26 Böcke wurden der Körkommission vorgestellt, 21 Böcke wurden gekört. Die zweite Bergschafversteigerung fand am 6. November 1941 ebenfalls in Weilheim statt. Aufgetrieben wurden 73 Tiere, erstmalig beteiligten sich Allgäuer Züchter.

Bis zum Jahre 1964 wird der „Verein Werdenfelser Bergschafzüchter“ bei der Bayerischen Herdbuchgesellschaft für Schafzucht als eine Herdbuchzucht geführt. Ab 1965 werden diese Mitglieder einzeln gezählt. Einzeltiere vom Tiroler Bergschaf und Bergamaskerschaf wurden in den letzen 20 Jahren eingesetzt.

Züchterische Höhepunkte bilden auch heute noch der jährliche Frühjahrsmarkt in Miesbach und der Herbstmarkt in Weilheim. Im Jahr 1990 wurde, bisher einmalig in Deutschland, die Schur aller zur Körung aufgetriebenen Bergschafböcke eingeführt. Bei allen Böcken wird zuerst die Wolle beurteilt. Anschließend erfolgt sofort die Schur und danach vergibt die Körkommission die Noten für die Bemuskelung und Äußere Erscheinung.

2 Zuchtprogramm

Das Zuchtprogramm umfasst alle Maßnahmen, die geeignet sind, einen Zuchtfortschritt im Hinblick auf die Zuchtziele der jeweiligen Rassen zu erreichen. Dazu zählen die Durchführung von Leistungsprüfungen, Beurteilungen der Woll- bzw. Fellqualität sowie der äußeren Erscheinung. Die Zuchtziele werden mit der Zuchtmethode der Reinzucht angestrebt. Eine bundeseinheitliche Regelung zu geschlossenen Populationen besteht bei den Schafen bzw. Ziegen allgemein nicht. Gerade im Hinblick auf Blutverengungen und Verbesserungen der Population wurden in der Vergangenheit bei einzelnen Rassen Genetik aus eng verwandten Rassen gezielt und im geringen Umfang eingesetzt. Dies wird in Abschnitt 7.3 entsprechend deutlich.

Methoden der Biotechnik wie künstliche Besamung und Embryotransfer haben in den Zuchtprogrammen der Schaf- und Ziegenzucht keine Bedeutung. Folglich ist in Deutschland die notwendige Infrastruktur nicht vorhanden.

2.1 Leistungsprüfungen

Der Umfang der Leistungsprüfung ist stark von Rasse, Zuchtverband und Aktivität der Züchter abhängig. Einen Überblick zur Entwicklung der Tierzahlen dieser Rasse in den einzelnen Leistungsprüfungen wird in Abschnitt 6.3 gegeben.

2.1.1 Fleischleistungsprüfung

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfungen erfolgt unter Berücksichtigung der Empfehlungen der Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL).

Es besteht keine Verpflichtung der Züchter, an Fleischleistungsprüfungen teilzunehmen. Jeder Züchter hat das Recht, sich bei der Teilnahme an Fleischleistungsprüfungen auf Teilprüfungen (z.B. Ermittlung der täglichen Zunahmen) zu beschränken. Die Ergebnisse der Fleischleistungsprüfungen (auch Teilprüfungen) werden im Zuchtbuch und in der Zuchtbescheinigung festgehalten.

Die Durchführung der Fleischleistungsprüfung kann sowohl durch eine Stationsprüfung als auch durch eine Feldprüfung bzw. durch eine Kombination beider Verfahren erfolgen.

Stationsprüfung

Die Stationsprüfung wird in Leistungsprüfungsanstalten oder in entsprechend anerkannten Betrieben als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt. Für das Ausweisen als Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung müssen mindestens 7 Bocklämmer eingeliefert und mindestens 5 die Prüfung mit auswertbaren Ergebnissen beendet haben. Zusätzlich können Gruppen weiblicher Tiere geprüft werden. Die Prüfung erfolgt nach den jeweiligen Richtlinien der durchführenden Prüfungsanstalt/des anerkannten Betriebes.

Prüfungsbeginn:	20 kg
Prüfungsende:	Bei rassetypischem Schlachtgewicht, mindestens aber 35 kg. Für die Rassen Merinolandschaf, Merinofleischschaf, Schwarzköpfiges Fleischschaf endet die Prüfung bei 42 kg Lebendgewicht

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Einstallungsdatum, Einstallungsgewicht
- Prüfungsanfangsdatum, Prüfungsanfangsgewicht, Prüfungsendedatum, Prüfungsendegewicht
- Tägliche Zunahmen von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Futterenergieverzehr von Prüfungsanfang bis Prüfungsende
- Schlachtdatum, Schlachtort, Schlachtkörpermasse (warm)
- Bemuskelung des Schlachtkörpers (Schulter, Rücken, Keule) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Bemuskelungsnote, Ultraschallmuskeldicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)
- Verfettungsgrad des Schlachtkörpers (Oberflächenfett, Nierenfettgewicht) und/oder des lebenden Tieres bei Prüfungsende (Ultraschallfettdicke, Datum, Ort, Messperson, Ultraschallgerätetyp)

Mindestens folgende Ergebnisse sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl Tiere mit Prüfabschluss
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand und Verfettungsgrad
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für tägliche Zunahme, Futterenergieaufwand, Bemuskelung und Verfettungsgrad

Prüfstationen

In Deutschland wird die Stationsprüfung auf Fleischleistung an folgenden Einrichtungen durchgeführt:

- Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, 85354 Poing (Bayern)
- Haupt- und Landgestüt Marbach, 72813 St. Johann (Baden-Württemberg)
- Lehr- und Versuchsanstalt für Viehhaltung Hofgut Neumühle, 67728 Münchweiler an der Alsenz (Rheinland-Pfalz)
- Lehr- und Versuchsgut Köllitsch, 04886 Köllitsch (Sachsen)
- Thüringer Lehr-, Prüf- und Versuchsgut GmbH Buttelstedt,99427 Weimar-Schöndorf(Thüringen)
- Zentrum für Tierhaltung und Technik, 39606 Iden, (Sachsen-Anhalt)
- Versuchsanstalt für Tierzucht und Tierhaltung e.V., 14550 Groß Kreutz (Berlin-Brandenburg)
- Landesschaf- und Ziegenzuchtverband Mecklenburg-Vorpommern e.V., Laage (Mecklenburg-Vorpommern)

Feldprüfung

Die Feldprüfung erfolgt in Zucht-, Mast-, Schlachtbetrieben oder bei Veranstaltungen der Zuchtverbände. Die Feldprüfung kann als Eigenleistungs- und/oder Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung durchgeführt werden. Für eine Ausweisung als Halbgeschwister--/Nachkommenprüfung müssen auswertbare Ergebnisse von mindestens 20 männlichen und weiblichen Tieren vorliegen.

Prüfungsbeginn:	am Tag nach der Geburt
Prüfungsende:	zu dem Zeitpunkt, an dem der überwiegende Teil der Zuchtpopulation das rassetypische Schlachtgewicht erreicht, jedoch höchstens mit 180 Tagen und mindestens 35 kg Lebendgewicht (bei bestimmten Landschafrassen kann auf Beschluss des Zuchtausschusses von diesem Mindestgewicht abgewichen werden).

Die Feldprüfungen werden in der Regel von einem Beauftragten des Zuchtverbandes durchgeführt, die Feststellung des Gewichtes bei Prüfungsende kann auch auf den Züchter übertragen werden.

Mindestens folgende Merkmale sind zu erfassen:

- Betrieb und Teilherde (falls vorhanden)
- Prüfungsdatum und Prüfendegewicht
- Lebenstagszunahme
- Geschlecht

- Bemuskelung des lebenden Tieres bei Prüfende (Bemuskelungsnote)

Folgende Merkmale können zusätzlich erfasst werden:

- per Ultraschall gemessene Muskeldicke sowie Fettauflage einschl. Haut des rechten Rückenmuskels zwischen dem 5. und 6. Lendenwirbel.

Mindestens folgende Informationen sind auszuweisen:

- Für Halbgeschwister-/Nachkommenprüfung
  - Anzahl geprüfter Tiere
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettung (sofern erhoben)
- Für Eigenleistungsprüfung
  - Gewicht und Alter bei Prüfende
  - Absolute Leistungen und Abweichungen für Lebenstagszunahme, Bemuskelung und Verfettungsgrad (sofern erhoben)

2.1.2 Beurteilung der Woll- oder Fellqualität, der äußeren Erscheinung und der Eignung zur Landschaftspflege bei Landschafrassen

Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung erfolgt auf dem Betrieb durch den Zuchtleiter oder seinen Beauftragten oder anlässlich einer Verkaufsveranstaltung oder Ausstellung durch die Bewertungskommission. Das Ergebnis der Bewertung wird jeweils in einer Note im 9-Punktesystem ausgedrückt. Die Bewertung erfolgt zur Eintragung ins Zuchtbuch und ist endgültig. Die Bewertung der Woll- oder Fellqualität und der äußeren Erscheinung ist für jedes Zuchttier, welches in das Zuchtbuch eingetragen werden soll, obligatorisch, es sei denn, es ist in der Rassebeschreibung der entsprechenden Rassebeschreibung etwas anderes festgelegt.

