



Universität für Bodenkultur Wien

Department für nachhaltige
Agrarsysteme

Institut für Nutztierwissenschaften

Inzuchtdepression beim Murbodner Rind

Masterarbeit

von

JOHANNA BÄCKENBERGER, BAKK. TECHN.

zur Erlangung des akademischen Grades

Diplomingenieurin der Nutztierwissenschaften (Dipl.– Ing.)

Betreuer und Beurteiler:

PD Dr. Birgit Fürst-Waltl

Mitbetreuer:

PD Dr. Roswitha Baumung

eingereicht am 1.Juli 2011

Institut für Nutztierwissenschaften

Department für nachhaltige Agrarsysteme

der Universität für Bodenkultur, Wien

EIDESSTATTLICHE ERKLÄRUNG

Hiermit erkläre ich an Eides Statt, dass ich die vorliegende Diplomarbeit selbstständig und ohne fremde Hilfe verfasst, andere als die angegebenen Quellen nicht verwendet und die daraus wörtlich oder inhaltlich entnommenen Stellen als solche kenntlich gemacht habe.

Diese Arbeit wurde bisher weder in gleicher noch in ähnlicher Form einer anderen Prüfungsbehörde vorgelegt und auch noch nicht veröffentlicht.

Wien, am 1.Juli 2011

Johanna Bäckemberger

Abstract

In the present study the effects of inbreeding on beef performance traits (Birth-, 200-day- and 365-day-Weight) as well as on reproduction traits (calving ease and stillbirth rate) in Murboden cattle were examined. Furthermore some measures of genetic diversity were estimated for this cattle breed. A significant inbreeding depression was found for all production traits. Compared to non-inbred animals, individuals with an inbreeding coefficient of 10% had a 0.4kg, 5.7kg and 14.8kg lower birth weight, 200-day-weight and 365-day-weight, respectively. The effects of inbreeding on the reproduction traits calving ease and stillbirth rate were not significant in any model. However, a trend that births are more easily in inbred cows and a higher stillbirth rate when calves were inbred could be observed.

The genetic variability within the breed Murboden cattle is relatively high. This is especially important as this cattle breed takes part in the programme to preserve genetic diversity of the ÖPUL (Austrian Agrienvironmental programme) and is rated as highly endangered. Hence, currently there is no cause for concern at the moment.

In der vorliegenden Masterarbeit wurde die Auswirkung von Inzucht auf Fleischleistungsmerkmale (Geburts-, 200-Tage- und 365-Tage-Gewicht), sowie auf Reproduktionsmerkmale (Kalbeverlauf und Totgeburtenrate) für die Rinderrasse Murbodner untersucht. Weiters wurden Kennzahlen der genetischen Diversität für diese Rasse geschätzt. Inzucht wirkte sich in allen drei Produktionsmerkmalen signifikant negativ aus. Tiere mit einem Inzuchtkoeffizienten von 10% hatten um 0,4, 5,7 und 14,8 kg verringerte Geburts-, 200-Tage-, und 365-Tage-Gewichte verglichen mit nicht ingezüchteten Tieren.

Der Einfluss von Inzucht konnte weder für das Merkmal Kalbeverlauf, noch für die Totgeburtenrate, als signifikant nachgewiesen werden. Es ließ sich jedoch ein Trend zu leichteren Kalbeverläufen bei ingezüchteten Kühen und mehr Totgeburten, wenn die Kälber ingezüchtet waren, erkennen.

Die genetische Variabilität innerhalb der Rasse Murbodner ist, besonders in Anbetracht der Tatsache, dass diese im Generhaltungsprogramm des ÖPUL (Österreichisches Programm zur Förderung einer umweltgerechten, extensiven und den natürlichen Lebensraum schützenden Landwirtschaft) nach wie vor als „hoch gefährdet“ eingestuft ist, relativ hoch und aus momentaner Sicht nicht Besorgnis erregend.

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung und Problemstellung	8
2	Ziele und Forschungsfragen	9
2.1	Ziele	9
2.2	Forschungsfragen	9
3	Literaturübersicht	10
3.1	Das Murbodner Rind als gefährdete Rasse	10
3.1.1	Definition des Begriffes <i>Rasse</i>	10
3.1.2	Ursachen für die Gefährdung von Rassen	12
3.1.3	Erhaltungswürdigkeit seltener Nutztierassen	13
3.1.4	Maßnahmen zur Bewahrung gefährdeter Haustierrassen	16
3.1.4.1	Historischer Hintergrund	16
3.1.4.2	Methoden um bedrohte Rassen zu erhalten	18
3.1.4.3	Organisationen in Österreich	19
3.1.5	Rasseportrait und Zuchtprogramm des Murbodner Rindes	22
3.1.5.1	Geschichtliche Entwicklung	22
3.1.5.2	Charakteristische Merkmale und Eigenschaften	29
3.1.5.3	Leistung/ Nutzung	32
3.1.5.4	Zuchtprogramm (MURBODNER 2010)	36
3.2	Inzucht und ihre Folgen	38
3.2.1	Definition und Maßzahlen der Inzucht	38
3.2.2	Auswirkungen von Inzucht	40
3.2.3	Natürliche Strategien um Inzucht zu vermeiden	44
3.2.4	Züchterische Maßnahmen zur Minimierung der Inzucht	46

3.3	Genetische Vielfalt	47
3.3.1	Methoden zur Bestimmung der genetischen Diversität	49
3.3.1.1	Pedigreeanalyse	49
3.3.1.2	Molekulare Marker	53
3.4	Wichtige Merkmale für Fleisch- und Generhaltungsrasen	55
3.4.1	Definition der Reproduktionsmerkmale Kalbeverlauf und Totgeburtenrate	55
3.4.2	Definition der Leistungsmerkmale Geburts-, 200 Tage- und 365 Tage- Gewicht	56
<u>4</u>	<u>Material und Methoden</u>	<u>57</u>
4.1	Daten	57
4.2	Methoden	62
4.2.1	Inzuchtdepression	62
4.2.2	Genetische Variabilität	65
<u>5</u>	<u>Ergebnisse und Diskussion</u>	<u>67</u>
5.1	Inzucht und ihre Auswirkungen auf ausgewählte Merkmale	67
5.1.1	Aktueller Inzuchtstatus in der Murbodnerpopulation	67
5.1.1.1	Vergleich mit anderen Rinderrassen und Nutztierarten	68
5.1.2	Inzuchtdepression	73
5.1.2.1	Inzuchtdepression und Reproduktion	73
5.1.2.2	Inzuchtdepression und Gewicht	75
5.2	Genetische Vielfalt	80
<u>6</u>	<u>Schlussfolgerungen</u>	<u>89</u>
<u>7</u>	<u>Zusammenfassung</u>	<u>90</u>

<u>8</u>	<u>Summary</u>	<u>91</u>
<u>9</u>	<u>Verzeichnis</u>	<u>92</u>
9.1	Abbildungsverzeichnis	92
9.2	Tabellenverzeichnis	93
9.3	Literaturverzeichnis	94

Abkürzungen

AUS	Ausschlachtung (%)
Bzw.	beziehungsweise
BMLFUW	Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft
CBD	United Nations Convention on Biological Diversity
E+U%	HKLU E und U (%)
EVT	Europäische Vereinigung für Tierproduktion
F	Inzuchtkoeffizient
F_a	Effektive Anzahl Ahnen
F_e	Gründeräquivalent
G	Geschlecht
GE	Gelbvieh
GEH	Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V.
GG	Geburtsgewicht
GS	Genostar
HKL	Handelsklasse (EUROP)
KB	Künstliche Besamung
LKV	Landeskontrollverband
MB	Murbodner Rind
N_e	Effektive Populationsgröße
N_g	Effektive Anzahl Gründergenome
NTGZ	Nettotageszunahmen
ÖNGENE	Österreichische Nationalvereinigung für Genreserven
ÖPUL	Österreichisches Programm zur Förderung einer umweltgerechten, extensiven und den natürlichen Lebensraum schützenden Landwirtschaft
RBST	Rare Breed Survival Trust
SAVE	Sicherung der landwirtschaftlichen Artenvielfalt in Europa
VEGH (heute Arche Austria)	Verein zur Erhaltung gefährdeter Haustierrassen

1 Einleitung und Problemstellung

Der Murbodner zählt zu den gefährdeten Rinderrassen Österreichs. Obwohl sich die Bestandeszahlen seit den Fördermaßnahmen durch das ÖPUL (Österreichisches Programm zur Förderung einer umweltgerechten, extensiven und den natürlichen Lebensraum schützenden Landwirtschaft) zusehends erholt haben, ist die Population mit aktuell 3332 Herdbuchkühen relativ klein. Gerade unter solchen Bedingungen kommt der Inzucht und ihren Auswirkungen immer eine gewisse Bedeutung zu. Abgesehen von der geringen Tierzahl führt die künstliche Besamung (KB), speziell im Rinderbereich, zu einer Steigerung der Inzucht. Durch die KB können einzelne Spitzenvererber sehr oft eingesetzt werden und so kann ein sehr guter Besamungstier auch mehrere tausend Nachkommen zeugen.

Thema dieser Arbeit ist die Untersuchung der Auswirkung von Inzucht auf die quantitativen Merkmale Geburts-, 200- und 365-Tage- Gewicht, sowie auf die funktionalen Merkmale Kalbeverlauf und Totgeburtenrate.

Inzucht, welche die Folge von Paarungen verwandter Tiere ist, ist seit den Anfängen der Tierzucht ein zentrales Thema. Da Inzucht eine intensive Reinzuchtmethode darstellt, wurde sie in der Tierzucht immer wieder bewusst angewendet. Allerdings besteht dabei auch die Gefahr, dass die Leistungsfähigkeit, aber auch die Fitness vermindert wird (WILLAM und SIMIANER 2011). Besonders Fitness- und Reproduktionsmerkmale reagieren sensibel auf Inzucht. Vieles ist in diesem Zusammenhang bis heute ungeklärt. Wie sich diese jedoch letztendlich tatsächlich auswirkt hängt von mehreren Faktoren ab. Neben genetischen sind auch Umwelteinflüsse, sowie Genotyp-Umweltinteraktionen von Bedeutung (Köck 2008).

Die Bewahrung der genetischen Variabilität ist bei gefährdeten Nutztierassen das Hauptziel. Sie wird durch Vermeidung von zu starker Inzucht innerhalb einer Population gefördert und kann in Hinblick auf das Fortbestehen einer Rasse entscheidend sein. Denn die genetische Vielfalt ist Voraussetzung für die Verwirklichung von Zuchtfortschritt und ermöglicht den Züchtern die Anpassung der Selektion an sich ändernde Marktbedingungen.

Lange Zeit wurde die genetische Diversität anhand der effektiven Populationsgröße beschrieben. Heute stehen zu diesem Zweck auch noch einige weitere Kennzahlen (effektive Anzahl Gründertiere, Ahnen und Gründergenome) zur Verfügung. Diese sind neben den Auswirkungen von Inzucht auf ausgewählte Merkmale ebenfalls Inhalt dieser Arbeit.

2 Ziele und Forschungsfragen

2.1 Ziele

In dieser Arbeit soll untersucht werden, ob Inzucht die Reproduktionsmerkmale Kalbeverlauf und Totgeburtenrate, sowie die Leistungsmerkmale Geburts-, 200-Tage- und 365-Tage-Gewicht in der aktuell lebenden Murbodnerpopulation beeinflusst.

Es sollen außerdem Kennzahlen der genetischen Diversität (Effektive Anzahl Ahnen, Effektive Anzahl Gründer, Effektive Anzahl Gründergenome) berechnet und im Vergleich mit jenen von weiteren österreichischen Rinder- sowie anderer Nutztierassen diskutiert werden.

2.2 Forschungsfragen

Spielt Inzucht/ Inzuchtdepression in der Murbodner- Population eine Rolle? Wenn ja, in welcher Hinsicht und in welchem Ausmaß?

Welche Auswirkungen haben Inzuchtdepressionen, falls sie vorkommen, auf ausgewählte Merkmale (z.B. 200- Tage- Gewicht, Kalbeverlauf)?

Wieviele und welche Tiere in der Ahnenreihe sind am maßgeblichsten am Inzuchtstatus der aktuell lebenden Murbodnerpopulation beteiligt?

3 Literaturübersicht

3.1 Das Murbodner Rind als gefährdete Rasse

3.1.1 Definition des Begriffes *Rasse*

Der Begriff *Rasse* hat seinen Ursprung im Arabischen und leitet sich vom Wort *ras* ab. In diesem Sinne heißt es soviel wie Gebirgszug, was einen Hinweis darauf liefert, dass die geographische Isolierung von Tieren bei deren Rassenbildung oft eine entscheidende Rolle gespielt hat (BAUMUNG et al. 2009, SAMBRAUS 1994 b). Um Tiere einer Art in einem bestimmten Gebiet zusammenzufassen etablierte sich das Wort *Rasse* zunächst in Frankreich. Von dort wurde der Begriff als *race* ins Deutsche übernommen und vorerst nur bei Pferden verwendet. Er beschränkte sich in seiner Bedeutung auf Individuen einer Art in einer bestimmten Gegend. Das Kriterium, dass diese Tiere eines Gebietes zusätzlich ein annähernd gleiches Äußeres aufweisen mussten, um einer bestimmten Rasse anzugehören, kam erst ab dem Ende des 18. Jahrhunderts hinzu (SAMBRAUS 1994 b).

In der Tierzucht findet der Ausdruck *Rasse* seit einigen Jahrhunderten Verwendung und bezeichnete ursprünglich die Gesamtheit aller Tiere einer Art in einem definierten Gebiet. Obwohl sich diese bezüglich ihrer Größe, ihrem Aussehen oder ihren erbrachten Leistungen oft durchaus maßgeblich voneinander unterschieden, hatten sie dennoch Gemeinsamkeiten in bestimmten Merkmalen, aufgrund derer sie sich deutlich von Populationen anderer Areale differenzieren ließen. Eine Rassenzucht im heutigen Sinne wurde erst in der zweiten Hälfte des 18. Jahrhunderts begonnen. Diese ist geprägt durch eine klare Vorstellung von Zuchtzielen. Zur Vermehrung von Tieren einer Rasse wurden demnach Elterntiere, die diesen Zuchtzielen am besten entsprachen, eingesetzt. Als Instrument, um erzielte Zuchtfortschritte in einer Population zu festigen, spielte Inzucht eine wesentliche Rolle (SAMBRAUS 1994 a).

Eine sehr allgemeine Formulierung versteht unter der Bezeichnung *Rasse* eine Gruppe von Haustieren, welchen eine gemeinsame Zuchtgeschichte zugrunde liegt, und die daher einander in physiologischen, ethologischen und leistungsspezifischen Merkmalen annähernd gleichen. Für einige Kennzeichen gilt diese Definition bei genauer Betrachtung allerdings nur unter gewissen Vorbehalten. So können Tiere ein und derselben Rasse zum Beispiel in ihrer Farbgebung häufig stark

variieren. Speziell was die meisten europäischen Pferderassen betrifft, ist die Färbung annähernd bedeutungslos.