2.1.3 Zuchtleistungsprüfung

Die Zuchtleistungsprüfung wird obligatorisch bei jedem weiblichen Zuchtschaf, welches in ein Zuchtbuch eingetragen ist, durchgeführt. Die Prüfung wird in den Zuchtbetrieben bei allen eingetragenen weiblichen Zuchtschafen des Bestandes durchgeführt und vom Zuchtverband stichprobenweise kontrolliert. Es wird mindestens die Anzahl der lebend- und totgeborenen und der im Prüfungszeitraum bis zum Alter von 42 Tagen aufgezogenen Lämmer festgestellt. Zusätzlich wird die Anzahl der Ablammungen ermittelt. Die Fruchtbarkeit wird durch die Zahl der lebend geborenen und die Zahl der aufgezogenen Lämmer ausgedrückt. Bei der Darstellung der Fruchtbarkeit werden zusätzlich das jeweilige Alter zum Zeitpunkt der letzten Ablammung in Lebensjahren mit einer Dezimalstelle und die Zahl der Ablammungen angegeben.

2.2 TSE-Resistenzuchtprogramm

(nach Rösler und Völl, 2007, Schafhaltung in der Bundesrepublik)

Das Auftreten von BSE und Scrapie in Deutschland führte in den 1990er Jahren zu einer starken Verbraucherverunsicherung, die enorme Auswirkungen auf das Konsumverhalten hatte. Den Erfahrungen aus Großbritannien und den Niederlanden folgend, dass eine Scrapie- bzw. eine für wahrscheinlich gehaltene BSE-Erkrankung bei Schafen eine genetische Disposition voraussetzt, hat sich eine DGfZ-Arbeitsgruppe unter Mitwirkung der VDL mit einem TSE-Resistenzzuchtprogramm (TSE Transmissible spongiforme Enzephalopathie) für Schafe auseinandergesetzt. Die Empfehlungen dieser Gruppe flossen in Zuchtprogramme und letztendlich in eine Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-Resistenzzuchtverordnung) ein, die am 17. Oktober 2005 in Kraft trat. Diese kommt nun in weiten Teilen der Herdbuchzucht zur Anwendung.

Scrapie ist eine weltweit verbreitete, unheilbare und tödlich verlaufende Erkrankung des zentralen Nervensystems. Die Scrapie-Genotypisierung ist ein Gentest an Schafen, bei dem Tiere mit unterschiedlicher Resistenz gegenüber der Scrapie-Erkrankung differenziert werden können. Ziel ist es, den Anteil der ARR-Träger im Zuchtbestand zu erhöhen und dadurch den Anteil scrapieanfälliger Schafe zu reduzieren. Bisher gibt es keine Möglichkeit, am lebenden Schaf festzustellen, ob dieses mit dem Auslöser der Scrapieerkrankung in Kontakt war oder nicht. Mit dem Gentest lässt sich eine Einschätzung des Risikos einer klinischen Erkrankung nach einem möglichen Kontakt mit dem Auslöser ermitteln.

Die genetische Veranlagung zur Scrapieresistenz ist nicht bei allen Rassen gleich ausgeprägt. Von einem Teil der Schafrassen ist bekannt, dass der Anteil an Tieren mit Resistenz-Genen hoch (Schwarzköpfiges Fleischschaf), bei anderen sehr niedrig ist (Merinolandschaf, Ostfriesisches Milchschaf u.a.). Ein unkoordinierter und voreiliger Einstieg in Verdrängungszuchtprogramme birgt die Gefahr in sich, dass Rassen, bei denen kaum Resistenzgene vorhanden sind, ihre bisherigen Rasseeigenschaften einbüßen oder dass diese Rassen völlig verschwinden. Deshalb müssen im Ergebnis der Untersuchungen die spezifischen Besonderheiten für jede Rasse in den Zuchtprogrammen berücksichtigt werden.

Die Zucht auf TSE-Resistenz wurde durch die Schafzüchter breit diskutiert und mit großem Engagement betrieben. Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass die Selektion nur bei der klassischen Scrapie und nicht bei der atypischen Scrapie von Erfolg gekrönt ist. Letztere Variante tritt jedoch in Deutschland vornehmlich in Erscheinung.

2.3 Zuchtwertschätzung

Die Zuchtwertschätzung der Schafzucht erfolgt vielfach nach Verfahren der Indexberechnung. Primär ist die Basis die Fleischleistungsprüfung, wobei definierte Korrekturfaktoren berücksichtigt werden. Diese Zuchtwertschätzungen werden auf Länder- bzw. Verbandsebene organisiert. Lediglich in Thüringen ist die BLUP-Zuchtwertschätzung für Schafe seit 1995 für Merkmale der Mast- und Schlachtleistung auf Basis der Stationsprüfungen (hier insbesondere Merino-Rassen) etabliert.

Die deutsche Schafzucht hat im Jahr 2011 den Auftrag erteilt, ein bundesweites Zuchtwertschätzverfahren für Merkmale der Reproduktion, des Exterieurs und der Fleischleistung für ausgewählte Rassen zu entwickeln. 2012 wird mit ersten Ergebnissen für die praktische Zuchtarbeit gerechnet. Datengrundlage bildet hier das gemeinsame Herdbuchführungssys-

tem von VDL und BDZ *serv.it OVICAP*.

2.4 Selektion

Die Selektion der Zuchttiere erfolgt im Wesentlichen bei den Herdbuchaufnahmen bzw. Körungen. Diese Veranstaltungen werden von den Zuchtverbänden i.d.R. auf den Betrieben oder auch überbetrieblich durchgeführt. Immer mehr Bedeutung für männliche Tiere erhalten dabei verbandsübergreifende Veranstaltungen mit Vermarktung der Böcke.

Die Selektion erfolgt aufgrund der Abstammung, der Ergebnisse von Leistungsprüfungen und einer Bewertung der Merkmale der äußeren Erscheinung unter Berücksichtigung der Eignung zur Landschaftspflege – soweit ein rassebedingter Bedarf besteht und der Woll- bzw. Fellqualität. Die Landeszuchtverbände regeln die Anforderungen in den jeweiligen Zuchtbuchordnungen, die unter Aufsicht der zuständigen Landesbehörden stehen. In der Regel werden keine speziellen Gewichtungen in den Selektionsmerkmalen Wolle, Bemuskelung und Äussere Erscheinung vorgenommen. Es gilt der Grundsatz, dass die für die einzelnen Zuchtwertklassen genannten Noten Mindestnoten darstellen, d.h. wird eine der in der entsprechenden Zuchtwertklasse genannten Noten nicht erreicht, erfolgt eine Herabstufung in eine niedrigere Zuchtwertklasse. Eine besonders gute Note in einem Merkmal kann niedrige Note in einem anderen Merkmal nicht ausgleichen. Zur Herdbuchzucht dürfen nur Böcke eingesetzt werden, die in der Hauptabteilung A eingetragen sind, also mindestens 2 Generationen Abstammung (Zuchttiere der gleichen Rasse) vorweisen können. Diese Angaben gelten für alle Schaf- und Ziegenrassen.

Zur Zeit wird unter dem Dach von VDL und BDZ an einer bundeseinheitlichen Musterzuchtbuchordnung gearbeitet. Ziel ist es, eine einheitliche Regelung für die Rassen über alle Verbände zu erstellen. Ebenso sollen verstärkt Ergebnisse aus der Zuchtwertschätzung integriert werden. Zahlen zur Entwicklung der Selektionsstufen sind in Abschnitt 6.3 zu finden. Angaben zur Selektionsintensität für eine Rasse liegen auf Grund der vielschichtigen Strukturen der Vergangenheit nicht vor. Näherungsweise kann in Tabelle 7 die Selektionsintensität in den einzelnen Selektionsstufen abgeleitet werden. Es ist zu erwarten, dass auf der Basis der zunehmenden Vereinheitlichung in der zentralen Herdbuchführung zukünftig gesicherte Grössen ermittelt werden können.

Daneben können die Zuchtherden je nach Rasse und Verband in Herdbuchzuchten und Stammzuchten eingeteilt werden. Eine Herdbuchzucht kann auf Antrag nach einem definierten Zeitraum erfolgreicher Mitgliedschaft in einem Zuchtverband als Stammzucht anerkannt werden.

3 Rassebeschreibung

Es ist ein mittelgroßes bis großes, ganzfarbig weißes Landschaf mit unbewolltem, schmalem, ramsnasigem Kopf, der hornlos ist und lange, breite, hängende Ohren trägt. Die kräftigen Beine haben straffe Fesseln und feste Klauen. Das Vlies besteht aus einer lang abgewachsenen, leicht gewellten, weißen Schlichtwolle mit seidigem Glanz, die eine Feinheit von 32 bis 36 Mikron hat. Zweimal jährlich Schur. Die Brunst ist ausgeprägt asaisonal. Erstzulassung ist mit 8 Monaten möglich.

Leistungen

Die täglichen Zunahmen liegen bei Schlachtlämmern im Bereich von 280 - 320 g, das handelsübliche Lebendgewicht bei rund 42 kg.

Tabelle 1: Leistungsspektrum

	Körpergew. kg	Vliesgew. kg	Ablammergebnis Prozent	Widerrist cm	Rumpfl. cm
Altbock	90-120	6,0-8,0		80-85	
Jährlinge	70-90	5,0-6,0			
Lammböcke					
Mutterschaf	75-85	4,0-6,0	170-200	72-80	
Zuchtlämmer					

3.1 Zuchtziel

Züchtung eines an die Haltung in rauen Hochgebirgslagen angepasstes, frühreifes Landschaf mit hoher Fruchtbarkeit, Langlebigkeit und besten Muttereigenschaften. Selektion auf Pigmentfreiheit und Freiheit von toten Haaren. (VDL-Beschluss 2005)

4 staatlich anerkannte Züchtervereinigungen

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen haben insbesondere die Aufgabe, ein Zuchtprogramm zur Verbesserung der Rasse oder ein Erhaltungszuchtprogramm zur Erhaltung einer bedrohten Rasse durchzuführen. Die Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen, die wesentliche Bestandteile des Zuchtprogramms sind, liegen ebenfalls im Verantwortungsbereich der staatlich anerkannten Zuchtorganisationen. Hierzu definieren die Zuchtorganisationen insbesondere die Art, Umfang und Durchführung der Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzungen.