Besonders deutlich und eingehend definiert der Hippologe Jasper Nissen den Rassebegriff in seinem dreibändigen Werk „Enzyklopädie der Pferderassen“. Er fasst unter dieser Bezeichnung alle Tiere einer Art zusammen, denen gleiche Erbanlagen und daraus resultierend die Entwicklung gleicher Eigenschaften, unter einander ähnelnden Umweltbedingungen, gemeinsam sind und die sich aufgrund dieser Gleichartigkeit von anderen Tieren der Art eindeutig unterscheiden. Aufgrund ihrer Erbanlagen können sie zu einer Population zusammengefasst werden. Durch Selektion von Tieren in eine bestimmte Richtung und durch deren isolierte Vermehrung bilden sich Rassen. Normalerweise erfolgt die Zusammenfassung von Tieren einer Art zu einer Rasse nach mehreren Kriterien. Diese können zum Beispiel Farbe, Verbreitungsgebiet, physiologische Fähigkeiten sowie Verhaltensmerkmale, aber auch Leistungspotentiale und Abstammung sein (Nissen 1997, zit. nach Haller 2000).

Seit geraumer Zeit wird gelegentlich der Begriff *Population* an Stelle des Ausdrucks *Rasse* gebraucht. Eine Definition ist dadurch aber nicht einfacher zu formulieren, denn unter einer Population kann von den Tieren eines Zuchtverbandes bis hin zur Gesamtheit aller domestizierten Tiere einer Art alles gemeint sein. Im Großen und Ganzen können die beiden Begriffe *Rasse* und *Population* aber durchaus synonym verwendet werden (SAMBRAUS 1994 b).

Unabhängig davon, wie man den Begriff der *Rasse* auch immer definieren und eingrenzen mag, steht jedoch mit Sicherheit fest, dass es sich bei einer Rasse um nichts Gleichbleibendes, sondern ganz im Gegenteil, um etwas sehr Variables handelt. Ein sich ändernder Zeitgeist, unterschiedliche wirtschaftliche Bedingungen, sowie sich wandelnde Erwartungen an tierische Produkte (sowohl in quantitativer als auch in qualitativer Hinsicht) beeinflussen das angestrebte Zuchtziel einer Rasse und somit schließlich diese selbst. Es wird hierbei jedoch meist darauf geachtet, dass Färbung und Farbverteilung der Tiere einer Rasse möglichst erhalten bleiben. Ursprüngliches Ziel einer im Aussehen möglichst einheitliche Rasse war es, anhand bestimmter sichtbarer Merkmale zumindest näherungsweise Schlüsse, in Hinblick auf die Leistungen eines Tieres, ziehen zu können. Viele Einkreuzungen und möglicherweise daraus resultierende Leistungsverschlechterungen zeigten sich im veränderten Aussehen der Nachkommen.

Dass es häufig innerhalb einer Rasse starke Variationen zwischen Individuen gibt, ist durch Ausdrücke wie *Linie* oder *Schlag* gekennzeichnet. Der *Typ* einer Rasse ist entscheidend für deren Leistung und sichert unter Umständen ihr Überleben (SAMBRAUS 1994 b).

3.1.2 Ursachen für die Gefährdung von Rassen

Schon im 19. Jahrhundert kam es in vielen Rassen, aufgrund eines gesteigerten Fokus auf quantitativ messbare Leistungen, zum Rückgang der Bestände. Diese Entwicklung der Zucht auf größere Produktionsmengen konnte zum Glück nicht für alle Rassen angewendet werden, da in klimatisch rauerer Gebieten mit eher karger Futtergrundlage das Hauptaugenmerk auf Robustheit und Anspruchslosigkeit der Tiere gelegt werden musste.

Ab Mitte des 19. Jahrhunderts machte es der Bau der Eisenbahn auch Landwirten in entlegenen und weit von den Märkten der Städte entfernten Gebieten möglich, Ballungszentren mit ihren tierischen Produkten (vor allem Frischfleisch und Milchprodukte) zu beliefern. Dadurch stieg auch für sie der Anreiz leistungsstärkere Tiere zu züchten. Viele Landrassen, Lokalschläge, aber auch großräumig verbreitete Rassen wurden auf diese Weise verdrängt (SAMBRAUS 1994 a). Diese definiert *Adametz 1926* in seinem „Lehrbuch der allgemeinen Tierzucht“ als „in bestimmten Gegenden alteinheimische und daher wohl angepasste Haustierrassen, die noch keine züchterische Höhe erreicht haben“. Ihm war die Bedeutung der Erhaltung solcher Rassen als Genreserven bereits in den 1920er Jahren bewusst.

Verstärkt wurde die Entwicklung der Leistungszucht durch staatliche Institutionen, die den Vormarsch leistungsbetonter Tiere unterstützten, dafür an Restpopulationen eher wenig Interesse hatten. In einer Zeit in der die Nachfrage an genormten Handelsgütern und Produkten stetig stieg, wuchs ebenso auch der Wunsch nach „genormten“ Tierbeständen. Für Abweichungen, in welcher Hinsicht auch immer, gab es kaum noch einen Platz.

Zuchtverbände von weit verbreiteten Rassen mit einer entsprechend breiten Zuchtbasis bedienten sich zudem schon relativ früh der züchterischen Maßnahmen wie Zuchtplanung, gezielte Selektion und Leistungsprüfungen. Zusätzlich kamen auch bereits die künstliche Besamung, sowie der Import von lebenden Tieren und Sperma zur Anwendung. Eine Methode, um einer Rasse zu einer breiteren

Zuchtbasis zu verhelfen, war gelegentlich das Zusammenfassen von ursprünglich mehreren eigenständigen Rassen. Auch die Aufgabe von Rassen mit annähernd gleichen Leistungspotentialen zugunsten einer einzigen unter all diesen („Rassebereinigung“ im 3.Reich) führte zur Verringerung der Rassenvielfalt im Nutztierbereich. Es ist anzunehmen, dass hierbei die Bevorzugung einer Rasse vor einer anderen häufig nach völlig subjektiven Gesichtspunkten vollzogen wurde (SAMBRAUS 1994a, MAIJALA 1970, zit. nach SAMBRAUS 1994 b).

3.1.3 Erhaltungswürdigkeit seltener Nutzierrassen

Die Bewahrung alter und selten gewordener Nutzierrassen verdient nicht nur aus rein ideeller Sicht Beachtung. Es gibt durchaus auch ökonomische Aspekte, die eine wirtschaftliche Tierzucht mit solchen Rassen erlauben. Im Wesentlichen lassen sich die Argumente für die Erhaltung gefährdeter Rassen in zwei Kategorien einteilen: kulturelle und genetische (SAMBRAUS 1994 b).

Viele Naturlandschaften entstanden durch die fortwährende bäuerliche Kultur und sind durch Menschen und den von ihnen gehaltenen Lokalrassen geprägt. Nach und nach wurden nicht nur die umwelt- und naturschutzrelevante, sondern auch die touristische Bedeutung solcher Gebiete erkannt und das Interesse an ihrem Erhalt nahm zu. Die Bewahrung von Naturlandschaften wird oft ausschließlich durch eine schonende und extensive Bewirtschaftung gesichert. In Österreich sind es vor allem alpine Kulturlandschaften, die einen nicht zu verachtenden Marktwert erlangt haben und die vielfach nur durch den Einsatz alter Rassen, die schon maßgeblich zu ihrer Entstehung beigetragen haben, in ihrer Ursprünglichkeit erhalten werden können. Die Ableitung eines direkten wirtschaftlichen Nutzens ist in diesem Fall bedingungslos möglich.

Ein berühmtes Beispiel für die Verwendung alter Rassen zum Erhalt von Kulturlandschaften ist die Lüneburger Heide in Deutschland. Durch die Fressgewohnheiten der Heidschnucke entgeht sie der Verwaldung und Verbuschung und verdankt dieser Schafrasse ihre landschaftliche Einzigartigkeit.

Auch darf nicht außer Acht gelassen werden, dass alte heimische Nutzierrassen aufgrund ihrer optimalen Anpassung an vorherrschende Gegebenheiten im Vergleich zu modernen Leistungsrassen meist geringere Ansprüche an Futter und Management haben. Dies bewirkt unter Umständen eine wirtschaftliche, aber auch aus ökologischer Sicht bedingte Konkurrenzfähigkeit gegenüber unseren heutigen Hochleistungsrassen (SAMBRAUS 1994 b).

Es ist zum Beispiel erwiesen, dass verschiedene Rassen über unterschiedliche Resistenzen gegenüber Krankheiten verfügen, vor allem, wenn diese durch Parasiten verursacht werden. Auch eine Überlegenheit von Landrassen hinsichtlich der Verwertung von Futter, das in mancherlei Hinsicht vielleicht etwas mangelhaft ist (geringer Energiegehalt, Mangel an bestimmten Amino- oder Fettsäuren oder wichtiger Mineralstoffe etc.), gegenüber unseren Hochleistungsrassen ist denkbar (SAMBRAUS 1994 b). Im Mutterkuhbereich können Eigenschaften wie Robustheit und Anpassung an lokale Gegebenheiten zu entscheidenden Vorteilen in Hinblick auf die Wirtschaftlichkeit der Tierhaltung werden (BAUMUNG et al. 2009). Sehr wahrscheinlich kann sich also der Einsatz von Tieren, deren Leistungen heute in Reinzucht nicht überzeugen, in streng durchdachten Kreuzungszuchtprogrammen aufgrund gut genutzter Hybridisations- bzw. Heterosiseffekte finanziell sehr wohl rentieren (BAUMUNG et al. 2009, MAIJALA 1970 und MAIJALA et al. 1984, zit. nach SAMBRAUS 1994 b). Speziell in Entwicklungsländern kann die Verwendung autochthoner Rassen in Verbindung mit Leistungsrassen im Bereich der Kreuzungszucht von Vorteil sein. Eine Überlegenheit solcher Kreuzungstiere gegenüber hoch gezüchteten Leistungsrassen wäre aufgrund des geringeren Aufwandes in ihrer Haltung und einer besseren Robustheit gegenüber extremen Umweltbedingungen vorstellbar.

Ein weiterer Aspekt, der für die Erhaltung der Rassenvielfalt spricht ist, dass sich schwer vorhersehen lässt, wie sich Marktanforderungen oder Umweltbedingungen in den nächsten Jahrzehnten entwickeln werden. Es ist vorstellbar, dass einem Wandel durch seltene Rassen entsprochen werden kann, weil sie vielleicht seit jeher über neuerdings geforderte Produkteigenschaften verfügen. Dadurch besteht eventuell die Möglichkeit, auf sich ändernde Konsumentenwünsche sofort reagieren zu können (BAUMUNG et al. 2009). Der Erhalt möglichst vieler verschiedener Rassen ist die beste Möglichkeit auf künftige Unsicherheiten vorbereitet zu sein. Vielleicht gewinnen genetisch determinierte Eigenschaften alter Rassen, die bisher nicht erkannt oder auch einfach nicht beachtet wurden, in Zukunft an Bedeutung. Möglicherweise entstehen durch Kreuzungszucht auch neue Rassen, die unseren heutigen Populationen, in welcher Hinsicht auch immer, überlegen sind (BAUMUNG et al. 2009, SAMBRAUS 1994 b).

Ein anschauliches Beispiel dafür, dass sich Ansprüche der Käufer an tierische Produkte rasch ändern können, liefert die Geschichte des Pietrain- Schweins. Kurze Zeit nach dem 2. Weltkrieg spielte diese Rasse für die Erzeugung von Schweinefleisch praktisch keine Rolle mehr und es existierte darauf hin nur noch ein einziger größerer Bestand. An seiner Stelle wurden begründeter Weise „Speckschweine“ eingesetzt. Schon wenige Jahre später wurde das Pietrain- Schwein jedoch

aufgrund seiner herausragenden Fleischfülle zu einer der wichtigsten Rassen in Kreuzungszuchtprogrammen. Ebenso beschreibt *Maijala 1970* den starken Rückgang des Finnischen Landschafes in den 1960er Jahren. Von über einer Million Individuen im Jahr 1950 gingen die Bestandeszahlen bis zum Jahr 1967 auf nur mehr etwa 150 000 zurück. Eine große Wende nahm diese Entwicklung abnehmender Tierzahlen jedoch als erkannt wurde, dass die enorme Fruchtbarkeit des Finnschafes einen Vorteil in der Intensivlämmermast bieten könnte. Daraufhin wurde es mit unzähligen anderen Rassen gekreuzt (MAIJALA 1970, zit. nach SAMBRAUS 1994 b).

H. H. Sambraus schreibt 1994 in seinem Buch „Gefährdete Nutztierassen“ sehr treffend: „Die Produkte vieler Landrassen sind noch nicht ausreichend auf mögliche Vorteile hin untersucht worden. Diese Rassen aufzugeben wäre gleichbedeutend mit dem Fortwerfen eines ungeprüften Lottoscheines, nur weil die Aussicht auf einen Gewinn gering ist. Gewiss kann man durch Zucht und entsprechende Selektion in vielen Fällen die gewünschte Produktqualität im Verlaufe der Zeit schaffen. Dieser Vorgang ist jedoch viel zeitraubender, als auf vorhandene Populationen zurückzugreifen“.

Die Sicherung der Verfügbarkeit von Genreserven in Form von züchterisch wenig bearbeiteten Rassen als Ersatzpopulationen, falls bei unseren heutigen Leistungsrassen Selektionsplateaus erreicht werden sollten, ist ein weiterer und außerordentlich wichtiger Grund für die Erhaltung einer möglichst großen Variabilität innerhalb der Nutztierarten. Schließlich kann sich die Anwendung moderner Reproduktionstechniken langfristig auf die genetische Variabilität etablierter Rassen auswirken und zum Verlust von Genen führen (BAUMUNG et al. 2009, SAMBRAUS 1994 b).

Selbst wenn der unmittelbare Nutzen tiergenetischer Ressourcen im Sinne einer ökonomischen Tierzucht nicht sehr groß ist, verdienen es alte Rassen schon aufgrund ihres ideellen Wertes bewahrt und geschätzt zu werden. Immerhin sind sie ein wichtiger Bestandteil unserer Geschichte und Kultur (HALLER 2000).

3.1.4 Maßnahmen zur Bewahrung gefährdeter Haustierrassen

3.1.4.1 Historischer Hintergrund

In den **1950er** Jahren des vergangenen Jahrhunderts wies *W. Koch* bereits warnend auf die drohende Rassenverarmung im Nutztierbereich hin (KOCH 1958, zit. nach SAMBRAUS 1994 b). Zeitgleich lieferte auch die Wissenschaft bereits erste Impulse für den Erhalt von gefährdeten Nutzierrassen (SAMBRAUS 1994 b).

Obwohl die Notwendigkeit von Maßnahmen zur Bewahrung gefährdeter Haustierrassen seit dieser Zeit unbestritten war, so entwickelte sich die Umsetzung dieses Bewusstseins in Taten dennoch nur sehr zögerlich. In diesem Zusammenhang kam der *2. Umweltkonferenz der Vereinten Nationen* in Rio de Janeiro **1992** eine enorme Bedeutung zu (BAUMUNG et al. 2009).

In ihrem Rahmen wurde die *Konvention über die biologische Vielfalt* (United Nations Convention on Biological Diversity, CBD) von mehr als 150 Staaten unterzeichnet. Sie trat am 29. Dezember **1993** in Kraft. „Biologische Vielfalt“ bedeutet im Sinne der CBD die Verschiedenheit lebender Organismen, welcher Herkunft sie auch immer sind, sowie ihre ökologischen Beziehungen. *Nachhaltige Nutzung* heißt im Sinne der CBD die Nutzung einzelner Komponenten der biologischen Vielfalt auf eine Weise und in einem Ausmaß, die auf Dauer nicht die Verringerung der biologischen Diversität zur Folge hat. Dadurch soll ihr Potential bewahrt werden, die Ansprüche sowohl gegenwärtiger als auch zukünftiger Generationen zu erfüllen (KAMP et al. 2009).