Die Zuchtverbände koordinieren unter dem Dach der VDL und des BDZ die Zuchtarbeit für die einzelnen Rassen. In den Rasseauschüssen werden gemeinsame Fragen diskutiert und in Beschlüsse gefasst (u.a. gemeinsame Zuchtziele). Die Rasseausschüsse der VDL für die Schafzucht sind nach Rassegruppen wie folgt organisiert:

- Merino
- Fleischschafe
- Landschafe
- Milchschafe

Die staatlich anerkannten Zuchtorganisationen führen für die von ihnen betreuten Rassen Zuchtbücher. Zuchttiere, die in der Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer staatlich anerkannten Zuchtvereinigung eingetragen sind, haben grundsätzlich einen gegenseitigen Eintragungsanspruch in die Hauptabteilung eines Zuchtbuches einer anderen staatlich anerkannten Zuchtorganisation in der Europäischen Gemeinschaft, vorausgesetzt der Züchter des Zuchttieres ist Mitglied der Zuchtorganisation.

Staatlich anerkannte Zuchtorganisationen stellen außerdem nach den Vorgaben des EU-Tierzuchtrechts Zuchtbescheinigungen für Zuchttiere aus, die insbesondere Informationen über die Abstammung, Identifikation und Leistung des jeweiligen Tieres ausweisen.

In Deutschland sind in der Schaf- und Ziegenzucht für eine Rasse mehrere staatlich anerkannte deutsche Zuchtorganisationen tätig. Nach dem §6 des Tierzuchtgesetzes hat jeder Züchter in Deutschland der zur Mitwirkung an einwandfreier züchterischer Arbeit bereit ist, im sachlichen und räumlichen Tätigkeitsbereich einer staatlich anerkannten Züchtervereinigung das Recht auf Erwerb der Mitgliedschaft. Folgende Verbände betreuen die Zucht der Rasse Weißes Bergschaf:

Bayerische Herdbuchgesellschaft für Schafzucht e.V.
Haydnstraße 11
80336 München
Tel.: 089 / 53 62 27
Email: bhg-schafzucht@t-online.de
www.bhg-schafzucht.de

Hessischer Verband für Schafzucht und -haltung e.V.
Kölnische Str. 48 - 5
34117 Kassel
Tel.: 0561/16984
Email:
www.schafe-hessen.de

Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.
Johannssenstr. 10
30159 Hannover
Tel.: 0511/329777
Email: schafzuchtverband@lwk-niedersachsen.de
schafzucht-niedersachsen.de

Landesschafzuchtverband Sachsen-Anhalt e.V.
Angerstr. 6
06118 Halle
Tel.: 0345/5214941
Email: roesler@lkv-st.de

Landesverband Thüringer Schafzüchter e.V.
Am Johannishof 3
99085 Erfurt
Tel.: 0361/7498070
Email: lv@thueringer-schafzucht.de
www.thueringer-schafzucht.de

Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen e.V.
Bleichstr. 41
33102 Paderborn
Tel.: 05251-32561
Email: schafzuchtverband@lwk.nrw.de
www.schafzucht-nrw.de

5 Rassedachverbände oder Vereine

Neben den staatlich anerkannten Züchtervereinigungen, die in der Regel regional tätig sind, haben sich z.T. rassespezifische Vereinigungen entwickelt. Hier arbeiten Freunde, Halter und Züchter einer Rasse zusammen, um rassespezifische Fragestellungen zu koordinieren, zentrale Veranstaltungen zu organisieren und Marketingmassnahmen zu Förderung der Rasse durchzuführen. Die Organisationen arbeiten eng mit den anerkannten Züchtervereinigungen zusammen.

6 Informationen aus dem Herdbuch

Im folgenden Kapitel werden Informationen aus dem gemeinsamen, zentralen Herdbuchsystem der Schaf- und Ziegenzuchtverbände dargestellt. Für Verbände, die sich nicht an diesem System beteiligen, wurde für das genetische Monitoring lediglich monitoring-relevante Tierdaten in das System übernommen. Daher sind einige Auswertungen für diese Verbände nicht aussagekräftig bzw. nicht vorhanden. Weiterhin muss bedacht werden, dass das zentrale Herdbuchsystem relativ neu ist, und daher die gemeinsame Datenpflege nicht immer auf dem gleichen Stand ist (z.B. aktive Besitzverhältnisse). Auf Grund einer kontinuierlichen Entwicklung der Datenpflege und Auswertung wird erwartet, dass zukünftig die Aussagekraft zur Situation des aktuellen Zuchgeschehens einer Population verbessert und somit die Beurteilung einer Zucht optimiert wird.

6.1 Verteilung auf Verbände

Die Elterntiere des Weißen Bergschafes sind vornehmlich in der BHG zu finden (siehe 2).

Abbildung 1: Regionale Verteilung der Herdbuchtiere nach Postleitzahlbezirken

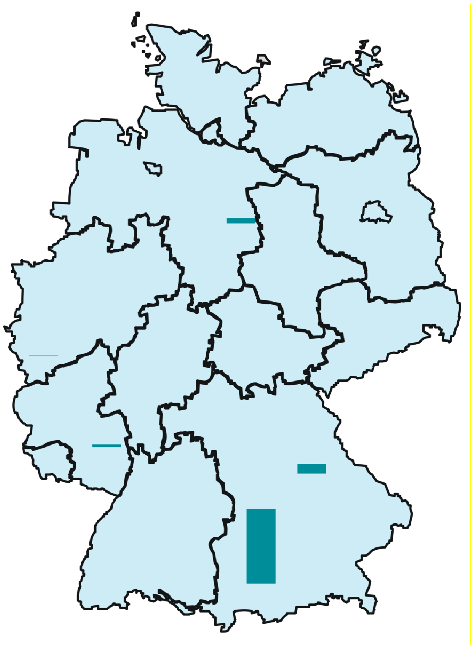


Tabelle 2: Verteilung Elterntiere auf Verbände

	Anzahl	
Verband[a]	Väter	Mütter
LSV Baden-Württemberg e.V.	5	5
LSV Niedersachsen	1	3
SZV NRW e.V.	1	17
LV Thür. Schafzüchter e.V.	0	44
BHG	39	1054
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	0	6
Hessen	2	5
Gesamt(Alle Verbände)	48	1134

[a]für Verbände ohne Herdbuchführung in serv.it OVICAP alle Tiere im Herdbuch (SH-S, ZZBW, LBZ, LZWL, LRZ)

Die Zucht erfolgt regional vornehmlich in der Alpinen Region (Postleitzahlbezirk 8), aber es aich sind einige Zuchttiere in den Bezirken 3, 6 und 9 zu finden. (siehe Tabelle 3 und Abbildung 1).

Tabelle 3: Verteilung der Tiere auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
31	3
3	5
16	6
446	8
54	9

[a]nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.2 Herdenstruktur

In Tabelle 4 zeigt sich, dass fast alle Zuchtherden von der BHG betreut werden. Nur einzelne Herden sind in anderen Verbänden zu finden. Auch aus der regionalen Verteilung der Herden wird der Schwerpunkt der Zucht in Bayern deutlich (vergl. Tabelle 5).

Tabelle 4: Anzahl Herden in den Verbänden

Anzahl[a]	Verband
1	LSV Sachsen-Anhalt e.V.
1	LV Thür. Schafzüchter e.V.
2	Hessen
2	SZV NRW e.V.
3	LSV Niedersachsen
33	BHG
42	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Tabelle 5: Verteilung der Herden auf Regionen

Anzahl[a]	Postleitzahlbereich
4	3
1	5
2	6
32	8
2	9
41	gesamt

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Die Zucht wird vornehmlich in kleinen Herden mit bis zu 20 Tieren betrieben (vergl. Tabelle 6)

Tabelle 6: Anzahl Herden verteilt auf Herdengrössenklassen nach Anzahl Schafe bzw. Ziegen

Anzahl[a]	Herdengrösse nach Anzahl Tiere
16	1 bis 9
17	10 bis 19
5	20 bis 29
3	50 bis 59
1	60 bis 69

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

6.3 Kennzahlen der Zucht

Aus den Anzahl Ablammungen kann über die Jahre auf eine gleichbleibende Zuchtaktivität geschlossen werden, wobei seit 2006 ein leicht prositiver Trend festgestellt werden kann. (vergl. Tabelle 7) Erwähnenswert erscheinen auch die Zahlen in der Feldprüfung, die durch das bayrische Verfahren ermöglocht wird, bei dem die Züchter die Gewichtsermittlung selbst

durch führen.

Tabelle 7: Entwicklung der Zucht

	Anzahl[a]				
Jahr	Ablammungen	geborene Lämmer	Feldprüfungen	Körungen	Herdbuchaufnahmen
2000	986	1510	365	21	293
2001	1031	1571	329	20	87
2002	1001	1503	386	21	143
2003	988	1501	287	31	398
2004	1060	1563	370	21	274
2005	1142	1697	360	14	239
2006	1087	1608	365	21	226
2007	1143	1674	448	24	218
2008	1208	1767	394	21	244
2009	1204	1796	390	21	235
2010	1218	1782	373	23	277
2011	1288	1909	312	21	206
2012	399	595	39	42	143

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

Beim Weißen Bergschaf ist ein starker Rückgang bei den Scrapie-Untersuchungen festzustellen (siehe Tabelle 8). Ein Grund für den Rückgang ist sicherlich in der erfolgreichen Umsetzung des TS E-Resistenzuchtprogramms zu sehen (vergl. Abschnitt **??** auf Seite ??)