Die europäische Vereinigung für Tierproduktion (EVT) befasste sich seit **1969** mit dem Thema „Notwendigkeit und Methoden der Generhaltung in der Tierzucht“. In den **1970er** Jahren beschäftigten sich Wissenschaftler mit dem Versuch, den Gefährdungsstatus von Rassen zu definieren und entwickelten Kriterien für deren Erhalt. Die EVT bildete eine spezielle Arbeitsgruppe für tiergenetische Ressourcen und eine eigene Datenbank wurde eingerichtet. (BAUMUNG et al. 2009).

Im Jahr **1973** wurde der *Rare Breed Survival Trust* (RBST) ins Leben gerufen (SAMBRAUS 1994 b). Es handelt sich hierbei um eine vorwiegend durch Spenden finanzierte Organisation zur Erhaltung gefährdeter altheimischer Haustierrassen in Großbritannien. Seit ihrer Gründung ist keine englische Nutzierrasse mehr ausgestorben (BARBER et al. 2008). Inzwischen gibt es in den meisten europäischen Ländern vergleichbare Institutionen.

In den **1980**er Jahren entstanden weitere, teilweise private Organisationen, die sich der Bewahrung gefährdeter Nutzierrassen widmeten.

Im Niederbayrischen Rottal (Deutschland) wurde **1981** beispielsweise die *Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen* (GEH) gebildet. Die GEH besteht aus Züchtern, Tierhaltern und Idealisten und zählt mittlerweile über 2000 Mitglieder. Derzeit (Stand Sep. 2010) werden von der GEH 94 gefährdete Haustierrassen in Deutschland auf einer roten Liste geführt (SEIBOLD 2009).

Im Jahr **1982** wurde in der Schweiz die *Stiftung Pro Specie Rara* (PSR) zur Erhaltung gefährdeter Nutzierrassen und Kulturpflanzen mit Hauptsitz in Aarau gegründet. Insgesamt sind heute im Rahmen der PSR über 2000 Privatpersonen und Institutionen beschäftigt (PRO SPECIE RARA 2010)

In Österreich entstanden kurze Zeit nach den Gründungen des GEH und der PSR zwei vergleichbare Organisationen: **1982** die *Österreichische Nationalvereinigung für Genreserven* (ÖNGENE) und **1986** der *Verein zur Erhaltung gefährdeter Haustierrassen* (VEGH, heute Arche Austria).

Auch von Seiten der europäischen Union kamen mit den EU-Verordnungen (EWG) Nr. 2078/ **92** für *umweltgerechte und den natürlichen Lebensraum schützende landwirtschaftliche Produktionsverfahren*, sowie der (EG) Nr. 1467/ **94** über die *Erhaltung, Beschreibung, Sammlung und Nutzung der genetischen Ressourcen der Landwirtschaft* wesentliche Impulse für den Erhalt tiergenetischer Ressourcen (BAUMUNG et al. 2009).

1993 wurde die Stiftung SAVE (Sicherung der landwirtschaftlichen Artenvielfalt in Europa) als europäische Dachorganisation gegründet. Sie engagiert sich aktiv für die Bewahrung der Biodiversität in der Landwirtschaft. Der Stiftungsrat umfasst aktuell (Stand Sep. 2010) 14 Mitglieder aus 11 Ländern. Der Hauptsitz der SAVE befindet sich im deutschen Konstanz (SAVE FOUNDATION 2010).

Im September **2007** wurde durch die *Internationale technische Konferenz über tiergenetische Ressourcen* der *Global Plan of Action for Animal genetic Resources* in Interlaken (Schweiz) verabschiedet. Er umfasst 23 „strategische Prioritäten“, die auf die Bekämpfung der Erosion tiergenetischer Vielfalt und die nachhaltige Nutzung tiergenetischer Ressourcen abzielen.

3.1.4.2 Methoden um bedrohte Rassen zu erhalten

Es gibt prinzipiell drei Möglichkeiten die Gene gefährdeter Rassen zu bewahren. Zum Einen durch die Lagerung von tief gefrorenem Sperma, zum Anderen durch die Konservierung von Embryonen und nicht zuletzt natürlich durch die Erhaltung lebender Bestände (SAMBRAUS 1994 b).

Um eine Rasse als Kulturgut und nicht nur zum Zweck der Genkonservierung zu erhalten, ist die Haltung lebender (in situ) Tiere unerlässlich. Ausschließlich durch sie gelingt es, das Interesse an einer Rasse wach zu halten, ihre Eigenschaften kennen zu lernen und sie nicht in Vergessenheit geraten zu lassen. Auf lange Sicht betrachtet hängt das Überleben einer Rasse letztendlich davon ab, ob sie in irgendeiner Hinsicht Vorzüge gegenüber einer anderen hat, ob sie eine Nische findet, in der ihre Haltung günstiger ist als die anderer Rassen, beziehungsweise ob sie zumindest eine mögliche Alternative sein kann. Nur dann wird es Leute geben, die bereit sind größere Bestände einer Rasse zu halten. Das alles setzt aber wiederum das Vorhandensein lebender Tiere voraus.

Allerdings droht lebenden Beständen immer die Gefahr durch Krankheiten und Seuchen vernichtet zu werden. Die Anwendung der beiden weiteren Möglichkeiten der Genkonservierung als Begleitmaßnahmen ist daher empfehlenswert (SAMBRAUS 1994 b).

Rassen sind sehr dynamische Gebilde. Gerade in kleinen Populationen ändert sich im Laufe der Zeit die genetische Zusammensetzung durch eine gewisse Inzuchtrate und durch Gendrift. Dies hat zur Folge, dass es sich nach einigen Jahrzehnten nicht mehr um die ursprüngliche Form der Rasse, mit all ihren nachgewiesenen Eigenschaften, handelt. Durch Umwelteinflüsse kommt es neben einer gezielten außerdem noch zu einer natürlichen Selektion, was das Rassebild sowohl hinsichtlich Phänotyp als auch Genotyp permanent beeinflusst. Oft sind Rassen dadurch optimal an ihre Umwelt angepasst. Den verhältnismäßig hohen Kosten dieser Form der Bewahrung von genetischem Potential sollte daher auch mit einer gewissen Nachsicht begegnet werden.

Ein Kriterium für die Erhaltungswürdigkeit von Rassen ist, dass sie etwas Eigenständiges darstellen. Dies und die Tatsache, dass altheimische Nutztierassen ein Kulturgut und prägend für den Charakter bestimmter Landschaften sind, bedingen die Notwendigkeit einer Erhaltung in ausschließlicher Reinzucht (SAMBRAUS 1994 b).

Die hobbymäßige Tierhaltung kann eine nützliche Ergänzung zur Bewahrung gefährdeter Haustierrassen sein. Allerdings sind die Bestände für eine gezielte Leistungszucht meist zu klein und

die Züchter häufig auch nicht bereit oder nicht in der Lage die Leistungen ihrer Tiere festzustellen. Ein gezielter Zuchtfortschritt ist daher nicht möglich. Genau der macht eine Rasse jedoch auf Dauer konkurrenzfähig. Verkauft ein Züchter Tiere, so sollte er daher sicher sein, dass mit ihnen weitergezüchtet wird. Sonst geht der Rasse womöglich wertvolles Zuchtmaterial verloren (SAMBRAUS 1994 b).

Kleine Bestände zu halten ist dann besonders bedeutend, wenn gleichzeitig die Möglichkeit besteht die Bevölkerung auf eine Rasse, aber auch auf ihre Gefährdung hinzuweisen. Durch ihr oft skurriles Äußeres, sowie ihren sanften Charakter eignen sich Haustiere bestens für die Haltung in zoologischen Gärten, aber auch in Freilichtmuseen. In letzteren schreckt häufig der Betreuungsaufwand die Verantwortlichen ab. Ausgehend von Großbritannien nimmt die Zahl an spezialisierten Haustierzoos in ganz Mitteleuropa zu. Sie können hilfreich sein, die Menschen auf den Wert einer möglichst großen Agrodiversität hinzuweisen (SAMBRAUS 1994 b).

Eine gute und verhältnismäßig billige Methode genetische Ressourcen künstlich zu erhalten ist die Kryokonservierung von Sperma. Dieses wird hierbei in flüssigem Stickstoff bei -196°C eingefroren. Sollte, aus welchen Gründen auch immer, kein Tier einer Rasse überleben so ist es möglich, unter Einsatz des konservierten Spermas, durch Verdrängungskreuzung eine ausgestorbene Rasse zurückzuholen. Als alleinige Maßnahme zur Erhaltung gefährdeter Rassen ist das Einlagern von Sperma aber, nicht zuletzt durch das Risiko technischen Versagens, nicht geeignet.

Dasselbe gilt auch für die Konservierung von Embryonen in flüssigem Stickstoff, auch wenn hierbei theoretisch die Möglichkeit besteht, eine Rasse vollständig ohne lebende Bestände zu erhalten. Für die Tierarten Rind, Pferd, Schaf, Ziege und Kaninchen ist dieses Verfahren bereits bis zur praktischen Anwendbarkeit entwickelt (SAMBRAUS 1994 b).

3.1.4.3 Organisationen in Österreich

ÖNGENE - Österreichische Nationalvereinigung für Genreserven

Nachdem Wissenschaftler und Tierzuchtvereinigungen vor über 35 Jahren erste Erklärungen über den zahlenmäßigen Verlust der Rassenvielfalt abgegeben hatten, wurde vom Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft im Jahr 1981 eine Studie in Auftrag gegeben, um die Maßnahmen zur

Sicherung gefährdeter Rassen zu definieren. Als Folge der Ergebnisse dieser Studie wurde im Parlament in Wien am 1. Juli 1982 die *ÖNGENE (Österreichische Nationalvereinigung für Genreserven)* gegründet. Ihre Bedeutung beschreibt die Organisation selbst folgendermaßen: „Es wurde damit ein Verein zum Schutze und zur Bewahrung der Erbanlagen heimischer gefährdeter landwirtschaftlicher Nutzierrassen geschaffen, der gleichzeitig auch als wissenschaftliche Plattform für die Erarbeitung aktueller Zuchtstrategien anerkannt ist, die der Erreichung dieser Ziele dienen.“

Lange Zeit beschränkten sich Erhaltungsmaßnahmen für bestimmte Rassen aufgrund unterschiedlicher Landestierzuchtgesetze überwiegend auf einzelne Bundesländer. Aus diesem Grund erarbeitete die *ÖNGENE* das *Generhaltungsprogramm 2000*. Es ermöglicht die Kontrolle der genetischen Vielfalt innerhalb von Rassen, deren Populationen oft sehr klein und über verschiedene Bundesländer verteilt sind. Die erforderlichen finanziellen Mittel kommen sowohl vom Bund als auch von den Ländern.

Insgesamt wirkte sich das *Generhaltungsprogramm 2000* bisher positiv auf die Bestände der gefährdeten Rassen aller Tierarten aus und ihre Populationen erholten sich. *Fischerleitner 2006* gibt aber zu bedenken, dass es letztendlich nur durch Beibehaltung der konsequenten Durchführung über viele Generationen den erhofften Erfolg verspricht.

Für das *ÖPUL 2007* wurde das *Generhaltungsprogramm 2000* adaptiert. Ein zentrales Thema hierbei war die Einführung sowie der Umfang einer Leistungskontrolle (*MOSER 2005*).

Arche Austria- Verein zur Erhaltung gefährdeter Haustierrassen

Die *Arche Austria* wurde im Jahr 1986 nach ausländischem Vorbild (vgl. Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V. in Deutschland) von Idealisten gegründet, welchen der Erhalt alter gefährdeter Nutzierrassen in Österreich ein Anliegen war. Heute agiert sie bundesweit und arbeitet vernetzt mit anderen im Bereich der Generhaltung tätigen Institutionen, sowohl im In- als auch im Ausland zusammen. Zu einem beachtlich hohen Anteil stammen die finanziellen Mittel der Organisation aus Mitgliedsbeiträgen und privaten Fördergeldern.

Vorwiegend umfasst der Aufgabenbereich des Vereins das Auffinden alter Rassen und den Erhalt dieser in lebenden Beständen, das Aufbauen von Zuchtgruppen, das Anlegen von Herdbüchern und das Finden von Sponsoren, um die Zucht zu finanzieren.

Auf den Umstand, dass die Tiere sozusagen als lebende Genreserven und nicht nur als tief gefrorenes Sperma oder kryokonservierte Embryonen in Genbanken lagern, wird in der Arche Austria großer Wert gelegt. Es werden so genannte Arche-Höfe bewirtschaftet, die für Besucher zugänglich sind und das Kennenlernen der Tiere in ihrer natürlichen Umgebung ermöglichen. Ein weiterer Schwerpunkt des *VEgH* liegt darin, laufend neue Züchter für bedrohte Rassen zu finden, ihnen Zuchttiere zu vermitteln und anschließend geeignete Zuchtgruppen zusammenzustellen (ARCHE AUSTRIA 2010, HALLER 2000).

3.1.5 Rasseportrait und Zuchtprogramm des Murbodner Rindes

3.1.5.1 Geschichtliche Entwicklung

Ursprünglich ist das Murbodner Rind (MB) auf das keltische-illyrische Mischvieh und das graue Slowenenrind zurück zu führen (Murbodner 2010). Es ging im 19. Jahrhundert aus der Kreuzung von Mürztaler Rindern mit anderen Rassen, vor allem *Bergschecken*, hervor. Vorerst handelte es sich bei Murbodner und Mürztaler Rind um zwei eigene Schläge.

Mur und Mürz sind zwei Flüsse in der Steiermark. Ihre Täler grenzen aneinander und so ging die Verbreitung beider Schläge nahtlos ineinander über (Abbildung 1). Das Mürztaler Rind war bis zum Ende des 19. Jahrhunderts die in Österreich am weitesten verbreitete und bekannteste Rasse (SAMBRAUS 1994 b).

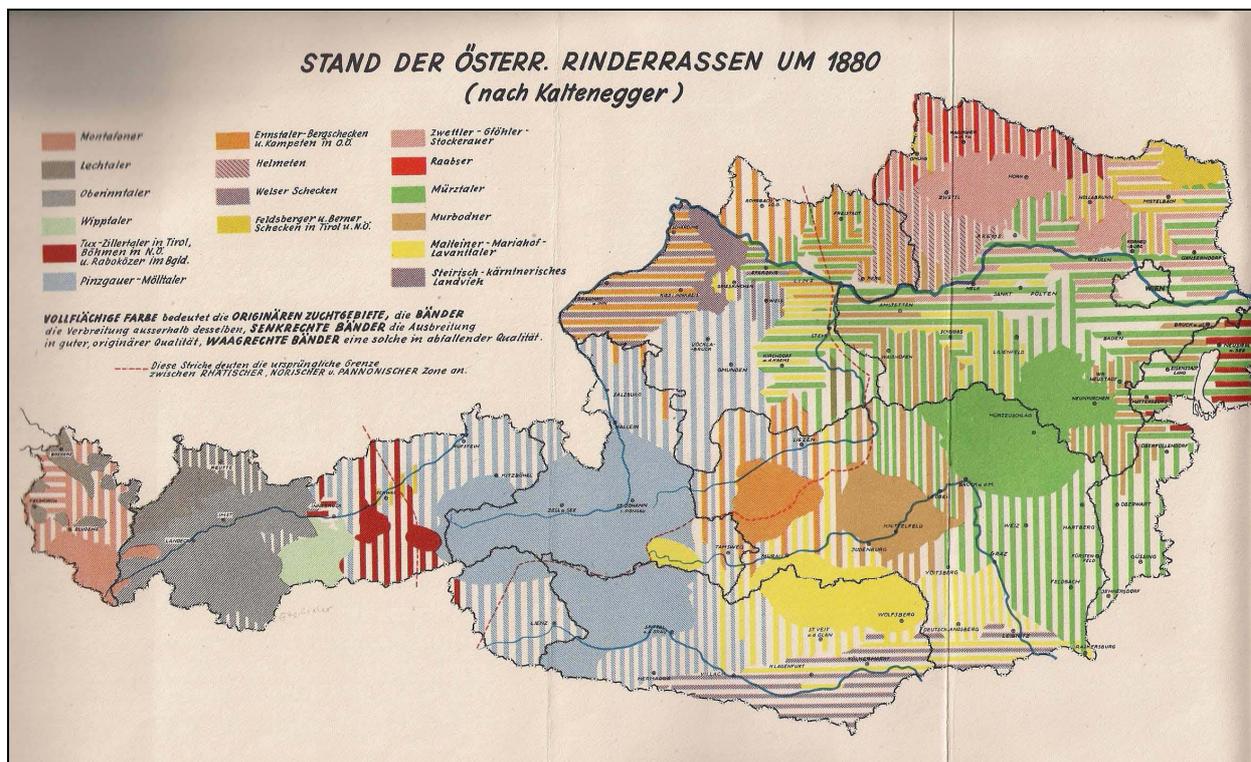


Abbildung 1: Stand der österreichischen Rinderrassen um 1880 (Quelle: MÜLLER 1958)

Es drang immer weiter in das Murtal vor und vermischte sich dort mit *Bergschecken* und Blondviehlandschlägen (MURBODNER 2010). Ursprünglich soll das Mürztaler Rind aus Kreuzungen zwischen Kurzhornrindern und Ungarischem Steppenvieh entstanden sein. Letzteres wurde bis spät

ins 19. Jahrhundert in die Mürztaler Rasse eingekreuzt, da die Nachzucht daraus sehr geschätzt wurde.

Am reinsten blieb das Mürztaler Vieh innerhalb seines Entstehungsgebietes sowohl im oberen, als auch im unteren Mürztal und im Bereich des Murtals. Es kam aber auch in den umliegenden Gegenden von Leoben und Knittelfeld, bis hinauf nach Judenburg vor. Mit der Zeit weitete sich das Zuchtgebiet des Mürztaler Rindes nicht nur nach Kärnten und Niederösterreich, sondern über die Grenzen Österreichs hinweg bis nach Passau und den Bayrischen Wald aus.

Lehnert (1896) beschrieb das Mürztaler Vieh so:

„Das Haar liegt weich an, ist mittellang, von weißgrauer bis grauschwarzer Farbe. Das einzelne Haar ist meist zweifarbig, in der Mitte etwas dunkler gefärbt als am Grunde und an der Spitze. Zwischen Nase und Wange, am Kamm des Halses, an Oberarm, Oberschenkel, Bauch und Weiche ist das Haar von etwas dunklerer Farbe, die Haarbüschel in den Ohren sowie der Stirnschopf sind gelblich gefärbt, die Schwanzquaste ist dunkel. Bei dem Bullen ist die Haarfarbe immer dunkler.

Der Nasenspiegel ist grauschwarz und hat in der Mitte die charakteristische Schnippe des Mürztaler Viehs. Diese Schnippe, die im Maule etwas breiter ist und nach der Nase zu spitzer wird, ist heller als die Farbe des Nasenspiegels. Flotzmaul und meistens auch die Augen sind von einem helleren Ring umgeben.

Die Haut ist dunkel, etwas dick, aber recht weich und elastisch.

Das Euter ist ziemlich groß aber nicht gut entwickelt. Seine vordere Hälfte ist oft zu klein, schon zum Ziegeneuter hinneigend. Insgesamt ist das Euter fein behaart, die Striche sind groß. Milchspiegel und Milchadern sind mäßig entwickelt.

Der Kopf ist lang, besonders lang ist im Verhältnis die Nase. Die Stirn ist nicht breit, zwischen den Augen kaum breiter als an der Zwischenhornlinie. Unter den Wangen ist der Kopf etwas eingeschnürt. Die Bullen haben sehr oft, die Kühe zuweilen eine Ramsnase. Die Stirn ist bei den Bullen meist mit ziemlich langen, krausen Haaren besetzt.

Die Hörner stehen bei dem Bullen etwas waagrecht ab, die Spitzen sind dabei häufig etwas nach hinten gebogen. Bei den Kühen gehen sie seitwärts und sind dann hübsch aufwärts gebogen. Zuweilen sind die Hörner auch von der Hornwurzel aus gleich nach oben gerichtet und die Spitzen dann nach hinten. Diese Form gilt als unschön. Die Hörner sind nicht grob, von weißer Farbe und mit weißen Spitzen.

Der Hals ist ziemlich lang und schmal.

Die Wamme ist ziemlich groß.

Das Widerrist ist etwas hoch gelegen, nicht breit, Hals und Schultern sind nicht gut angeschlossen.

Der Rücken ist ziemlich gerade und lang, aber wenig breit.

Die Lenden sind ziemlich lang, aber wenig breit und nach dem Kreuz zu etwas aufsteigend.

Der Schwanz ist recht gut angesetzt, lang und fein.

Die Brust ist recht tief, aber nicht breit.

Die Rippen sind mäßig gewölbt, die Tiere oft bugleer.

Hüften und Becken sind meist schmal und eckig, das Kreuz ist spitz und oft dachartig abfallend. Die Extremitäten sind ziemlich lang, die Vorderbeine normal gestellt, die Hinterbeine oft kuhhessig, die Beine insgesamt wenig bemuskelt.

Das Gewicht: Die ausgewachsene Kuh wiegt beim Alpenvieh 350-400kg, beim besser ernährten Talvieh 400-550kg. Gemästete Ochsen wiegen beim Alpenvieh 550-700kg, beim Talvieh 700-900kg. Das neugeborene Kalb ist 28kg bis 40kg schwer.

Die Reifezeit ist keine frühe und es ist im Interesse der Zucht zu beklagen, dass Kalbinnen trotzdem meist schon im Alter von 18- 20 Monaten zum Bullen kommen.“

Das Mürztaler Rind brachte gegen Ende des 19. Jahrhunderts je nach Körpergröße und Futtergrundlage (Berg oder Tal) zwischen 1500- 3000l Milch pro Jahr mit einem durchschnittlichen Fettgehalt von kaum mehr als 3% (SAMBRAUS 1994 b). Heute ist das Mürztaler Rind als eigenständige Rasse ausgestorben (ARCHE AUSTRIA 2010).



Abbildung 2: Das Murbodner Rind war Ende des 19. Jahrhunderts aufgrund seiner hervorragenden Zugleistung besonders geschätzt (Quelle: MURBODNER 2011)

Im Jahr 1869 wurde das Murbodner Rind auf Ansuchen des Tierarztes und Züchters *Mihtsch* als eine eigene Rasse anerkannt und war somit eine der vier steirischen Landesrassen (neben Mürztauern, Ennstalern und Pinzgauern) zu dieser Zeit (HALLER 2000, SAMBRAUS 1994 b). Es war frohwüchsig und wies eine gute Bemuskelung auf. Dadurch war es sowohl für die Nutzung als Mast- als auch als Zugvieh hervorragend geeignet. Auf die Milchleistung wurde nicht so viel Bedacht gelegt, denn der Murbodner wurde vorwiegend in der Ochsenzucht eingesetzt. Einzig die Milchsicherheit für die Saugkälber musste gegeben sein (MURBODNER 2010).

Die Anerkennung des Murbodner Rindes als eine autonome Rasse, die sich zu diesem Zeitpunkt noch äußerst uneinheitlich präsentierte, brachte einige Anforderungen bezüglich des Erscheinungsbildes der Tiere mit sich (HALLER 2000, SAMBRAUS 1994 a, b). Im Zuge dessen wurden der Gebirgs- und der Talbodentyp zusammengefasst und die Selektion der Zuchttiere erfolgte überwiegend anhand phänotypischer Merkmale wie Größe und Fellfarbe. Besonders letztere wurden eng begrenzt und die diesbezüglichen Vorgaben gelten bis zum heutigen Tag (MURBODNER 2010).

Die daraus resultierende strenge Selektion stand dabei sehr oft im Widerspruch zur Leistungsfähigkeit und damit zur Wirtschaftlichkeit der jungen Rasse (MÜLLER 1958).

Aufgrund ihrer dennoch guten und stark nachgefragten Nutzungseigenschaften erlangten die Murbodner bald eine weit über ihr ursprüngliches Stammgebiet hinaus, bis in den Ostalpenraum und ins Alpenvorland, reichende Verbreitung. Sie bestachen durch ihre Vitalität und galten als besonders

berggänglich. Die kuhhessige Stellung der Hinterbeine weist darauf hin. Bereits im 19. Jahrhundert hatte das Murbodner Rind das Mürztaler weitgehend verdrängt (MURBODNER 2010).

In dem 1901 erschienenen Buch „*Die Arten und Rassen des Rindes*“ von E. Ramm wird das „Murbodendvieh“ als erste der einfarbig gelben, alpenländischen Schläge Österreichs abgefasst. Das „Mürztaler Vieh“ wird hingegen unter dem Kapitel „andere einfarbige gelbe Schläge“ nur beiläufig erwähnt. Es war wohl zu diesem Zeitpunkt vom Murbodner Rind bereits zurückgedrängt worden.

Neben Ramm (1901) berichten auch weitere Autoren dieser Zeit von einer Bestandeszunahme des Murbodner Rindes zu Lasten des Mürztaler Schlages.

So widmen etwa J. Hansen und A. Hermes (1905) in ihrem zweibändigen Werk „*Die Rindviehzucht im In- und Auslande*“ dem Mürztaler Vieh nur wenige Zeilen und bemerken an dieser Stelle, dass das einstige Zuchtgebiet dieser Rasse größtenteils den Murbodnern zugefallen sei. Begründet wurde dies dadurch, dass das Murbodner Vieh größer und schwerer und zudem auch besser in der Form sei als die Mürztaler. Auch A. Jentsch (1909) gibt an, die Mürztaler gingen mehr und mehr in den Murbodnern auf. Besonders die guten Zügelungen, wie Abbildung 2 beweist, aber auch eine hinreichende Mastleistung wurden von den Verfassern damaliger Schriften hervor gehoben (HALLER 2000, SAMBRAUS 1994 b).

Bereits im Jahr 1896 wurden in der Steiermark Viehzuchtorganisationen für das Murbodner Rind eingerichtet, mit dem Ziel dessen geschätzte Eigenschaften laufend weiter zu verbessern. Mitte der 1930er Jahre folgten weitere in Nieder- und Oberösterreich (MURBODNER 2010).

Zeitgleich ging das bis dahin noch verbliebene Zuchtgebiet der Mürztaler endgültig in jenem der Murbodner auf (HALLER 2000, JENTSCH 1909, zit. nach SAMBRAUS 1994 b). Die Verbreitung dieser Rasse umfasste um 1930 ganz Österreich und den Bayrischen Wald (MURBODNER 2010). Bei einer Viehzählung am 14. Juni 1930 wurde, verteilt auf alle neun Bundesländer, ein Gesamtbestand von mehr als 134.000 Tieren ermittelt (SAMBRAUS 1994 b).

Im Jahr 1934 schlossen sich alle Murbodner Verbände zur „*Arbeitsgemeinschaft der Murbodner Rinderzüchter Österreichs*“ zusammen. Die Geschäftsführung übernahm der obersteirische Verband in Bruck an der Mur.

Im Jahr 1954 ergab eine Rinderrassenerhebung mit 270.099 Murbodnern im Vergleich zur Zählung von 1930 eine beachtliche Steigerung der Bestandeszahlen (Abbildung 3). Dieses Ergebnis ist allerdings von der unterschiedlichen Methodik der beiden Erhebungen beeinflusst und seine Aussagekraft daher entsprechend begrenzt.

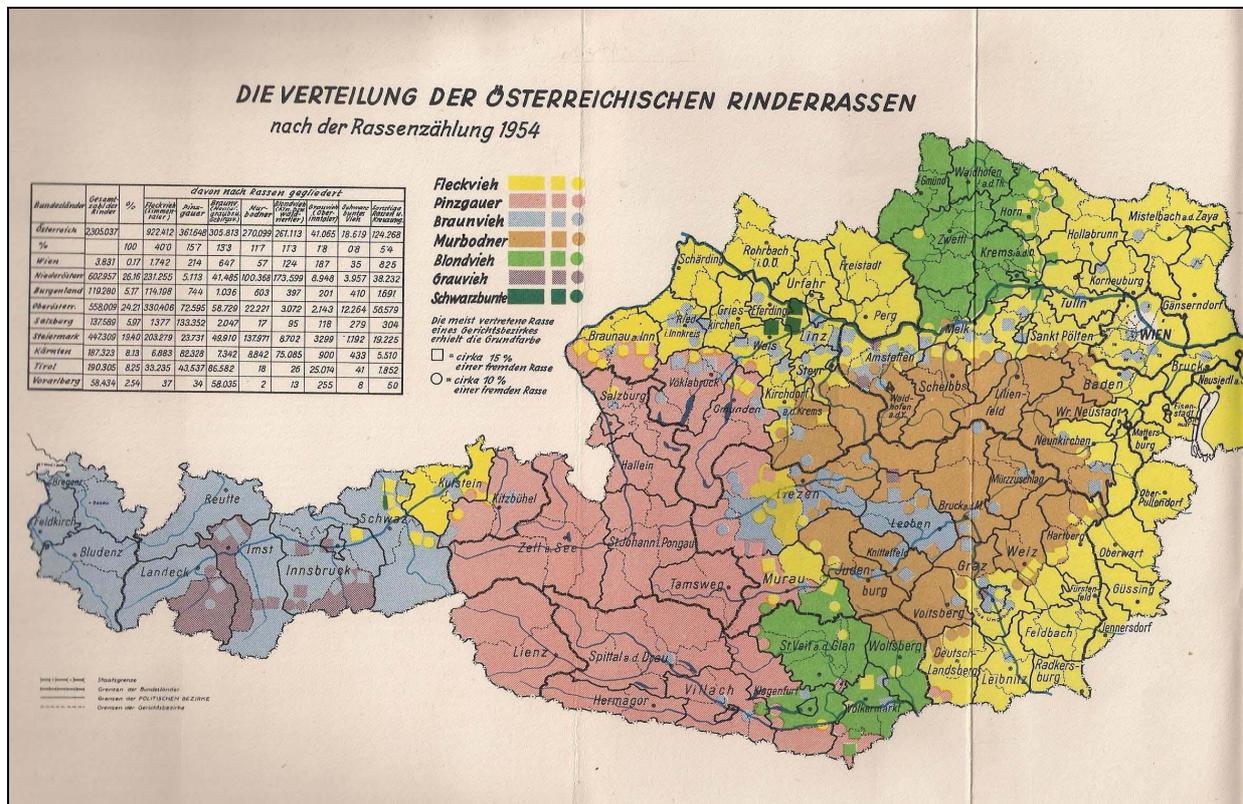


Abbildung 3: Die Verteilung der österreichischen Rinderrassen (Quelle: MÜLLER 1958)

Nur knapp fünf Jahre später, also Ende der 1950er Jahre, ging die Zahl der Murbodner Rinder jedoch bereits rapide zurück und umfasste im Jahr 1959 in Österreich nur mehr 213.367 Tiere. Zusätzlich war die Anzahl eingetragener Herdbuchtiere ohnedies vergleichsweise gering. Laut einer Zählung im Jahr 1956 waren es, verteilt auf vier Bundesländer, 6.303 Rinder (MÜLLER 1958)

Um 1968- 1970 umfasste der gesamte österreichische Murbodner Bestand gar nur mehr etwa 100 reinrassige Tiere, da nach dem Zweiten Weltkrieg zur Steigerung der Milchleistung in beträchtlicher Dimension Deutsches Gelbvieh (Frankenvieh) eingekreuzt worden war.