Tabelle 8: Entwicklung ausgewählter Scrapie-Genotypfrequenzen

Geburtsjahr[a]	Anzahl	ARR/ARR		ARR/ARQ		ARR/AHQ		ARR/VRQ		AHQ/ARQ		ARQ/ARQ	
		%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n
2001	116	1.7	2	22.4	26	6.9	8	-	-	12.1	14	43.1	50
2002	164	2.4	4	20.7	34	6.1	10	-	-	10.4	17	47.6	78
2003	127	7.1	9	32.3	41	5.5	7	-	-	11.0	14	40.9	52
2004	84	11.9	10	35.7	30	3.6	3	1.2	1	7.1	6	38.1	32
2005	66	6.1	4	45.5	30	12.1	8	-	-	7.6	5	19.7	13
2006	64	28.1	18	28.1	18	6.3	4	-	-	7.8	5	18.8	12
2007	32	9.4	3	62.5	20	-	-	-	-	3.1	1	15.6	5
2008	14	28.6	4	35.7	5	-	-	-	-	-	-	14.3	2
2011	3	33.3	1	33.3	1	-	-	-	-	-	-	-	-

[a] nur für Verbände mit Herdbuchführung in serv.it OVICAP

7 Populationsanalyse

7.1 Übersicht Datengrundlage für das genetische Monitoring

Für das Monitoring der genetischen Variabilität der Schaf- und Ziegenrassen wurden zunächst alle in serv.it OVICAP registrierten bzw. jemals als geboren gemeldeten Tiere der betreffenden Rasse extrahiert. In Tabelle 9 sind alle seit 1990 geborenen Tiere getrennt nach Geschlecht aufgelistet. In Tabelle 10 ist eine regionale Verteilung dieser im Herdbuch seit 1990 gemeldeten Tiere aufgelistet. Das genetische Monitoring basiert auf diesen Tieren plus deren noch in serv.it OVICAP registrierten Ahnen vor Geburtsjahr 1990. Die geborenen und registrierten Tiere der Rasse „Weißes Bergschaf“ sind seit 1990 nahezu konstant mit ca. 1.800 Lämmern. Das Verhältnis der geborenen männlichen und weiblichen Tiere in Tabelle 9 ist ein Hinweis, dass nicht alle geborenen männlichen Lämmer in Herdbuchbetrieben von den Herdbuchverbänden registriert werden. Mit nur ca. 10% weniger registrierten männlichen Lämmern ist das Verhältnis aber wesentlich besser als in fast allen anderen Rassen. Aus Tabelle 10 ist eine Verteilung über alle Regionen in Deutschland ersichtlich. Die Rasse wird in Deutschland fast ausschließlich in Bayern gehalten. In anderen Regionen sind lediglich unbedeutende Tierzahlen zu finden.

Ausgangsbasis für das genetische Monitoring bilden alle noch lebenden Eltern, die seit 2004 (aktuelles Jahr (2011) -7) geboren sind. Diese Tiere werden als jüngste Elterngeneration (Generation=1) bzw. *aktuell verfügbare Zuchtpopulation* betrachtet. Aus Tabelle 11 ist ersichtlich, welche Tiere dieser Jahrgänge Eltern geworden sind und welche dieser Eltern zum Auswertungszeitpunkt (Dezember 2011) noch lebten. Die letzten 2 Spalten der Tabelle sind unter dem Vorbehalt zu interpretieren, dass in den verfügbaren Herdbuchdaten alle Abgänge vollständig verzeichnet sind.

Für die in den Spalten 6 und 7 der Tabelle 11 angegebenen noch lebenden Ausgangseltern wurden alle Ahnen bis 1960 zurück aus der Herdbuchdatenbank serv.it OVICAP des vit herausgesucht. Die Pedigrees der Tiere werden nicht mehr weiter verfolgt, sobald ein Ahne einer anderen Rasse auftritt, wobei dieser fremdrassige Ahne aber noch für das genetische Monitoring in den Daten verbleibt. Diese resultierende Datengrundlage (noch verfügbare Eltern und deren bekannte Ahnen) werden als Monitoring Datensatz B bezeichnet. Laut Tabelle 11 leben von 90 in diesen Jahren als Vatertier registrierten Schafböcken noch 42 und von 1.044 in diesen Jahren registrierten Mutterschafen noch 838. 42 noch lebende Schafböcke und 838 noch lebende Mutterschafe der Geburtsjahrgänge 2005 – 2010 bilden also die Monitoring - Ausgangspopulation (Datensatz B, bzw. Elterngeneration 1) für das genetische Monitoring des Weißen Bergschafes.

Tabelle 9: Seit 1990 geborene Tiere nach Geschlecht

	Anzahl	
Jahrgang	Männlich	Weiblich
1990	831	995
1991	831	1.084
1992	920	1.039
1993	805	966
1994	767	945
1995	743	994
1996	836	947
1997	848	934
1998	791	910
1999	768	897
2000	716	845
2001	750	889
2002	740	861
2003	690	894
2004	740	886
2005	823	938
2006	845	807
2007	756	945
2008	860	921
2009	871	949
2010	857	966
2011	894	920

Tabelle 10: Verteilung auf Verbände

Verband	Azahl Tiere
Hessen	19
LSV Baden-Württemberg e.V.	4
LSV Niedersachsen	23
LV Thür. Schafzüchter e.V.	209
SSZV (Sachsen)	2
SZV NRW e.V.	66
LSV Sachsen-Anhalt e.V.	18
BHG	47.876

Tabelle 11: Verteilung Ausgangstiere über Jahrgänge)

Jahrgang	Alle (geborene Tiere)		Anzahl Eltern (als Eltern registrierte Tiere)		noch lebende Eltern	
	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere	Böcke	Muttertiere
2005	823	938	14	188	3	121
2006	845	807	25	189	6	126
2007	756	945	17	180	10	144
2008	860	921	15	215	8	190
2009	871	949	13	189	10	174
2010	857	966	6	83	5	83
Gesamt	5.012	5.526	90	1.044	42	838

7.2 Pedigree-Vollständigkeit

Die Schätzung individueller Inzuchtkoeffizienten ist abhängig von der verfügbaren bzw. bekannten Pedigreeinformation eines Tieres, also für wie viele Generationen liegt die Abstammungsinformation mehr oder weniger vollständig vor. Die Berechnung des Inzuchtzuwachses über den Zeitablauf oder über Generationen kann nur unter Berücksichtigung von Tieren in der Ausgangspopulation erfolgen, die bezüglich der verfügbaren Pedigreeinformation zur Inzuchtberechnung Mindeststandards erfüllen und damit vergleichbar sind. Sind Abstammungspfade unvollständig bzw. nicht bekannt, ist eine korrekte Ableitung der Inzucht eines Tieres nicht möglich. Als Folge daraus würde der Inzuchtanstieg in der Population unterschätzt, was wiederum zu einer Überschätzung der effektiven Populationsgröße führen würde. Die Quantifizierung der Vollständigkeit der Pedigreeinformation eines Tieres erfolgt mit dem sogenannten "**P**edigree **C**ompleteness **I**ndex" (PCI) nach MacCluer et a. (1983). Der PCI wird als relative Pedigreevollständigkeit bezogen auf eine vorgegebene Anzahl an Ahnengenerationen ausgedrückt: Sind alle Ahnen auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite bekannt, ist der PCI = 1,00. Da er insbesondere die Pedigreeinformation im Hinblick auf die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert, wird der PCI = 0, wenn die Abstammung auf einer Elternseite vollständig fehlt.

Der PCI, bezogen auf eine bestimmte Anzahl Ahnengenerationen (k) wird nach folgenden Formeln berechnet:

$$PCI = 100 \cdot (4 \cdot I_{pat} \cdot I_{mat})/(I_{pat} + I_{mat}) \tag{1}$$

mit

$$I_{pat/mat} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} a_i \tag{2}$$

a_i = Anteil bekannter Ahnen in Generation i

D.h. bei k = 4 geforderten Ahnengenerationen erreicht ein Tier einen PCI = 1.00, wenn jeweils alle 16 Ahnen der männlichen und weiblichen Abstammungsseite bekannt sind. Fehlende jüngere Ahnen bedingen eine stärkere Reduzierung des PCI als Ahnen weiter entfernter Generationen.

Die im Folgenden für das genetische Monitoring aller Schaf- und Ziegenrassen geforderte relative Pedigreevollständigkeit von PCI $>$ 0,70 (bezogen auf 4 Ahnengenerationen) für die Tiere der Ausgangselterngeneration, ist als unterstes Limit für eine sinnvolle Ableitung der effektiven Populationsgröße zu sehen. Qualitativ höhere Anforderungen an die Pedigreevollständigkeit konnten jedoch für das Monitoring der Schaf- und Ziegenrassen nicht definiert werden, da sonst zu wenige Tiere der Ausgangspopulation für die Berechnungen übrig geblieben wären.

Die getrennt für weibliche und männliche Tiere ab Geburtsjahr 1990 in Tabelle 12 aufgeführten mittleren PCI beziehen sich auf die Monitoringpopulation B bei einer Pedigree-Tiefe von 4 Ahnengenerationen. In Abbildung 2 ist der natürliche Anstieg des PCI über die Geburtsjahre aus Tabelle 13 zusätzlich grafisch dargestellt. Je aktueller die Jahrgänge desto höher sind die PCI der Tiere. Bei Tieren der Jahrgänge von 2000 ist vielfach eine Verringerung der Pedigreevollständigkeit zu erkennen. In diese Zeit fälll in vielen Verbänden der Beginn der elektronischen Herdbuchführung und die zunehmende bundesweite Vereinheitlichung. Bei der Neuaufnahme von Tieren in die elektronische Herdbuchführung sind nicht in jedem Fall die vollständigen Abstammungen aus der geschriebenen Form übernommen worden. Es zeigt sich schon jetzt, dass sich in den Jahren nach 2000 die zentralisiertere Herdbuchführung in nunmehr einem bundesweiten Herdbuchprogramm, sehr positiv auf die vollständige Aufzeichnung der Abstammungen auswirkt.