Als Folge daraus wurden wenig später diverse obersteirische Blondviehschläge als Murbodner zusammengefasst (MURBODNER 2010). Form- und Farbmerkmale der im Mur- und Mürztal vorherrschenden Schläge waren hierbei allerdings dennoch rassebestimmend und verbindlich. Solche

Merkmale waren etwa die gelbweiße Farbe, ein dunkles Flotzmaul, sowie dunkle Klauen und Hornspitzen (ROHRBACHER 1970, zit. nach SAMBRAUS 1994 b).

1970 löste sich auch der letzte Murbodner Zuchtverband auf. Nahezu reinrassige Tiere waren folglich nur noch bei wenigen idealistischen Züchtern zu finden (MURBODNER 2010). Abbildung 4 zeigt den Murbodner in einer Zeit, in der er noch ganz selbstverständlich das Landschaftsbild prägte.



Abbildung 4: Der bis Mitte des 20. Jahrhunderts weit verbreitete Murbodner war Ende der 1970er Jahre massiv vom Aussterben bedroht (Quelle: MURBODNER 2011).

Da die Bestände trotz des Zusammenfassens mehrerer Schläge klein waren, wurden die Murbodner um 1978 mit den, zu dieser Zeit ebenfalls bereits selten gewordenen Rassen Kärntner und Waldviertler Blondvieh sowie dem Frankenvieh, unter dem Sammelbegriff Gelbvieh geführt (HALLER 2000). Während das Gelbvieh, an dem das Murbodner Rind ohnehin nur einen kleinen Anteil darstellte, im Jahr 1947 in Österreich immerhin noch einen Anteil von 25% des gesamten Rinderbestandes ausmachte, so waren es 1978 lediglich noch 0,7% (SAMBRAUS 1994 b).

1979 begann die Gelbviehgenossenschaft Steiermark mit der planmäßigen Erhaltung des Murbodner Rindes. Im Jahr 1982 startete sie gemeinsam mit der ÖNGENE ein Generhaltungsprogramm, das auf dem Heterozygotieprogramm beruht (MURBODNER 2010). Zu diesem Zeitpunkt umfasste der lebende Bestand an Murbodnern etwa 500 Tiere (BERGER und FISCHERLEITNER 2010)

In Zusammenarbeit mit der ÖNGENE hielt das Bundesgestüt Piber ab 1986 eine bedeutende Herde Murbodner in Mutterkuhhaltung. Als ergänzende Erhaltungsmaßnahme lagerten tiefgefrorene Spermaproben von Murbodner Stieren in verschiedenen Besamungsstationen (HALLER 2000, SAMBRAUS 1994 b).

Aus der Gelbviehgenossenschaft entstand 1999 der *Murbodner Zuchtverband Steiermark*. Seit 2003 ist das Murbodner Rind dem Verband *Rinderzucht Steiermark* unterstellt und wird vom Verein *der Murbodnerzüchter* betreut (MURBODNER 2010).

Heute sind Murbodner als Rasse nach wie vor mit dem Status „hochgefährdet“ anerkannt. Seit ihrer Teilnahme am Generhaltungsprogramm durch das *ÖPUL* haben sich die Bestandeszahlen jedoch kontinuierlich erholt. Im Jahr 2002 wurden beispielsweise 869 Rinder dieser Rasse erfasst. 2009, also sieben Jahre später waren es bereits 2880 Tiere, verteilt auf 480 Betriebe. Das entspricht einem Plus von 2011 Rindern beziehungsweise einem Bestandeszuwachs von über 330% (FÜRST et al. 2010 nach AMA/ ÖNGENE)

3.1.5.2 Charakteristische Merkmale und Eigenschaften

Das Murbodner Rind wird zum Gelbvieh gezählt. *Ramm* bezeichnet es 1901 in seinem Buch „*Die Arten und Rassen des Rindes*“ als kräftiges und urwüchsiges Gebirgsvieh mit gut geformter Hinterhand. Allerdings käme Bugleere recht häufig vor. Weiters ließe die Brusttiefe mitunter zu wünschen übrig.

In den 1950er Jahren wurde der Murbodner Schlag als mittelschweres bis schweres, mittelfrühreifere Zug- und Schlachtrind charakterisiert. Es war bekannt und geschätzt für seine gute Milchleistung kombiniert mit einem außergewöhnlich hohem Fettgehalt, sowie einer guten Masteignung bei hervorragender Fleischqualität (SAMBRAUS 1994 b).



Abbildung 5: Murbodner Kalbin (Quelle: MURBODNER 2011)

Die Fellfärbung des Murbodners variiert von weiß über semmelfarben bis fuchsrötlich. Eine Talerzeichnung (früher „Spiegel“ genannt) kommt häufig vor. Rund um das Flotzmaul und die Augen, sowie entlang der unteren Beinpartien ist das Fell häufig etwas aufgehellt (Abbildung 5). Die Farbe schwankt je nach Gegend. Hellere Tiere sind tendenziell massiger und haben kürzere Beine. Der dunklere „Mürztaler Typ“ ist hingegen meist etwas schlanker und hochbeiniger (ARCHE AUSTRIA 2010). Das Flotzmaul, welches oft eine helle Schnippe, das so genannte „Herz“ aufweist, ist dunkel (MURBODNER 2010). Ebenso die Hornspitzen, Schwanzquaste und die sehr harten und widerstandsfähigen Klauen.



Abbildung 6: Murbodner Stier (Quelle: MURBODNER 2011)

Stiere sind generell meist dunkler gefärbt als weibliche Tiere und an Kopf, Hals, Vorhand und Beinen häufig angeraucht (SAMBRAUS 1994 a). Dies und ihre kräftig entwickelte Vorderpartie sind zwei Merkmale, die auf Urrinder hindeuten (Abbildung 6).

Murbodner Rinder haben sehr starke und aufwärts gerichtete Hörner. Ihre Beine sind eher schlank, aber zäh. Die Hinterhand ist dabei etwas auswärts gerichtet (kuhhessig). Eine solche Beinstellung eignet sich hervorragend für gebirgiges Gelände. Besonders das Bergablaufen wird dadurch wesentlich erleichtert.

Der Murbodner zeichnet sich durch seinen menschenbezogenen Charakter aus. Tiere dieser Rasse gelten zudem als intelligent und willig, was in engem Zusammenhang mit dem früheren züchterischen Schwerpunkt als Arbeitstiere steht (ARCHE AUSTRIA 2010)

3.1.5.3 Leistung/ Nutzung

In der Steiermark gab es im Jahr 1931 beim Verband Graz 14 Murbodner Viehzuchtgenossenschaften mit 4.032 Mitgliedern. 121 Kühe, verteilt auf 14 Betriebe, standen unter Milchkontrolle. 73 Jahresabschlüsse lagen vor. Die Jahresmilchleistung lag im Durchschnitt bei 2.472kg mit 3,98% Fett. Die höchste Leistung erbrachte eine Kuh mit 4.178kg Milch. Den höchsten Stalldurchschnitt erzielte zur selben Zeit ein Betrieb mit 2.472kg und 3,98% Fett.

Daneben gab es zur selben Zeit auch noch 15 Murbodner- Mürztaler Viehzuchtgenossenschaften mit 3.588 Mitgliedern, die zum Verband St. Michael gehörten. 2859 Kontrollkühe wurden auf 261 Milchkontrollbetrieben gehalten, 2.431 Jahresabschlüsse wurden erfasst.

2.745kg mit 4,05% Fett war die mittlere Jahresmilchleistung, während der höchste Stalldurchschnitt bei 4489kg Milch mit 5,29% Fett lag. Die höchste Leistung brachte eine Kuh mit einer erstaunlichen Milchmenge von 7.269kg (SCHOTTERER 1933, zit. nach SAMBRAUS 1994 b).

Heute eignet sich das Murbodner Rind aufgrund seines freundlichen Wesens und seiner robusten Natur besonders für die extensive Mutterkuhhaltung auf Weiden und Almen. In der gehobenen Rindfleischküche ist sein Fleisch aufgrund seiner ansprechenden Marmorierung, seiner feinen Faserung und der damit verbundenen Zartheit sehr beliebt. Teilweise werden für die Erzeugung von Qualitätsrindfleisch auch andere Rassen eingekreuzt. Vermarktet wird dieses unter anderem in Form spezieller Markenfleischprogramme, beispielsweise „Almo“ (MURBODNER 2010).

Tabelle 1 enthält Schlachthofdaten vom Murbodner sowie einiger anderer Rinderrassen zum direkten Vergleich. Die Daten sind dem *ZAR Jahresbericht 2010* entnommen. Es wurden darin nur Stierdaten ausgewertet, beziehungsweise Ochsen bei Grauvieh. Der Genanteil der angegebenen Rassen unterschreitet 75% nicht.

Tabelle 1: Versteigerungs-, Stations- und Schlachthofdaten 2010 (Quelle: ZAR 2010, modifiziert).

Rasse	Verst. n	Gew. kg	TGZ g	Stat. n	TGZ g	Schl.hof n- leb	n- tot	TGZ g	NTGZ g	AUS %	HKL	E+U %
Murbodner	0			0		41	227	1034	631	58,2	3,74	71,40
Fleckvieh	499	659	1371	143	1446	26255	91045	1133	681	57,1	3,56	57,50
Pinzgauer	61	561	1197	0		61	423	972	570	54,4	2,77	9,20
Grauvieh	21	494	1189	0		2	346	6690	358	56,2	3,02	19,10
Tuxer	0			0		4	17	911	582	57,0	3,76	70,60
Braunvieh	80	506	1170	18	1280	273	1969	995	580	55,6	2,46	1,30
Charolais	1	587	1312	0		31	173	1109	692	59,6	4,15	88,40
Limousin	0			0		17	155	922	655	61,9	4,34	96,10
Waldviertler Blondvieh	0			0		16	97	859	556	56,8	3,31	34,00
Kärntner Blondvieh	0			0		11	167	987	607	58,3	3,75	69,50

HKL: E=5, P=1

Tabelle 2 gibt einen Überblick über den Umfang und Tabelle 3 über die Ergebnisse der Fleischleistungskontrolle für den Murbodner, sowie für einige weitere Rassen zum direkten Vergleich.

Tabelle 2: Umfang der Fleischleistungskontrolle 2010 (Quelle: ZAR 2010, modifiziert).

Rasse	Kontrollherden	Kontrollkühe	Zuchtherden	Herdebuchkühe
Murbodner	455	3073	451	3055
Fleckvieh	808	5507	736	5215
Pinzgauer	500	28488	470	2781
Grauvieh	391	1517	336	1399
Tuxer	182	780	178	776
Braunvieh	160	524	120	457
Charolais	147	1592	146	1591
Limousin	140	1517	140	1517
Waldviertler Blondvieh	128	909	124	902
Kärntner Blondvieh	120	1023	120	1023
Weiß- blaue Belgier	15	76	14	75
Ennstaler Bergschecken	28	70	27	67

Tabelle 3: Ergebnisse der Fleischleistungskontrolle 2010 (Quelle: ZAR 2010, modifiziert)

Rasse	G	Wiegungen	GG n	Gewicht	n	200- TG Gew.	TGZ	n	365- TG Gew.	TGZ
Murbodner	m	2633	1230	42,7	971	274,9	1164	265	417,7	1032
	w	3476	1190	39,9	1118	250,1	1052	846	367,5	898
Fleckvieh	m	3675	1476	44	1253	289,7	1232	569	453,2	1121
	w	4666	1419	41,8	1387	264,7	1116	1058	393	963
Pinzgauer	m	1867	957	44,6	530	270	1132	215	409,2	1001
	w	2033	840	42,1	483	242,9	1008	408	335,2	805
Grauvieh	m	918	375	39,5	326	262,7	1107	141	365,6	891
	w	1059	337	38,3	344	230,9	961	194	325,4	786
Tuxer	m	475	252	36,5	153	245,6	1044	41	348,8	852
	w	619	248	34,7	186	216,7	911	121	304,3	738
Braunvieh	m	346	129	41,1	131	255,2	1077	66	387,1	1949
	w	396	108	40,2	114	236,9	992	116	333,3	807
Charolais	m	2031	727	46,1	622	288,8	1210	462	476,3	1176
	w	2406	721	43,6	699	262,5	1095	605	402,5	984
Limousin	m	1666	646	42,5	561	268	1129	332	435,3	1078
	w	1759	593	40,1	525	247,1	1035	412	381,7	935
Waldviertler Blondvieh	m	729	337	38,9	215	246,1	1037	110	384,1	946
	w	927	323	36,5	272	223,7	939	215	334	817
Kärntner Blondvieh	m	1119	489	43,2	422	267,9	1125	139	406,4	994
	w	1329	437	40,9	449	243,7	1015	313	347	838
Weiß- blaue Belgier	m	64	23	43,5	23	254,5	1052	15	367,7	885
	w	93	20	36,8	32	241,7	1020	33	361,6	885
Ennstaler Bergschecken	m	49	23	38,2	16	257,9	1096	4	405,3	990
	w	65	28	36	21	234,5	991	9	326,8	793

In Tabelle 4 sind Umfang und Ergebnisse der Milchleistungskontrolle 2010 für den Murbodner, sowie für einige weitere Rassen zum direkten Vergleich zusammengefasst. Die Resultate basieren auf den Leistungen der Kontrollkühe über alle Laktationen.

Tabelle 4: Umfang der Milchleistungskontrolle 2010 (Quelle: ZAR 2010, modifiziert).

Rasse	Zuchtbetriebe mit Haupttrasse	Zuchtherden	Herdebuchkühe	Kontrollherden	Kontrollkühe	Besamungsdichte %
Murbodner	17	72	277	80	285	93,2
Fleckvieh	15044	16413	237068	17475	281552	96
Braunvieh	4491	5444	55078	5815	56279	92,2
Holstein	1225	4075	40036	5048	43778	95,1
Pinzgauer	619	1061	7680	1264	7952	79
Grauvieh	826	951	3809	1053	3920	76,4
Tuxer	27	85	255	96	262	83,3
Waldviertler Blondvieh	0	7	13	7	13	96,2
Kärntner Blondvieh	1	8	21	10	23	61,6
Ennstaler Bergschecken	2	10	36	11	37	79,3

Tabelle 5: Ergebnisse der Milchleistungskontrolle 2010, Kontrollkühe alle Laktationen (Quelle: ZAR 2010, modifiziert).

Rasse	Anzahl der Vollabschlüsse	Milch kg	Fett %	Fett kg	Eiweiß %	Eiweiß kg	Fett + Eiweiß kg
Murbodner	255	3967	3,99	158	3,36	133	291
Fleckvieh	235681	6707	4,13	277	3,4	228	505
Braunvieh	46284	6845	4,12	282	3,42	234	516
Holstein	35356	8234	4,1	337	3,25	267	604
Pinzgauer	6664	5398	3,86	208	3,24	175	383
Grauvieh	3110	4837	3,93	190	3,25	157	347
Tuxer	140	4508	3,82	172	3,33	150	322
Waldviertler Blondvieh	11	3314	3,9	129	3,28	109	238
Kärntner Blondvieh	18	4846	3,86	187	3,35	162	350
Ennstaler Bergschecken	19	4280	3,57	153	3,1	133	286

Obwohl die Hauptnutzung des Murbodner Rindes heute in der Mutterkuhhaltung beziehungsweise in der Fleischproduktion liegt, steht ein kleiner Anteil von Betrieben, wie aus Tabelle 4 und Tabelle 5 hervorgeht, nach wie vor unter Milchleistungskontrolle.