In Tabelle 12 sind die mittleren PCI der verbleibenden Elterntiere mit PCI $>$ 0,70 aufgeführt. In Tabelle 13 sind die PCI der verbleibenden Elterntiere (PCI $>$ 0,70) und deren Ahnen nach Generationen dargestellt. Diese in Tabelle 14 beschriebene Datengrundlage wird als Monitoring Datensatz C bezeichnet und wird für die Schätzung der effektiven Populationsgröße verwendet. In Tabelle 14 sind die PCI der Tiere der Eterngeneration 1 in der Monitoringpopulation C nochmal getrennt dargestellt.

In der Monitoring - Ausgangspopulation (B, Generation 1) erreichen 31 von 42 Böcken (=74%) und 591 von 838 Mutterschafen (=71%) die erforderliche Mindest-Pedigreevollständigkeit. Sie ist damit im Vergleich zu anderen Rassen als gut zu bezeichnen. Die verbleibende Monitoring Population C des Weißen Bergschafes umfasst dann noch 2225 Tiere (Ausgangspopulation + bekannte Ahnen). Trotz der vergleichsweise noch guten Datenstruktur/Pedigreetiefe sind Teile der nachfolgenden Auswertungen zum genetischen Monitoring nur noch bedingt durchzuführen bzw. zu interpretieren.

Im Maximum sind bis zu 14 Generationen zurück Ahnen von diesen lebenden Elterntieren registriert, in der Regel aber weniger Ahnengenerationen verfügbar.

Tabelle 12: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang (derzeit lebende Elterntiere und deren Ahnen)

Jahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1980	9	0.36	14	0.36
1981	13	0.44	22	0.38
1982	10	0.50	29	0.39
1983	8	0.51	16	0.42
1984	10	0.57	27	0.47
1985	5	0.45	29	0.33
1986	7	0.67	28	0.53
1987	14	0.77	22	0.41
1988	10	0.68	33	0.47
1989	12	0.82	29	0.49
1990	16	0.82	34	0.62
1991	13	0.75	28	0.72
1992	15	0.89	34	0.64
1993	11	0.81	32	0.80
1994	13	0.86	37	0.57
1995	11	0.89	38	0.64
1996	8	0.61	50	0.75
1997	10	0.70	61	0.58
1998	12	0.81	58	0.59
1999	10	0.80	58	0.77
2000	15	0.75	44	0.75
2001	14	0.90	56	0.78
2002	18	0.94	71	0.77
2003	13	0.87	84	0.70
2004	12	0.91	65	0.68
2005	15	0.93	98	0.82
2006	22	0.89	105	0.85
2007	13	0.95	132	0.89
2008	10	0.92	169	0.93
2009	10	0.97	144	0.96
2010	5	0.92	50	0.95

Abbildung 2: Entwicklung des Pedigree-Completnes-Index

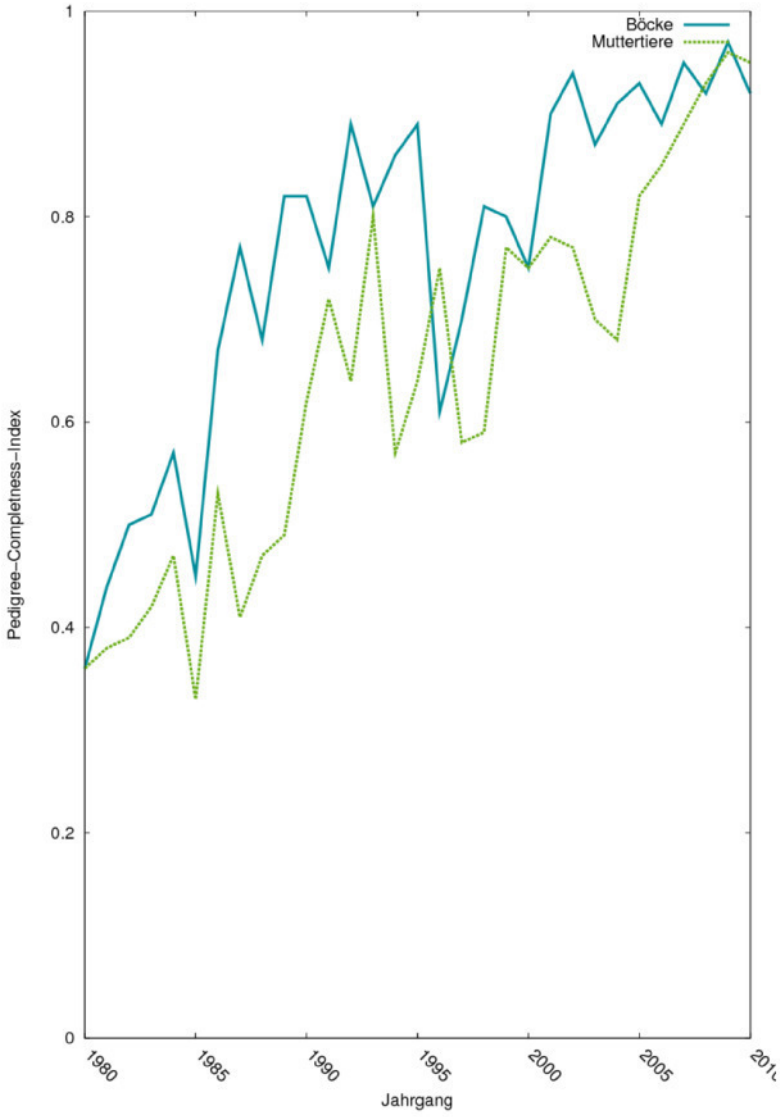


Tabelle 13: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Generation in der Monitoringpopulation C (2255 Tiere)

Generation	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
1	31	0.96	591	0.95
2	60	0.92	360	0.75
3	69	0.85	236	0.62
4	52	0.75	163	0.63
5	52	0.75	124	0.53
6	43	0.69	105	0.50
7	36	0.56	92	0.39
8	33	0.45	69	0.27
9	17	0.29	57	0.21
10	9	0.15	32	0.10
11	2	0.00	17	0.03
12	0	0.00	2	0.00
13	1	0.00	1	0.00
14	0	0.00	1	0.00
Gesamt	405		1850	

Tabelle 14: Mittlerer PCI innerhalb Geschlecht und Jahrgang in der Ausgangelternpopulation C (622 Tiere)

Geburtsjahrgang	männlich		weiblich	
	Anzahl	PCI	Anzahl	PCI
2005	3	0.95	60	0.94
2006	2	1.00	76	0.94
2007	6	0.95	103	0.96
2008	5	0.99	160	0.94
2009	10	0.97	142	0.96
2010	5	0.92	50	0.95
Gesamt	31		591	

7.3 Genanteile

Zur Abschätzung des Einflusses der wichtigsten identifizierten Fremdrassen auf die aktuelle Zuchtpopulation werde mittlere Rasse- bzw. Herkunftsgenanteile berechnet. Diese können aus den Rasseangaben der ältesten bekannten Ahnen (Gründertiere) abgeleitet werden. Ausgehend von diesen Gründertieren baut sich der Rasseanteil eines Tieres jeweils strikt über die Rasseanteile seiner Eltern auf.

$$RA_{ij} = \frac{1}{2}(RA_{vj} + RA_{mj}) \tag{3}$$

mit
RA_{ij} Genanteil bezüglich Rasse (j) des i-ten Tieres
RA_{vj} Genanteil bezüglich Rasse (j) des Vaters des i-ten Tieres
RA_{mj} Genanteil bezüglich Rasse (j) der Mutter des i-ten Tieres

Da fast keine andersrassigen Ahnen in den Pedigrees zu finden sind, ist anzunehmen, dass in den Herdbüchern aller Schaf- und Ziegenzuchtverbände nur jeweils Tiere der vorliegenden Rasse in den Abstammungsdaten geführt werden. Gesicherte Angaben zur Einkreuzung von anderen Rassen können nicht gemacht werden. Dadurch ist eine Auswertung nach Herkunftsgenanteilen nicht aussagefähig. Für die analysierten Schaf- und Ziegenrassen werden/können daher nur die prozentualen Genanteile der eigenen Rasse und die Summe der Genanteile aller anderen Rassen berechnet werden.

Die Entwicklung/Veränderung der Rasseanteile wird tabellarisch und grafisch dargestellt. Zwischenzeitliche oder kontinuierliche Einkreuzungsmaßnahmen werden dadurch sichtbar.

Die Herkunftsgenanteile, untergliedert nach der jeweils eigenen Rasse, nach der Summe über alle anderen bekannten Rassen und nach unbekannten Rassen, sind für die aktive Zuchtpopulation (Elterngeneration C) getrennt für die Vatertiere in Tabelle 15 und die Muttertiere (Tabelle 16) ausgewiesen.Da kaum fremdrassige Tiere (Ahnen) in den Herdbüchern des Weißen Bergschafes registriert wurden, ist bei den noch lebenden Elterntieren mit PCI>0,70 (Monitoring – Ausgangspopulation C) lediglich ein marginaler Fremdgenanteil $< 1\%$, bei den Böcken und Mutterschafen in gleicher Höhe, festzustellen. Die Fremdgene kommen von Ahnen anderer alpiner Schafrassen wie u.a. dem Braunen Bergschaf.

Tabelle 15: Mittlere Genanteile der Böcke der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Weißes Bergschaf	sonstige	unbekannt
2005	3	10.69	100.00	0.00	0.00
2006	2	2.78	100.00	0.00	0.00
2007	6	2.86	100.00	0.00	0.00
2008	5	4.94	100.00	0.00	0.00
2009	10	3.68	100.00	0.00	0.00
2010	5	3.08	100.00	0.00	0.00
Ges.	31	4.25	100.00	0.00	0.00

Tabelle 16: Mittlere Genanteile der Muttertiere der Monitoring-Grundlage

	Anzahl	Prozent	Genanteile der Rassen in Prozent		
Jahrgang	Tiere	Inzuchtgrad	Weißes Bergschaf	sonstige	unbekannt
2005	60	3.38	100.00	0.00	0.00
2006	76	3.33	100.00	0.00	0.00
2007	103	4.02	99.76	0.24	0.00
2008	160	3.85	99.84	0.16	0.00
2009	142	4.31	100.00	0.00	0.00
2010	50	4.35	100.00	0.00	0.00
Ges.	591	3.92	99.92	0.08	0.00

7.4 Mittleres Generationsintervall

Die effektive Populationsgröße (N_e) wird über den relativen Inzuchtzuwachs pro Generation in einer Population berechnet. Daher ist die sichere Schätzung von N_e auch abhängig von der korrekten Ableitung und Berechnung der mittleren Generationsintervalle in den Populationen mit überlappenden Generationen. Die Zucht findet in vier Selektionspfaden statt, in denen jeweils unterschiedliche Selektionsintensitäten, Selektionsgenauigkeiten und Genera-

tionsintervalle realisiert werden können. Die mittleren Generationsintervalle müssen daher in den vier Pfaden

- Väter → Väter
- Mütter → Väter
- Väter → Mütter
- Mütter→ Mütter

berechnet werden. Das Generationsintervall je Selektionspfad ergibt sich also aus dem mittleren Alter der jeweiligen Eltern bei Geburt ihrer Nachkommen. Die Berechnung in jedem Pfad erfolgt nach folgendem Schema:

1. Extraktion aller in einem Jahr geborenen weiblichen und männlichen Tiere,
2. Ermittlung der Tiere aus (1), die wiederum als Elterntiere selektiert wurden,
3. Heraussuchen der Eltern der selektierten Elterntiere aus (2),
4. Berechnung des mittleren Alters dieser Eltern (3) in den 4 Pfaden

Für die Schätzung der effektiven Populationsgröße wird dann das mittlere Generationsintervall über alle 4 Selektionspfade verwendet.

Die in Tabelle 17 angegebenen Werte beziehen sich auf das mittlere Alter (in Jahren) in den 4 Pfaden in der Ausgangselterngeneration der Monitoring-Population C, also das mittlere Alter der Eltern bei Geburt der Tiere aus Generation 1. Das mittlere Generationsintervall ist als gewichtetes Mittel über die vier Selektionspfade berechnet. Dieser Wert wird bei der Berechnung der effektiven Populationsgröße verwendet, um den relativen Inzuchtanstieg pro Generation auszudrücken, der letztendlich dann direkt mit der effektiven Populationsgröße (N_e) korrespondiert. Auf der Vaterseite ist das Generationsintervall über ein Jahr kürzer als auf der Mutterseite, dies gilt für die Väter der Böcke und der Mutterschafe. Die Böcke haben wesentlich jüngere Mütter als die Mutterschafe. Insgesamt ergibt sich für das Weiße Bergschaf ein mittleres Generationsintervall von 3,33 Jahre. Damit liegt das mittlere Generationsintervall unter dem Mittel über alle Schafrassen (ca. 3,6 Jahre).

Tabelle 17: Mittlere Generationsintervalle (Jahre) in den 4 Pfaden

Selektionspfad	Anzahl Nachkommen	Mittleres Generationsintervall
Vater auf Vater	31	2.69
Mutter auf Vater	31	3.57
Vater auf Mutter	591	2.78
Mutter auf Mutter	591	4.27

Mittleres Generationsintervall über alle Pfade beträgt 3.33 Jahre

7.5 Inzucht und effektive Populationsgröße

Der **Inzuchtkoeffizient (F)** eines Tieres ist die Wahrscheinlichkeit der Herkunftsgleichheit von Allelen eines Genortes aufgrund eines oder mehrerer gleicher Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Abstammungsseite. Er wird aus der mittleren Verwandtschaftsmatrix berechnet und ist damit ein Maß für das Risiko der Anreicherung gleicher Gene, erwünschter (mit positiver additiver Genwirkung auf Zuchtmerkmale) aber auch unerwünschter (Erbfehler).

Der Inzuchtkoeffizient ist abhängig von der Anzahl gemeinsamer Ahnen auf beiden Seiten, dem Verwandtschaftsgrad des gemeinsamen Ahnen zum Tier (Anzahl Generationen), und vom Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

$$F_i = \sum (\frac{1}{2})^{n_v+n_m+1} \cdot (1 + F_A) \tag{4}$$

mit

F_i Inzuchtkoeffizient des Tieres (i)

F_A Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen (A)

n_v Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der väterlichen Seite

n_m Anzahl Generationen zwischen Tier (i) und gemeinsamem Ahnen (A) auf der mütterlichen Seite

Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres ergibt sich als Summe über alle gemeinsamen Ahnen auf der väterlichen und mütterlichen Seite im Pedigree.

Der **relative Inzuchtzuwachs** (ΔF) kann mittels folgender Formel beschrieben werden.

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

Die **effektive Populationsgröße (N_e)** ist nach der von Wooliams (2007) beschriebenen Methode aus der Regression des logarithmierten relativen Inzuchtanstiegs über die Jahre berechnet. Der resultierende Wert wird dann noch auf das mittlere Generationsintervall bezogen.

Praktisch wird der mittlere relative Inzuchtzuwachs über die Jahre in einer Population als Regression der logarithmierten Inzuchtkoeffizienten der Tiere (i) auf den Zeitablauf (t) geschätzt. Dabei werden nur Tiere verwendet, deren Pedigreeinformation bezüglich „Pedigree Completeness Index“ (siehe Kapitel 7.2) einer definierten Mindestanforderung entspricht.

$$Log_e(1 - F_i) = b \cdot t_i + e \tag{6}$$

Der geschätzte Regressionskoeffizent (b) entspricht der Größe $-\Delta F$, also der negativen relativen Inzuchtentwicklung in einer Population pro Jahr (t). Diese Größe muss mit dem mittleren Generationsintervall (siehe Kapitel 7.4) multipliziert werden, um die relative Inzuchtentwicklung pro Generation zu erhalten.

Die effektive Populationsgröße (N_e) berechnet sich dann aus folgender Beziehung zur Inzuchtentwicklung pro Generation in einer Population.

$$N_e = \frac{1}{(2 \cdot \Delta F)} \tag{7}$$

Um den relativen Inzuchtanstieg nicht zu überschätzen bzw. die effektive Populationsgröße nicht zu unterschätzen, werden bei der Analyse nur Tiere der Monitoring-Ausgangspopulation (C) einbezogen, die einen PCI $>$ 0,70 unter Berücksichtigung von 4 Ahnengenerationen aufweisen, und deren Ahnen. Damit ist gewährleistet, dass bei den Ausgangstieren überhaupt die Chance besteht Inzucht (sofern vorhanden) zu berechnen. Allerdings ist die geforderte Pedigree-Tiefe von vier Ahnengenerationen die unterste Grenze, die noch sinnvoll ist. Besser wären 6 oder gar 8 Generationen für eine entsprechende Analyse. Bei einer so hohen Anforderung für die Ausgangstiere verbleiben dann aber zu wenige Tiere in den Daten zur Berechnung der effektiven Populationsgröße.

Aus dem Häufigkeitsdiagramm in Abbildung 3 ist die Verteilung der Tiere mit PCI $>$ 0,70 der verbleibenden Monitoring-Population C ersichtlich. In Abbildung 4 ist die Entwicklung der mittleren Inzucht dieser Tiere über die Geburtsjahrgänge veranschaulicht. Da aufgrund der kleinen aktiven Population und der verfügbaren Pedigree-Tiefen bei den verbleibenden Tieren kaum die Chance besteht die reale Inzucht festzustellen bzw. zu berechnen, kann beim Weißen Bergschaf auch der wahrscheinlich realistische relative Inzuchtanstieg nicht abgeleitet werden. Daher resultiert ein weit überschätzter Wert der effektiven Populationsgröße von N_e = 685, also größer als die absolut noch verfügbare Ausgangseltern- bzw. Zuchtpopulation. Aufgrund der unzulänglichen Daten ist die beschriebene Methodik bei der vorliegenden Population bzw. Datengrundlage nicht geeignet zur Beschreibung der noch verfügbaren genetischen Diversität.