3.1.5.4 Zuchtprogramm (MURBODNER 2010)

Gegenwärtig beruhen die Intentionen im Bereich der Murbodner Zucht vorwiegend auf der Bewahrung der genetischen Vielfalt und der Minimierung von Inzucht. Diese Minimierung geschieht allerdings unter der Berücksichtigung einer Konsolidierung von phänotypischen Merkmalen, besonders hinsichtlich Farbe und Exterieur.

Ein Rind wird als Murbodner anerkannt, wenn es phänotypisch den Rassemerkmalen entspricht und zusätzlich seine Abstammung anhand entsprechender Lebensnummern über mindestens eine, besser zwei, Generationen nachgewiesen werden kann.

Von Zuchtstieren und potentiellen Stiermüttern muss die Abstammung über mindestens zwei Generationen nachvollziehbar sein. Zudem müssen sowohl Stiere als auch Stiermütter von der betreuenden Organisation grundsätzlich als Vatertiere bzw. als Mütter potentieller Vatertiere anerkannt sein. Stiermütter werden nach Vorgaben des Institutes für biologische Landwirtschaft und Biodiversität in Wels angepaart. Eine gewisse, wenn auch eingeschränkte, Wahlmöglichkeit in Hinblick auf den eingesetzten Stier ist hierbei gewährleistet.

Mit OPTIMATE wird schließlich das Anpaarungsprogramm vorgenommen und die Züchter erhalten daraus resultierende Anpaarungsempfehlungen, aus welchen sie letztendlich frei wählen können.

Die konsequente Beibehaltung dieser Vorgehensweise brachte bereits eine deutliche Verbesserung der populationsgenetischen Kenndaten, wie beispielsweise die Minimierung des Anstiegs der Inzucht und die Steigerung der effektiven Populationsgröße.

Zusätzlich werden Samen von Stieren mit besonders seltenen Abstammungskombinationen ex-situ konserviert. Dies geschieht jedoch immer unter der Berücksichtigung eines korrekten Exterieurs und in Übereinstimmung mit dem Zuchtziel.

Dieses Zuchtziel strebt langfristig mittelrahmige und eher fleischbetonte Rinder an. Aber auch an einer leichten Anhebung der Milchleistung, um die veranlagte Frohwüchsigkeit der Kälber zu fördern, besteht Interesse. Zu diesem Zweck stehen einige Zuchtkühe unter der freiwilligen Milchleistungskontrolle. Es wird aber auch die Fleischleistungskontrolle laufend verbessert. Die besondere Eignung des Murbodners für die Mutterkuhhaltung soll durch diese Maßnahmen weiter ausgebaut werden.

Eigenschaften, vor allem im Bereich der Fitnessmerkmale wie Langlebigkeit, gute Fruchtbarkeit und Leichtkalbigkeit, die das Murbodner Rind schon bisher auszeichneten, sollen dabei selbstverständlich erhalten bleiben. Sie fließen auch künftig in das Zuchtziel mit ein. Dasselbe gilt für das ideale Weideverhalten des MB und seine gute Futterverwertung.

3.2 Inzucht und ihre Folgen

3.2.1 Definition und Maßzahlen der Inzucht

Der Begriff *Inzucht* bedeutet, dass zwei Paarungspartner im Durchschnitt enger miteinander verwandt sind, als dies bei zufälliger Paarung zu erwarten wäre. Für diesen Durchschnitt wird bei der Ermittlung des Inzuchtkoeffizienten eine Basisgeneration definiert. Tiere der Basisgeneration werden als miteinander unverwandt angesehen. Die Wahrscheinlichkeit einen gemeinsamen Ahnen in den Pedigrees zweier Elterntiere zu finden steigt mit der Anzahl an Generationen, deren Abstammung bekannt ist, also je weiter die Basisgeneration zurückliegt. Vorfahren die weiter zurückliegen als die Basisgeneration werden nicht berücksichtigt. Die Inzucht ist daher in Abhängigkeit der verfügbaren Pedigrees zu sehen (FRANKHAM et al. 2002; FÜRST-WALT 1998; PIRCHNER 1994).

In geschlossenen Populationen führen unterschiedliche Paarungssysteme (z. B. Linienzucht) unweigerlich zu einer Steigerung der Inzucht. Auch wenn Populationen sehr klein sind lässt sie sich selbst durch gewissenhafteste Paarungen nicht vermeiden. Die Inzuchtsteigerung (ΔF) hängt in erster Linie von der genetisch wirksamen, der so genannten effektiven Populationsgröße ab. Diese lässt sich aufgrund der aktiven männlichen und weiblichen Individuen berechnen. Auf lange Sicht führt Inzucht zu einer vermehrten Homo- und einer verminderten Heterozygotie der Genotypen (GAILLARD 1997, PIRCHNER 1994).

In den letzten Jahrzehnten verbreitete sich die Anwendung von biotechnologischen Verfahren in der Nutztierzucht, wie beispielsweise die künstliche Besamung oder der Embryonentransfer, sehr stark. Der Austausch genetischen Materials mit anderen Populationen, etwa aus anderen Zuchtgebieten oder dem Ausland, wird durch diese Techniken erleichtert. In diesem Zusammenhang wirken sie daher inzuchtmildernd. Andererseits führen solche Verfahren jedoch auch dazu, dass weniger Tiere züchterisch genutzt werden. Sie vermehren sich aber aufgrund ihrer besonders geschätzten Erbanlagen enorm oft. So kann zum Beispiel ein sehr guter Besamungstier mehrere tausend Nachkommen zeugen (MAXIMINI 2008).

In der modernen Tierzucht begünstigt außerdem die Zuchtwertschätzung auf Basis der Leistungen aller Verwandten eines Tieres, das BLUP (**B**est **L**inear **U**nbiased **P**rediction)- Tiermodell, die Inzucht. Grund dafür ist, dass Zuchtwerte verwandter Individuen einander oft ähneln und daher häufig

mehrere Tiere einer Familie an der Spitze liegen. Die Zuchtwertschätzung unter Berücksichtigung von Verwandtenleistungen trägt also dazu bei, dass diese genauer wird, fördert jedoch bei alleiniger Selektion nach dem Tiermodell- Zuchtwert die Inzuchtsteigerung und führt so zu einer Abnahme der genetischen Varianz (FÜRST 1998).

Um den Grad der Inzucht zu ermitteln wird üblicherweise der Inzuchtkoeffizient (F) nach *Wright (1931)* herangezogen:

$$F_i = \sum \left(\frac{1}{2} \right)^{n_1+n_2+1} * (1 + F_{A_i}) \quad [1]$$

wobei:

- F_i Inzuchtkoeffizient des Individuums
 n_1, n_2 Anzahl an Generationen, die zwischen dem Tier und dem jeweiligen gemeinsamen Ahnen auf mütterlicher und väterlicher Seite liegen
 F_{A_i} Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Vorfahren

Summiert werden alle gemeinsamen Vorfahren, sowohl mütterlicher- als auch väterlicherseits.

Der Inzuchtkoeffizient F ist ein Maß für die Wahrscheinlichkeit, dass zwei Gene an einem Locus eines Individuums autozygot, das heißt herkunftsgleich sind (PIRCHNER 1979). Herkunftsgleich sind zwei Allele dann, wenn sie aus der Duplikation eines Gens von demselben Ahnen entsprungen sind (GAILLARD 1997). Der Inzuchtkoeffizient gibt also an, um wie viele Prozentpunkte die Homozygotie in den Tieren gegenüber einer zuvor definierten Basisgeneration zugenommen hat.

Daneben existieren auch der partielle und der ancestrale Inzuchtkoeffizient.

Der *partielle Inzuchtkoeffizient* wurde 1996 von *Lacy et al.* definiert und steht für die Wahrscheinlichkeit, dass ein Allel eines bestimmten Ahnen homozygot in seinem Nachkommen vorhanden ist. Der Inzuchtkoeffizient eines Tieres entspricht somit der Summe der partiellen Inzuchtkoeffizienten aller Gründertiere. Auf diese Weise lässt sich eine Aussage darüber treffen, ob Inzucht, die auf verschiedenen Ahnen basiert, sich auch entsprechend unterschiedlich auswirkt.

Der *ancestrale Inzuchtkoeffizient* nach *Ballou (1997)* berücksichtigt jenen Teil des Genoms eines Tieres, der bereits in seinen Vorfahren durch Inzucht geprägt war. Weil ingezüchtete Tiere, die homozygot Träger negativer Allele sind, in aller Regel aufgrund schlechterer Fitness weniger Nachkommen haben, ist die Wahrscheinlichkeit unerwünschter Allele bei ingezüchteten Ahnen geringer. Der logische Schluss daraus lautet, dass die Inzuchtdepression bei ingezüchteten Tieren mit nicht ingezüchteten Vorfahren schwerer wiegt, als jene bei ingezüchteten Tieren, die aus ebenfalls ingezüchteten Ahnen hervorgehen. Dieses Phänomen, dass es in ingezüchteten Populationen unter gewissen Bedingungen trotz starker Inzucht zu einer Reduktion oder sogar Elimination der Inzuchtdepression kommen kann wird in der Populationsgenetik als der *Purgingeffekt* bezeichnet. Er kann anhand des ancestralen Inzuchtkoeffizienten berechnet werden. Ein relativ exaktes Ergebnis liefert in diesem Zusammenhang die Methode des „gene dropping“ (*Köck 2008*).

Oft geschieht Purging in Verbindung mit einem genetischen Flaschenhals und wenn in einer Population starke Inzucht im Zusammenhang mit einem hohen Selektionsdruck auf Fitnessmerkmale steht (*AMOS und BALMFORD 2001*).

3.2.2 Auswirkungen von Inzucht

Inzucht als Zuchtmethode

In der Zucht landwirtschaftlicher Nutztiere ermöglicht die gezielte Anwendung von Inzucht als Zuchtmethode, in Kombination mit Selektion, eine verhältnismäßig schnelle Konsolidierung erwünschter Erbanlagen, die von nur einem oder wenigen Loci gesteuert werden. Das Resultat ist ein rascher erzielbarer Zuchtfortschritt. Außerdem kann die Ausgeglichenheit junger Rassen mit Hilfe von Inzucht zügiger erreicht werden. Oft wird hierbei eine milde Form der Inzucht, wie beispielsweise die Linienzucht, angewendet und auf die Anpaarung eng verwandter Tiere (1. Grades) weitgehend verzichtet (*GAILLARD 1997*).

Als Gegenstück zur Inzuchtdepression bezeichnet man die sogenannten *Heterosiseffekte*, auch *Hybrideffekte* genannt. Durch die Kreuzung verschiedener Inzuchtlinien miteinander hebt sich die entsprechende Inzuchtdepression wieder auf. Als Resultat daraus entspricht das mittlere Leistungsniveau der Nachkommen aus dieser Anpaarung im Mittel wieder jenem der Ausgangspopulation, aus welcher die einzelnen Inzuchtlinien hervorgegangen waren. Aus einigen

derartigen Linienkreuzungen entstehen jedoch Tiere, deren Leistungsniveau erheblich über dem Durchschnitt aller durchgeführten Kreuzungen liegt. Die Grundlage für den Erfolg in der Heterosiszüchtung ist daher die Selektion von Elite- Kreuzungskombinationen. Besonders große Bedeutung haben Hybridzuchtprogramme im Schweine- und Geflügelbereich (PIRCHNER 1994).

Inzucht kann auch bei der Aufdeckung von rezessiven, weniger günstigen Erbanlagen und somit gewissermaßen zur Reinigung der Population von unerwünschten Genen beitragen (KÖCK 2008, PIRCHNER 1979). Dieses Phänomen nennt man auch den Purgingeffect.

Eine sehr scharfe Form der Inzucht wird in der Züchtung von Labortieren angewendet. Ziel dabei ist es, die genetische Varianz innerhalb der gezüchteten Linien weitestgehend auszuschalten und möglichst uniforme Tiere zu erhalten. Der Inzuchtgrad von Mäusen, die für Laborversuche gezüchtet wurden, liegt oft nahe bei 100%. Um dies zu erreichen ist eine kontinuierliche Inzestpaarung über viele Generationen (oft 100 und mehr), sowie die strenge Selektion gegen Inzuchtdepression unerlässlich. Der Vorteil von Versuchstieren mit einer sehr geringen genetischen Varianz liegt darin, dass sich wissenschaftliche Studien mit wesentlich weniger Tieren statistisch absichern lassen (KÖCK 2008).

In der Nutztierzucht ist diese strenge Form der Inzucht allerdings bedeutungslos.

Erbfehler/ Erbkrankheiten

Nicht bei allen heute beschriebenen genetisch bedingten Krankheiten herrscht Gewissheit über den Erbgang, doch die überwiegende Mehrheit davon scheint monogen vererbt zu werden und rezessiv aufzutreten (PIRCHNER 1994).

Herrschen die Bedingungen eines monogenen, autosomalen und rezessiven Erbganges, so entstehen nur zwei unterschiedliche Phänotypen: einerseits Merkmalsträger die homozygot rezessiv sind, also Tiere bei welchen der Defekt offensichtlich vorhanden ist, andererseits so genannte Anlageträger, die homozygot dominant und heterozygot und die phänotypisch unauffällig sind (SCHÜLER 2002). Bekannte Erbkrankheiten aus dem Rinderbereich sind beispielsweise Weaver und Arachnomelie beim Braunvieh, die Mannosidose bei Angus, oder der Zwergwuchs bei Hereford (GAILLARD 1997, PIRCHNER 1994).

Eine wesentliche Bedeutung in der Thematik der Erbkrankheiten kommt dem so genannten Gründereffekt zu. Das bedeutet, dass sich die Zucht nur auf wenige Stamtiere stützt. Dieser Fall ist

im Nutztierbereich recht häufig. Es stellte sich zum Beispiel heraus, dass sich das Arachnomelie-Arthrogyrose- Syndrom (Spinnengliedrigkeit mit stark überdehnbaren oder aber verkürzten und dann gekrümmten Karpal-, Tarsal- und Fesselgelenken) fast zu 100% auf einen einzigen Brown Swiss Besamungstier zurückführen lässt. Dieser und seine Söhne hatten aufgrund herausragender Leistungen die Braunviehzucht massiv geprägt und so das zu diesem Zeitpunkt noch unerkannte Schaden verbreitet. Die Linienzucht für dieses Stammtier leistete ebenfalls einen gewissen Beitrag zur Manifestierung dieser Erbkrankheit in der aktuellen Braunviehpopulation. Arachnomelie- Kälber werden in aller Regel bereits tot geboren. Es handelt sich hierbei also um einen sogenannten Letalfaktor (GAILLARD 1997, ZAR 2010).

Um die Rolle, die der Inzucht in Zusammenhang mit der Erbfehler/ Erbkrankheiten- Problematik zukommt zu verdeutlichen, dient folgendes Szenario:

Nimmt man die Wirkung des Hardy- Weinberg- Gesetz als Grundlage und unterstellt einer fiktiven Population für das defekte Allel eine Frequenz von 1%, so erhöht sich bei einem Inzuchtkoeffizienten von 0,125 die Wahrscheinlichkeit für das Auftreten von Merkmalsträgern von 1 auf 13 (SCHÜLER 2002).