Mittl. Generationsintervall : 3.33 Jahre
Eff. Populationsgroesse (N_e) : 684.62

Abbildung 3: Verteilung der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation

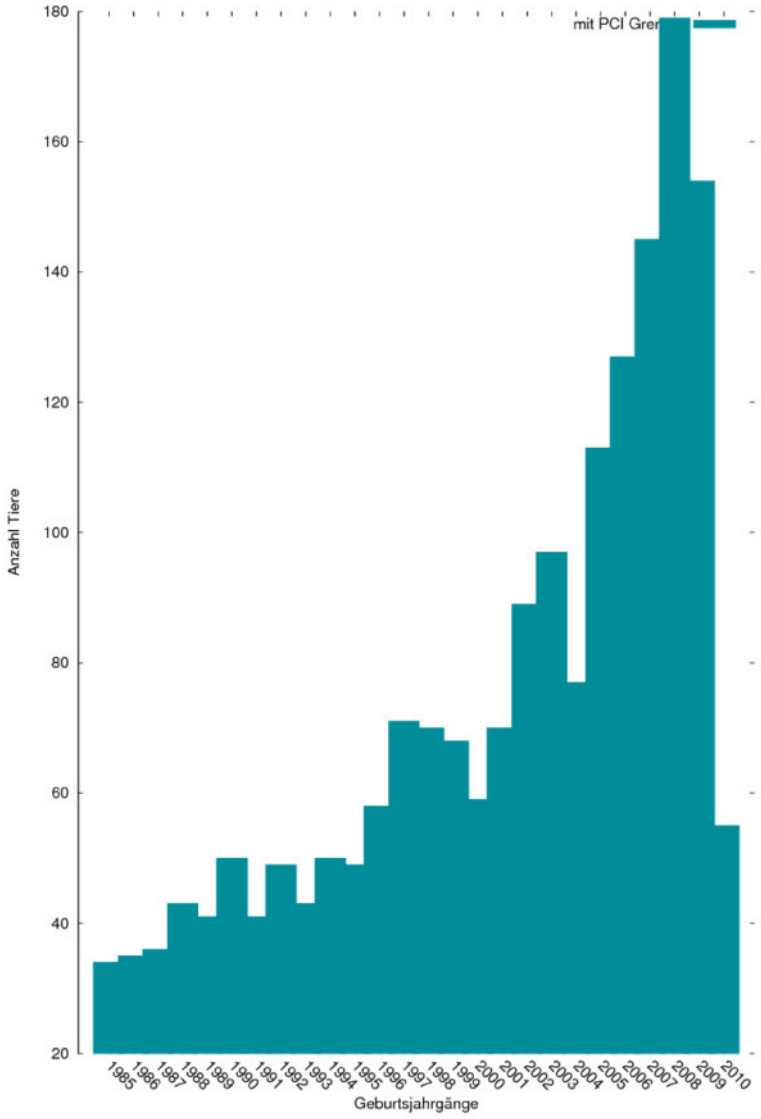
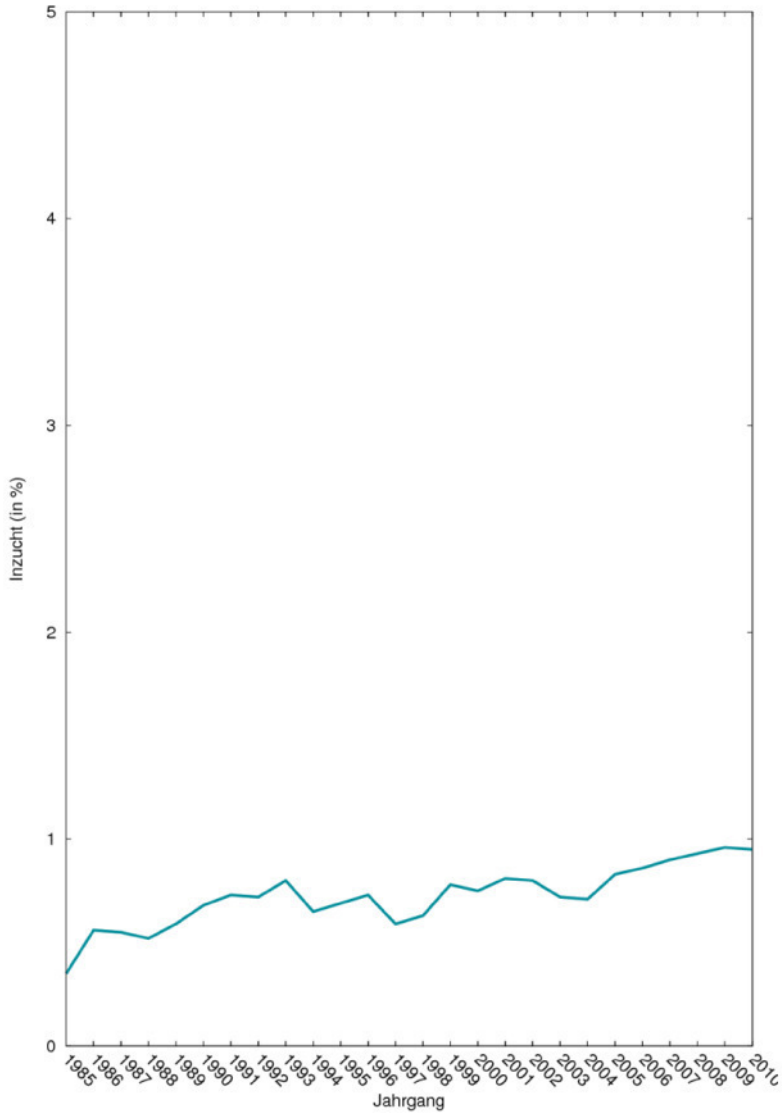


Abbildung 4: Entwicklung der Inzucht der Tiere mit PCI groesser 0.70 bei 4 Generation (mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) pro Geburtsjahrgang aller beruecksichtigten Tiere der Rasse Weißes Bergschaf)



7.6 Effektive Gründertiere und effektive Ahnen

Beim Aufbau der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere der Monitoringpopulation C können die Gründertiere (Founder, Basistiere) einer Population, bei denen die Pedigrees der Elterngeneration 1 auslaufen, identifiziert werden. Gleichzeitig können über die Off-Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die Gründertiere mit dem höchsten mittleren Verwandtschaftsgrad zur Monitoring - Ausgangspopulation (verfügbare Eltern mit PCI $>$ 0,70) festgestellt werden. In Tabelle 18 sind die absolute Anzahl Founder aufgeführt, die als Ahnen ohne weitere Abstammung in den Pedigrees der Tiere stehen. Im Fall der angegebenen männnlichen und weiblichen Founder sind es Ahnen ohne bekannte Eltern. Im Fall der Anzahl Founder gesamt werden auch Founder gezählt, von denen noch ein Elter bekannt ist. Daher sind die Zahlen nicht direkt miteinander vergleichbar.

Die **effektive Anzahl Founder (f_e)** ist die Anzahl von gleich beitragenden Basistieren, die erwartungsgemäß dieselbe genetische Diversität erzeugen würden, wie die in der vorliegenden bzw. untersuchten Population gefundene absolute Anzahl Basistiere. Hätte jedes Basistier denselben genetischen Beitrag, so ist f_e gleich der tatsächlichen Anzahl gefundener Basistiere. Daraus ergibt sich wiederum ein direkter Bezug zu den Bedingungen in einer idealen Population mit Zufallspaarung. Je gleichmäßiger die Beiträge der Basistiere in der Population verteilt sind, desto höher ist f_e. Die Anzahl effektiver Founder (Basistiere) wird nach der folgenden Formel (Boichard et al., 1997) berechnet:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2} \tag{8}$$

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 beschreiben 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.

In Tabelle 19 sind alle Basistiere mit einem Genanteil $>$ 0,5 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die abgeleitete Anzahl effektiver Gründertiere (Founder) mit f_e = 78, berechnet aus 185 absolut gefundenen Foundertieren (Tabelle 18, dürfte aufgrund der vorliegenden Datenstruktur der Realität näher kommen, bzw. eine stichhaltigere Maßzahl sein, um die genetische Diversität in der Rasse zu beschreiben. Lt. Tabelle 19 haben 5 Founder einen Genanteil $>$ 2% in der aktiven Zuchtpopulation Lediglich ein Founder-Bock hat dabei einen Genanteil von über 5%. Sonst gibt es keine dominanten Foundertiere.

Tabelle 18: Kennzahlen zu Foundertieren

	Anzahl [a]		
	gesamt	weiblich	männlich
Anzahl Foundertiere	185	76	102
Anzahl effektive Foundertiere	78		

[a] Anzahl Foundertiere auf Grund der Vollständigkeit der Pedigrees auf der jeweiligen Elternseite nicht mit der Anzahl gesamt vergleichbar (vergl. Absatz 1 in diesem Abschnitt)

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

werden die f_a wie folgt (Boichard et al., 1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \tag{9}$$

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 Unausgeglichenheiten in den Beiträgen berücksichtigt und somit wird dem Genverlust durch genetische Drift bei einer geringen Anzahl Nachkommen eines Ahnen Rechnung getragen. Gegenüber f_e berücksichtigt fa 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. Die Anzahl effektiver Ahnen (f_a) ist ebenfalls eine Kennzahl zur Quantifizierung der noch vorhandenen genetischen Variabilität in einer Population. In Tabelle 20 sind alle wichtigen Ahnen mit einem mittleren Genanteil > 2 % in der aktiven Zuchtpopulation (Elterngeneration 1 der Monitoringpopulation C) aufgelistet. Die Kennzahl effektive Ahnen, f_a = 36, weist noch deutlicher auf die erheblich eingeschränkte verfügbare genetische Diversität in der noch aktiven Zuchtpopulation hin. 12 dominante Ahnen (>2% Genanteil) sind in der aktiven Population festzustellen (siehe Tabelle 20). Drei Böcke (1992, 1996 und 1997 geboren) haben einen Genanteil von über 5% in der aktiven Zuchtpopulation. Diese dürften aber kaum einen Bottle Neck Effekt verursachen.

Die Auswertungen zu den effektiven Foundern und effektiven Ahnen weisen auf eine eingeschränkte verfügbare genetische Variabilität in der Rasse hin.

Tabelle 19: Genanteile der wichtigsten Founder in der aktiven Zuchtpopulation (Founder mit $>$ 0,5 % Genanteil)

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
090010052	21.10.1982	männlich	5.39
0910010407	23.09.1975	männlich	3.68
090180006	12.04.1978	männlich	3.65
090230317	15.03.1992	weiblich	2.75
090010045	15.04.1981	weiblich	2.70
090010221	15.12.1985	weiblich	1.82
0910010475	22.11.1975	weiblich	1.60
090010330	15.10.1988	weiblich	1.55
0910010635	08.04.1970	männlich	1.52
090030003	01.01.1971	weiblich	1.49
090160103	07.01.1985	weiblich	1.49
0910010824	18.02.1977	weiblich	1.36
090530012	03.12.1976	weiblich	1.35
0910020555	17.10.1973	weiblich	1.32
090690011	15.08.1984	weiblich	1.31
0910010147	19.09.1973	weiblich	1.30
0910010793	23.05.1972	weiblich	1.29
090030014	05.10.1976	männlich	1.23
090110140	09.12.1992	weiblich	1.12
0910010822	03.10.1977	weiblich	1.09
090010161	02.05.1985	weiblich	1.03

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
0910010304	01.01.1974	weiblich	1.00
0910010722	23.09.1971	weiblich	0.94
0910010626	24.12.1976	weiblich	0.94
090500001	01.01.1975	weiblich	0.90
097004213035	26.03.2001	weiblich	0.89
090630005	15.10.1979	weiblich	0.87
0910010618	27.10.1976	weiblich	0.86
090150043	01.01.1973	weiblich	0.81
090010196	25.09.1980	männlich	0.77
090110107	15.10.1989	weiblich	0.76
0910020566	01.10.1975	weiblich	0.75
090300112	05.09.1998	weiblich	0.75
0910020587	10.04.1977	männlich	0.72
090630013	15.06.1981	weiblich	0.71
090050003	01.01.1978	weiblich	0.71
090150077	24.11.1975	weiblich	0.66
0910010821	19.10.1977	weiblich	0.66
090030006	01.01.1976	weiblich	0.65
0910020554	26.09.1974	weiblich	0.65
0910010615	01.03.1976	weiblich	0.64
0910010438	26.10.1975	weiblich	0.62
0910010623	28.09.1976	weiblich	0.60
090200056	12.02.1989	weiblich	0.60
0910010795	15.04.1972	weiblich	0.60
090300104	14.10.1997	weiblich	0.59
0910010857	20.05.1971	weiblich	0.58
0970040950	04.11.1983	männlich	0.58
090160051	22.09.1988	weiblich	0.57
090170005	06.09.1978	männlich	0.57
0910010187	01.10.1973	weiblich	0.57
090250050	15.10.1990	weiblich	0.57
0910010538	27.10.1976	männlich	0.57
0910010569	15.10.1975	männlich	0.56
0910010378	01.10.1967	weiblich	0.56
090610133	04.02.1998	weiblich	0.55
0910010892	28.09.1978	weiblich	0.54
090320175	05.09.2003	weiblich	0.54
0910010473	13.11.1975	weiblich	0.53
090150101	26.05.1977	weiblich	0.53
0910010894	10.10.1978	weiblich	0.53
0910020597	08.09.1977	weiblich	0.52
0910010403	23.09.1975	männlich	0.51
0910020524	10.12.1973	männlich	0.50

Anzahl effektiver Ahnen : 36

Tabelle 20: Genanteile (in Prozent) der wichtigsten Ahnen der aktiven Zuchtpopulation

Tiernummer	Geb.-Datum	Geschlecht	Genanteil
090740079	23.07.1997	männlich	8.4
090230342	21.09.1996	männlich	5.7
090690089	19.04.1992	männlich	5.3
090550111	24.10.1992	männlich	4.6
090720057	11.10.1995	männlich	4.5
090640057	02.03.1995	männlich	3.8
090010361	05.11.1989	männlich	3.7
090010916	05.10.1997	männlich	3.4
090740101	04.05.2000	weiblich	2.9
090530085	02.11.1989	männlich	2.9
090740109	20.10.2001	weiblich	2.2
090010973	14.10.2001	männlich	2.1

7.7 Verwandschaft der noch verfügbaren Elterntiere

Generell sind noch alle lebenden Elterntiere (Generation 1, Monitoring Population B) als aktuell verfügbare Elterntiere zu betrachten. Für diese Tiere kann die mittlere Verwandtschaft der noch verfügbaren Vatertiere mit den noch verfügbaren Muttertieren aus der Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. Dieser Wert ist allerdings für eine zukünftige Zuchtplanung nicht sehr aussagekräftig. Daher werden in Tabelle 21 diejenigen Vatertiere mit den höchsten mittleren Verwandtschaftsgraden zu den noch lebenden Muttertieren aufgelistet. Diese Vatertiere sind mit vielen Muttertieren z.T. bereits eng verwandt. Bei der Zuchtplanung sollte daher speziell darauf geachtet werden, dass sie nur mit nicht verwandten Muttertieren verpaart werden. Über computergestützte Anpaarungsprogramme sind Anpaarungen auf verwandte Muttertiere leicht zu verhindern. Die mittlere Verwandtschaft (2,40%) der 42 Vatertiere zu den 838 Muttertieren in der noch verfügbaren aktiven Zuchtpopulation weisen ebenfalls auf eine eingeschränkte verfügbare genetische Variabilität hin.

Mittlerer Verwandschaftsgrad der Böcke zu den Muttertieren: 2.40 Prozent
bezogen auf
Anzahl verfügbare Väter: 42
Anzahl verfügbare Mütter: 838

Tabelle 21: Verwandschaft von aktiven Vatertieren mit Muttertieren

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtsschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
090610305	1.70	4.95	54.03	727	21
090150452	1.72	4.68	53.07	727	17
090160474	0.42	4.65	54.28	727	30
090650421	25.21	4.54	63.14	727	14
090300351	1.07	4.39	53.00	727	26
090160496	1.83	4.08	51.55	729	28
090610339	3.77	3.76	39.60	727	18

Weiter auf nächster Seite

Tiernummer	Inzuchtgrad	Verwandtschaftsgrad (%)		Anzahl	
	Prozent	Durchschnitt	Maximal	verwandte Mütter	Geschwister
090300326	0.81	3.58	52.10	727	13
090160483	0.69	3.56	32.47	727	15
090030340	0.54	3.53	50.64	728	17
090710294	3.35	3.43	53.30	728	22
090250259	6.80	3.40	35.19	731	24
DE010990210020	0.65	3.36	50.73	727	8
090160558	1.69	3.12	52.60	737	20
090210199	0.17	3.06	50.22	727	23
DE010990710004	0.56	3.00	50.93	728	3
090760170	1.27	2.96	33.53	727	6
090030339	0.00	2.86	50.13	728	16
090160541	0.44	2.83	50.76	737	19
090340352	3.38	2.75	53.79	727	7
090710309	0.76	2.73	50.83	728	16
090740214	0.00	2.55	52.83	727	7
090760154	0.00	2.51	37.93	727	5
090150362	0.11	2.51	56.60	727	13
090110278	3.28	2.47	52.80	727	7
090190417	0.36	2.39	18.38	727	0
090250222	0.00	2.13	62.52	737	24
090650548	1.11	2.10	34.69	727	14
DE010990080004	1.30	2.07	18.40	727	0
090760147	0.00	1.65	50.30	727	2

7.8 Bewertung der Monitoringergebnisse

Die in den vorhergehenden Kapiteln angegeben Werte zum genetischen Monitoring der Rasse sind Ergebnis von Analysen auf der Basis verfügbarer, konsolidierter und geprüfter Abstammungsdaten.

Aufgrund der aktuell vorliegenden Zahlen kann folgende Bewertung vorgenommen werden::aufzaehlung:

Die Datengrundlage, vor allem was die Anzahl Tiere und die mittlere Pedigree-Tiefe der aktuell lebenden Zuchtpopulation betrifft, ist nur bedingt ausreichend für fundierte genetisch statistische Auswertungen, vor allem nicht für die Schätzung der effektiven Populationsgröße (N_e). Da zu wenig Ahnen in den Daten bekannt sind, kann die tatsächliche Inzucht je Tier und damit auch der relative Anstieg der mittleren Inzucht über die Geburtsjahre nicht real eingeschätzt werden. Die ausgewiesene effektive Populationsgröße ist daher weit überschätzt bzw. nicht real.

Das entsprechende Kriterium abgeleitet aus dem Schätzwert für effektive Gründertiere (Founder) bzw. effektive Ahnen entspricht besser der Realität und weist auf eine eingeschränkte genetische Diversität in der Rasse hin.

Nach diesen Zahlen ist ein gezieltes Zuchtprogramm für die Rasse vorzusehen, d.h. ein geplanter Austausch von Böcken zwischen Herden.

Zur Erhaltung und Ausweitung der genetischen Breite der Rasse ist der Austausch von

Zuchttieren mit anderen alpinen Subpopulationen fortzusetzen oder gar zu intensivieren.

Danksagung

Die Schaf- und Ziegenzucht hatte vor dem Monitoring keine einheitliche Datenbasis. Erst die Verbindung der einzelnen Datentöpfe zu einem Ganzen ermöglichte diese bundesweite Auswertung im Rahmen dieses Projekts. Dank der kontinierlichen Bereinigung der mehrfach erfassten Tiere durch alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Zuchtverbände konnte eine auswertungsfähige Datenbasis geschaffen werden. Ein Dank an alle, die fleißig mitgewirkt haben.

Ein Dank auch an alle, die Informationen rund um die Rasse zur Zuchtgeschichte usw. zusammengestellt und zur Verfügung gestellt haben.

An dieser Stelle ein herzliches Dankeschön an alle Züchter, die durch ihren unermüdlichen Einsatz für die Tiere die Basis schaffen für den Erhalt und Weiterentwicklung der Rassen. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Schaf- und Ziegenzucht sei diese Auswertung eine weitere Hilfestellung für die Züchter.