Inzuchtdepression

Durch eine kontinuierliche Inzucht steigt die Homozygotie innerhalb einer Population an. Das heißt, die Anzahl der Genorte, deren Allele herkunftsgleich sind, nimmt zu. Viele unerwünscht rezessive Allele kommen zum Vorschein und können eine Verminderung der Produktions- (z.B. Milch) und/ oder der Reproduktionsleistung (Fruchtbarkeit), oder auch seiner Vitalität (Fitness) bewirken. Dieses Phänomen wird als Inzuchtdepression bezeichnet und üblicherweise je % Inzucht ausgedrückt (FÜRST UND FÜRST- WALT 2009). Inzuchtdepression kann auch als das Gegenteil der Heterosis betrachtet werden (HORST 1994).

Neben dem Inzuchtkoeffizient beeinflussen auch die mittleren Allelfrequenzen und der Dominanzgrad die Ausprägung der Inzuchtdepression. So kommt diese beispielsweise in Merkmalen, an denen keine Gene mit Dominanzwirkung beteiligt sind, auch nicht vor. Besonders betroffen von Inzuchtdepression sind in der Regel Merkmale, die mit der Fitness eines Tieres in Zusammenhang stehen. Grund dafür ist, dass hierbei die Dominanz von Allelen besonders ausgeprägt ist. Dies wiederum ist bedingt durch den verhältnismäßig stärkeren Selektionsdruck dem Vitalitäts- und

Fruchtbarkeitsmerkmale unterliegen, da sie für die Erhaltung einer Art übergeordnet wichtig sind. Durch die natürliche Selektion nimmt die additiv genetische Varianz ab (niedrige Heritabilität), da sich nur Tiere, die nahe am Optimum liegen behaupten und folglich auch vermehren können. Gleichzeitig häufen sich dominante und überdominante Allele im Genpool an (BAUMUNG und FÜRST-WALTL 2002, GLODEK 1994).

Die Ursache für Inzuchtdepressionen lässt sich grundsätzlich durch zwei unterschiedliche Theorien beschreiben:

1. Dominanztheorie (DAVENPORT 1908, CROW 1952)

Laut dieser Hypothese sind für die Inzuchtdepression, ebenso wie für eine große Anzahl an Erbkrankheiten, gewisse unerwünschte (aber in einem weniger schädigenden Ausmaß), rezessive Gene verantwortlich. Phänotypisch in Erscheinung treten diese leistungsmindernden Gene jedoch nur bei Homozygoten. Darin liegt auch die Erklärung, dass sie nur bei ingezüchteten Tieren beobachtet werden können.

2. Überdominanztheorie (EAST 1908, SHULL 1908)

Sie besagt, dass heterozygote Genotypen homozygoten generell überlegen sind und Allele somit „überdominant“ wirken. Durch Inzucht verringert sich der Anteil an Heterozygoten und eine verminderte Leistung in ingezüchteten Populationen ist die Folge.

Mittlerweile wird angenommen, dass beide Theorien berechtigt sind und Inzuchtdepression sowohl durch die Dominanz, als auch die Überdominanz bestimmter Allele begründet ist. Als wichtigere Ursache wird aber jene durch schädliche rezessive Gene (Dominanzhypothese) angesehen (CHARLESWORTH und CHARLESWORTH 1999, TEMPLETON und READ 1994).

Berechnet werden kann die Inzuchtdepression aus der Leistungsdifferenz zwischen einer ingezüchteten Population und einer nicht ingezüchteten Ausgangspopulation. Für ein vereinfachtes, rein additives Modell eines quantitativen Merkmals, an dem n Genorte beteiligt sind, gilt folgende Formel (FALCONER und MACKEY 1996):

$$ID = M_F - M_o = -2F \sum_{i=1}^n d \bar{p}\bar{q} \quad [2]$$

wobei:

ID *Höhe der Inzuchtdepression*

MF *ingezüchtete Population*

MO *nicht ingezüchtete Ausgangspopulation*

F *Inzuchtkoeffizient*

d *Dominanzgrad*

\bar{p}, \bar{q} *mittlere Genfrequenzen an den beteiligten Genorten(n)*

3.2.3 Natürliche Strategien um Inzucht zu vermeiden

In der Regel hat enge Inzucht bei den meisten Tierarten mehr negative als positive Folgen für die Nachkommen, die einer solchen Verwandtenpaarung entspringen. Aus diesem Grund begünstigt die natürliche Selektion Strategien die dazu beitragen, Inzucht möglichst erfolgreich zu vermeiden (PUSEY und WOLF 1996).

Es können sich innerhalb einer Tierart mehrere Mechanismen zur Inzuchtvermeidung entwickelt haben, welchen vielfach noch weitere Funktionen zukommen (KÖCK 2008). Die wichtigsten unter ihnen sind nachfolgend kurz beschrieben.

Abwanderung

Diese simple Strategie, um Paarungen zwischen eng miteinander verwandten Individuen zu vermeiden, ist bei vielen Vogel- und Säugetieren weit verbreitet. Während es bei den Säugern überwiegend die Männchen sind, die abwandern, so ziehen bei den Vögeln in der Regel die Weibchen weg.

Extra-group und extra-pair Paarungen

Durch die Beschränkung der Partnerwahl auf Tiere außerhalb der sozialen Gruppe ist eine Inzuchtvermeidung möglich, ohne dass Jungtiere bei Eintritt der Geschlechtsreife die Gruppe verlassen müssen. Pilotwale beider Geschlechter bleiben zum Beispiel lebenslanglich in ihrer Gruppe. Als Vätertiere kommen jedoch nur Tiere von außerhalb in Frage.

Partnerwahl und Verwandtenerkennung

Bei unterschiedlichen Tierarten konnte auch nachgewiesen werden, dass Paarungen zwischen Tieren, die gemeinsam in einer Familie aufgewachsen sind, grundsätzlich viel seltener vorkommen als zwischen solchen verschiedener Gruppen (*Westmarck Effekt*). Die Tiere erkennen sich anhand des individuellen Körpergeruchs.

Verspätete Geschlechtsreife und Unterdrückung der Fortpflanzung

Einige Tierarten, die in sozialen Gefügen leben, erlangen die Geschlechtsreife nicht, solange der Elternteil des anderen Geschlechtes ebenfalls noch in derselben Gruppe lebt. Junge Löwinnen kommen beispielsweise erst dann in den Östrus, wenn ihr Vater durch ein neues Männchen ersetzt wird (PUSEY und WOLF 1996).

3.2.4 Züchterische Maßnahmen zur Minimierung der Inzucht

Um den durchschnittlichen Inzuchtgrad einer Population sowie deren effektive Populationsgröße (N_e) zu definieren gilt:

$$\Delta F_{Gen} = \frac{1}{2N_e} \quad \text{Je Generation} \quad [3]$$

wobei:

ΔF_{Gen} Inzuchtsteigerung je Generation

N_e Anzahl Elterntiere

und über t- Generationen:

$$F_t = 1 - \left[1 - \frac{1}{2N_e} \right]^t \quad [4]$$

wobei:

F_t Inzuchtkoeffizient nach t Generationen

N_e Anzahl Elterntiere

Wie sich aus Formel 4 ableiten lässt, ist der wesentlichste Faktor für eine Zunahme der Inzucht in einer Population eine geringe effektive Populationsgröße (N_e). Eine nachträgliche Erhöhung von N_e ist kaum wirkungsvoll.

Maßnahmen, die Inzuchtsteigerung zu minimieren, beruhen folglich im Wesentlichen auf der Erhöhung von N_e :

- *Geschlechterverhältnis von 1:1 anstreben*
- *Populationsumfang (N) maximieren*
- *Varianz der Familiengröße einschränken*
- *Verlängerung des Generationsintervalls*

Eine weitere Möglichkeit, Inzucht auf ein Minimum zu begrenzen, ist die Anwendung gezielter Anpaarungen. Alle Paarungssysteme zur Inzuchtminimierung basieren auf der Vermeidung von Familienpaarungen und dem Ziel, die Anzahl von Vollgeschwistern innerhalb der Familien möglichst gering zu halten. Zwei unterschiedliche Ansätze können in diesem Zusammenhang unterschieden werden. Einerseits wird die Heterozygotie innerhalb einer Population als Maßstab herangezogen auf der anderen Seite liegt das Hauptaugenmerk darauf, den Inzuchtkoeffizienten in der Folgegeneration zu reduzieren.

Es ist aber wichtig zu beachten, dass entsprechende züchterische Maßnahmen zwar die Inzuchtkoeffizienten der Nachkommen beeinflussen, nicht aber die Inzuchtrate der Population, die eine Größe mehrerer Generationen ist. Letztere hängt vor allem von der Selektion und der Populationsgröße ab (SCHÜLER 2002).

3.3 Genetische Vielfalt

Die genetische Diversität ist Teil der biologischen Vielfalt, der Biodiversität. Diese wird im Originaltext der *Konvention über biologische Vielfalt CBD (2006)* definiert als: „... die Variabilität unter lebenden Organismen jeglicher Herkunft, darunter unter anderem Land-, Meeres- und sonstige aquatische Ökosysteme und die ökologischen Komplexe, zu denen sie gehören. Dies umfasst die Vielfalt innerhalb der Arten und zwischen den Arten und die Vielfalt der Ökosysteme“. Die Vielfalt des Lebens lässt sich also auf 3 Ebenen beschreiben:

- *Vielfalt der Ökosysteme*
- *Vielfalt der Arten und*
- *Vielfalt der Gene* (BIODIVERSITÄT IST LEBEN 2010)

Die dritte Ebene, die Vielfalt der Gene, ist mit dem Begriff der Genetischen Diversität gleichzusetzen und bezieht sich auf die Variation innerhalb einer Art. Diese Unterschiede in den Erbinformationen in Individuen ermöglichen es ihnen, flexibel auf sich ändernde Umwelteinflüsse zu reagieren und sich ihnen anzupassen. Sie sind daher grundlegend für die Stabilität eines Ökosystems (SIDERITS 2011).

Systematische Vorgänge die sich auf die genetische Zusammensetzung einer Population auswirken sind die Mutation, Migration und Selektion.

Mutation:

Unter einer Mutation versteht man die dauerhafte Veränderung des Erbgutes. Sie tritt spontan auf oder wird durch äußere Einflüsse ausgelöst, zum Beispiel durch Strahlung.

Mutationen sind sehr selten. Der Schätzwert für die Mutationsrate, bezogen auf Individuen, liegt je Generation in einer Größenordnung von etwa 10^{-1} bis 10^{-2} . Mutationen sind aber nicht nur selten, meistens gehen sie auch sehr schnell wieder verloren, etwa ein Drittel innerhalb einer Generation. Ein weiteres Drittel kommt in der nächsten Generation nur einfach vor und nur das letzte Drittel schafft es letztendlich mehrfach vorhanden zu sein. Es haben nur rekurrente, also sich wiederholende Mutationen, die Chance in einer Population zu bleiben. Obwohl Mutationen nicht sehr häufig sind, schaffen sie durch ihr Vorkommen an verschiedenen Genorten laufend genetische Vielfalt (PIRCHNER 1994).

Migration:

Migration ist die Bezeichnung für das Ein- und Auswandern von Genen. Im Unterschied zur Mutation sind diese hierbei aber an Individuen und Gameten gebunden und so kommen bei der Migration vollständige Genome in die Population oder verlassen sie. Unterscheiden sich die Genhäufigkeiten von Immigranten und Tieren der Empfängerpopulation, so sind Änderungen der Genfrequenz die Folge. Die Migrationsrate ist in der Regel sehr viel größer als die Mutationsrate, denn Haustierpopulationen sind nicht in dem Ausmaß voneinander isoliert wie Wildtierarten. Zudem wurde und wird interessantes Erbmateriale immer schon in unterschiedlicher Intensität zwischen Populationen, Rassen und Schlägen ausgetauscht (PIRCHNER 1994).

Selektion:

Nach Darwin ist die natürliche Selektion hauptverantwortlich für die Evolution. Selektion findet statt, wenn Individuen eine unterschiedliche Anzahl an Nachkommen hervorbringen. Genetisch wirksam wird sie dann, wenn diese Unterschiede auf verschiedenen Genotypen beruhen.

Bei der künstlichen Selektion schränkt der Züchter die Vermehrung von Individuen mit unerwünschten Eigenschaften ein, jene von überlegenen Tieren wird hingegen gefördert. Die Häufigkeit des unerwünschten Gens nimmt also bei konsequenter Selektion ab.

Die Änderung der Genfrequenz ist nicht nur von der Selektionsschärfe abhängig, sondern wird auch sehr stark davon beeinflusst, ob ein Allel dominant, intermediär oder rezessiv ist. Sind die

Genfrequenzen eines Merkmals sehr niedrig oder aber auch sehr hoch, so ist die Selektionswirkung relativ gering. Am höchsten ist sie bei mittleren Genhäufigkeiten (PIRCHNER 1994).

Die Folgen der drei genannten Prozesse, die Änderung der genetischen Frequenz innerhalb einer Population, werden entweder unmittelbar im Phänotyp sichtbar oder sie lassen sich auf molekularer Ebene mittels DNA- Sequenzierung nachweisen.

3.3.1 Methoden zur Bestimmung der genetischen Diversität

3.3.1.1 Pedigreeanalyse

Anhand von Abstammungsdaten ist es möglich so genannte Diversitätsstudien durchzuführen. Aus den Pedigrees können folgende Kennzahlen der genetischen Vielfalt berechnet werden: effektive Populationsgröße, effektive Anzahl Gründertiere, effektive Anzahl Ahnen, sowie die effektive Anzahl Gründergenome.

Güte von Pedigrees

Da die Ergebnisse von Pedigreeanalysen maßgeblich durch die Qualität der verfügbaren Daten bestimmt sind, ist es erforderlich, diese Güte messbar zu machen. Dies kann durch die Berechnung der durchschnittlichen Anzahl von bekannten Ahnen je Tier oder auch je Generation erfolgen. Eine weitere Kennzahl für die Güte von Stammbauminformationen beschreiben *Boichard et al. (1997)* mit dem durchschnittlichen kompletten Generationsäquivalent (g_e). Es wird anhand folgender Formel über die Summe aller bekannten Ahnen berechnet:

$$g_e = \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N \sum_{i=1}^{N_j} \frac{1}{2^{g_{ij}}} \quad [5]$$

wobei:

g_e durchschnittliches komplettes Generationsäquivalent

n_j gesamte Anzahl der Vorfahren des Tieres j

g_{ij} Anzahl der Generationen zwischen dem Tier j und dem Vorfahren i

N Anzahl der Tiere in der Referenzpopulation für die g_e berechnet wird

Effektive Populationsgröße (N_e)

Die effektive Populationsgröße ist gleichzusetzen mit der Anzahl von Individuen in einer idealen Population, in der der Inzuchtzuwachs je Generation beziehungsweise die genetische Drift gleich groß sind wie in der tatsächlichen Population (FALCONER und MACKAY 1996). Dieses Maß reagiert auf fehlende Pedigreeinformationen sehr empfindlich (BOICHARD et al. 1997). Die Formel zur Berechnung der effektiven Populationsgröße lautet:

$$N_e = \frac{4N_f N_m}{N_f + N_m} \quad [6]$$

wobei:

N_e effektive Populationsgröße

N_f weibliche Tiere in der Population

N_m männliche Tiere in der Population

Effektive Anzahl Gründertiere (f_e)

Als Gründer werden Tiere bezeichnet, deren Eltern unbekannt sind. Ist beispielsweise von einem Individuum nur ein Elternteil bekannt, so wird der zweite als Gründer angenommen (BOICHARD et al. 1997; LACY 1989).

Nicht jeder Gründer steuert jedoch denselben genetischen Anteil zur nächsten Generation bei. Zur Ermittlung des Verlustes der genetischen Vielfalt aufgrund der ungleichmäßigen Beiträge einzelner Gründertiere dient das Gründeräquivalent beziehungsweise die effektive Anzahl Gründertiere (f_e). Es entspricht jener Anzahl an Gründertieren, die bei jeweils gleichem genetischen Beitrag an einer Population, die gleiche Vielfalt an Allelen realisieren, wie sie tatsächlich in der Referenzpopulation festgestellt werden kann (LACY 1989, ROCHEAMBAU 1989).

Zur Berechnung des Gründeräquivalents wird folgende Formel verwendet:

$$f_e = 1 / \sum_{k=1}^f q_k^2 \quad [7]$$

wobei:

f_e effektive Anzahl Gründertiere

f Anzahl Gründertiere

q_k relativer Anteil des Gründerallels i in der Referenzpopulation

Steuern alle Gründer in gleichen Anteilen zur genetischen Zusammensetzung der Population bei, so entspricht die effektive Anzahl Gründertiere exakt der tatsächlichen. Ist dies nicht der Fall, so ist f_e immer kleiner.

Die Kennzahl f_e ist umso größer, je gleichmäßiger sich der genetische Beitrag zur nächsten Generation über alle Gründer aufteilt. Der Verlust genetischer Vielfalt in einem gewissen Maße ist aber dennoch unvermeidlich. Grund dafür ist die genetische Drift. Besonders wirksam ist die Gendrift in sehr kleinen Populationen. Wird ein Gründerallel nur durch einen (oder einige wenige) Nachkommen verbreitet so ist es denkbar, dass es von diesen nicht weitergegeben wird (LACY 1989). Es handelt sich hierbei um einen sogenannten Flaschenhalseffekt. Selbst wenn sich eine Population nach einem Ereignis, das sie zahlenmäßig stark reduziert hat, wieder vergrößert, ist innerhalb dieser Population nur noch jener Genpool wie zum Zeitpunkt des Flaschenhalses vorhanden (Köck 2008).

Der Nachteil bei der Berechnung der effektiven Anzahl Gründern ist, dass sie weder genetische Flaschenhalse im Pedigree noch Gendrift berücksichtigt (BOICHARD et al. 1997).

Effektive Anzahl Ahnen (f_a)

Die effektive Anzahl Ahnen ist eine weitere Kennzahl, um die genetische Vielfalt in einer Population zu beschreiben. Sie entspricht der Mindestanzahl an Ahnen (Gründer oder nicht), die nötig ist, um die Diversität der Genetik in der Referenzpopulation zu beschreiben.

Eventuelle Flaschenhalse im Stammbaum werden bei der Berechnung dieser Maßzahl mit einbezogen. Andererseits wird jedoch die genetische Drift hierbei ignoriert, was zur Überschätzung der effektiven Anzahl Ahnen führt (BOICHARD et al. 1997).

Die Vorfahren werden infolge ihres genetischen Beitrags zur Referenzpopulation ausgewählt. Da sie aber nicht unbedingt gleichzeitig auch Gründer sein müssen und daher möglicherweise untereinander verwandt sind, werden nur die marginalen Genanteile in die Berechnung inkludiert. Die marginalen Genanteile eines Ahnen sind jene genetischen Komponenten, die ausschließlich durch dieses Tier erklärt werden können. Auf diese Weise wird eine Mehrfachberücksichtigung eines Vorfahren ausgeschlossen (BOICHARD et al. 1997).

Die effektive Anzahl Ahnen wird wie folgt ermittelt:

$$f_a = 1 / \sum_{k=1}^a p_k^2 \quad [8]$$

wobei:

f_a effektive Anzahl Ahnen

p_k marginaler Beitrag des Ahnen k am Genpool der Referenzpopulation

Um die Anzahl effektiver Ahnen exakt zu kalkulieren muss jeder Vorfahre mit einem Genanteil der größer ist als Null bestimmt werden. In sehr großen Populationen ist das aber kaum möglich. *Boichard et al. (1997)* schlagen daher vor, eine Ober- und Untergrenze festzulegen, um den Rechenaufwand überschaubar zu halten.

Im Zuge der Berechnung der effektiven Anzahl Ahnen ist es möglich die wichtigsten Ahnen in einer Population und deren marginale Anteile auszuwerten. Dadurch entsteht ein Eindruck von der genetischen Zusammensetzung der Population und es lässt sich abschätzen, wie viele Tiere wie viel Prozent des Genpools bestimmen.

Effektive Anzahl Gründergenome (N_g)

Die effektive Anzahl Gründergenome ist eine Kennzahl, die alle Verluste der genetischen Vielfalt, einschließlich jene durch Gendrift, berücksichtigt. Sie ist ein Maß für die Wahrscheinlichkeit, dass Gene aus der Gründerpopulation auch noch in der aktuellen Zuchtpopulation zu finden sind (BOICHARD 1997, CHEVALET und ROCHEAMBEAU 1986, MACCLUER et al. 1986, LACY 1989, SÖLKNER et al. 1998).

Basis für die Berechnung der effektiven Anzahl Gründergenome ist das sogenannte „gene dropping“. Dabei wird ein einzelner Genort simuliert und jedem Gründertier werden zwei fiktive Allele zugeordnet. Durch Zufall wird nun jeweils ein Allel der Eltern, eines von der Mutter und eines vom Vater, an ihre Nachkommen weitergegeben. Die Simulation dieser zufälligen Übertragung von Erbinformation erfolgt über das gesamte Pedigree. Danach werden die relativen Anteile aller Allele der Gründertiere am Genpool der aktuellen Zuchtpopulation errechnet. Um zu einem repräsentativen Mittelwert zu kommen, muss der Vorgang vielfach wiederholt werden. Weil bei dieser Methode alle Ursachen für Verluste der genetischen Diversität mit einfließen, sind die ermittelten Werte für N_g kleiner als jene für die effektive Anzahl Gründer und die effektive Anzahl Ahnen.

Zur Berechnung der effektiven Anzahl Gründergenome wird folgende Formel verwendet:

$$N_g = 1/2(1/\sum_{i=1}^{2f} q_i^2) \quad [9]$$

wobei:

N_g effektive Anzahl Gründergenome

$2f$ Anzahl Gründerallele

q_i relativer Anteil des Gründerallels i in der Referenzpopulation

Nach *Lacy (1989)* ist eine Mindestanzahl von 20 effektiven Gründergenomen notwendig, um die genetische Variabilität, die langfristig für den Fortbestand einer Population erforderlich ist, erhalten zu können.

3.3.1.2 Molekulare Marker

Sind für eine Population keine Pedigreedaten verfügbar so kann die genetische Vielfalt, beziehungsweise können die Folgen von Inzucht, durch die Verwendung molekularer Marker ermittelt werden. Darunter werden Polymorphismen auf DNA-Ebene verstanden, die dabei helfen, den Genotyp eines Organismus zu definieren (MAAK 2001). Häufig wurde in diesem Zusammenhang die Verwendung von Mikrosatellitenmarkern empfohlen. Mikrosatelliten sind aus mehrfach wiederholten kurzen DNA-Sequenzen zusammengesetzte DNA-Abschnitte (HAMADA et al. 1982, LITT

und LUTY 1989). Sie zeichnen sich dadurch aus, dass sie durch eine unterschiedliche Anzahl an Wiederholungseinheiten in der Länge variieren und sind aufgrund dieser Eigenschaft als molekulare Marker geeignet (TAUTZ und RENZ 1984, DÖRNTE 2001).

Um zu einem etwa ebenso aussagekräftigen Ergebnis wie anhand von Berechnungen mit dem Inzuchtkoeffizienten zu kommen, wäre die Typisierung von über 100 (besser 200) Genorten erforderlich. Praktisch sind es in den meisten Studien jedoch nicht mehr als 15 Loci (BAUMUNG und SÖLKNER 2003). Inzuchtdepression liegt dann vor, wenn ein Merkmal (z. B. Fruchtbarkeit) und die Heterozygotie an den untersuchten Loci positiv miteinander korrelieren (SLATE und PEMBERTON 2002). Mit Hilfe von Mikrosatelliten Markern ist es aber nicht nur möglich die Verwandtschaft von Individuen innerhalb einer Population, sondern auch zwischen Rassen/ Populationen nachzuweisen. Auf dieser Basis wurden für den Nutztierbereich in den letzten Jahren zahlreiche Diversitätsstudien durchgeführt und veröffentlicht. Im Humanbereich findet diese Methode unter anderem bei Vaterschaftstests Anwendung (Köck 2008).

In den letzten Jahren wurden die Mikrosatelliten mehr und mehr durch eine neue Art von genetischen Markern, den sogenannten SNP (single nucleotide polymorphism) Markern ersetzt. Es werden darunter Variationen einzelner Basenpaare in einem DNA-Strang bezeichnet. Der Vorteil dieser SNP- Marker ist ihre, im Vergleich zu Mikrosatellitenmarkern, geringe Mutationsrate und ihre sehr hohe Dichte im Genom (HINRICHS et al. 2008).

3.4 Wichtige Merkmale für Fleisch- und Generhaltungsrasse

3.4.1 Definition der Reproduktionsmerkmale Kalbeverlauf und Totgeburtenrate

Der Verlauf einer Geburt lässt sich schwer beschreiben, solange für den Schwierigkeitsgrad keine absolute Basis definiert ist. Eine relativ objektive Methode um dieses Problem zu lösen, ist die Erhebung der erforderlichen Hilfsmaßnahmen während der Geburt (HAMIDI- MOGHEDEM 1982, zit. nach KRABNITZER 2009).

In Österreich wird das Merkmal Kalbeverlauf in die 5- stufige Skala der ZAR eingeteilt:

- 1 *Leichtgeburt (keine Geburtshilfe erforderlich)*
- 2 *Normalgeburt (Geburtshilfe von einer Person erforderlich)*
- 3 *Schwerggeburt (Geburtshilfe von mehr als einer Person oder mechanischer Geburtshelfer erforderlich)*
- 4 *Kaiserschnitt*
- 5 *Embryotomie (Zerstückeln des Kalbes)*

Seit 1994 gibt es in Deutschland für die Merkmale Kalbeverlauf und Totgeburtenrate eine Zuchtwertschätzung. In Österreich gibt es sie seit 1995 für den Kalbeverlauf, beziehungsweise seit 1998 für die Totgeburtenrate. Es fließen darin alle Abkalbungen seit 1.1.1990 ein.

Die Stufen 4 und 5 auf der Skala werden für die Zuchtwertschätzung zusammengefasst. Weil der Kalbeverlauf sowohl von der Kuh, als auch vom eingesetzten Stier abhängig ist, werden in der Regel zwei Zuchtwerte ausgewiesen: ein paternaler und ein maternaler (LUO et al. 1999).

Der Kalbeverlauf wird zudem stark von der Laktationsnummer der Mutter und dem Geschlecht des Kalbes beeinflusst. Ist das Kalbealter der Kuh sehr niedrig oder hoch, so gibt es deutlich häufiger Schwierigkeiten bei der Geburt. Besonders Erstlingskalbungen sind meist schwerer als alle weiteren darauffolgenden. Die Kalbeverläufe bei männlichen Kälbern sind tendenziell immer problematischer als jene bei weiblichen (FÜRST 2009).

Die Erfassung der Totgeburtenrate erfolgt in Österreich als Ja/ Nein- Merkmal. Weil eine Infektion post partum aus tierärztlicher Sicht nicht so rasch zum Tod eines Kalbes führen kann, werden nicht

nur tot geborene sondern auch innerhalb 48 Stunden nach der Geburt verendete Kälber in die Statistik miteinbezogen. Fehlende Totgeburten- beziehungsweise Verendungsmeldungen werden in Österreich durch Einbeziehung der Daten aus den Tierkennzeichnungsdatenbanken korrigiert. Dadurch wird die Genauigkeit der Erfassung für die Totgeburtenrate wesentlich verbessert. In Österreich ergab diese Maßnahme eine Steigerung der jährlichen Totgeburten von etwa 1% (FÜRST und FÜRST-WALTL 2006).

3.4.2 Definition der Leistungsmerkmale Geburts-, 200 Tage- und 365 Tage- Gewicht

Das Geburtsgewicht ist als jenes Gewicht definiert, welches ein Tier zum Zeitpunkt seiner Geburt auf die Waage bringt. Es wird vom Züchter selbst erhoben und festgehalten (PIRKER 2011).

Im Zuge der Fleischleistungsprüfung wird zweimal jährlich das Gewicht aller Jungtiere (mit Ausnahme der Hochlandrinder) im Alter von 90-500 Tagen erhoben. Die Wiegunen erfolgen durch Kontrollorgane der Landeskontrollverbände. Um die Leistung der Tiere vergleichbar zu machen, werden standardisierte Gewichte in Form des 200- und des 365-Tage- Gewichtes veröffentlicht.

Das 200-Tage- Gewicht, das Absetzgewicht, gibt einerseits Aufschluss über die Wüchsigkeit des Kalbes (paternaler Effekt), andererseits aber auch über die Aufzucht- beziehungsweise die Milchleistung seiner Mutter (maternaler Effekt). Es wird zwischen dem 90. und 280. Lebenstag des Tieres ermittelt und auf 200 Tage standardisiert. Dazu werden Regressionskoeffizienten für das Alter jeweils innerhalb eines Geschlechts herangezogen, die für verschiedene Rassengruppen (linear und quadratisch) geschätzt werden.

Das 365- Tage- Gewicht (Jahresgewicht) liefert Hinweise über die erwartete Zuwachsleistung und Mastfähigkeit des Jungrindes. Es wird zwischen dem 281. und 365. Lebenstag erhoben und auf 365 Tage standardisiert. Die Standardisierung erfolgt analog zu den 200-Tage-Gewichten.

4 Material und Methoden

4.1 Daten

Die für die Berechnungen herangezogenen Daten, wurden freundlicherweise von der *ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH* zur Verfügung gestellt. Der Datensatz enthielt 66.337 Tiere. Die ältesten Daten stammen aus dem Jahr 1920. Wie viele und in welchem Ausmaß Tiere des Pedigreedatensatzes ingezüchtet waren ist Tabelle 6 zu entnehmen.

Tabelle 6: Verteilung aller im Pedigreedatensatz enthaltenen Tiere über definierte Inzuchtclassen.

Inzucht [%]	Anzahl Tiere
0	48.018
$0 < f \leq 5$	17.015
$5 < f \leq 10$	812
$10 < f \leq 15$	292
$15 < f \leq 20$	32
$f > 20$	168
Σ	66.337

Um Aussagen über die Änderung der genetischen Vielfalt und die Entwicklung des Inzuchtstatus beim Murbodner Rind im Laufe der Zeit treffen zu können, wurde eine Referenzpopulation, also eine Anzahl von Tieren auf die sich die Ergebnisse der Untersuchungen beziehen, definiert. Sie umfasst alle zur Zeit der Durchführung der Analysen lebenden und somit genetisch zu folgenden Generationen beitragenden Tiere der Rasse Murbodner, von welchen beide Elternteile bekannt sind. In Zahlen ausgedrückt waren das 10.156 Tiere. Die zwei ältesten als „noch lebend“ im Datensatz enthaltenen wurden 1990 geboren. Im Durchschnitt reichten die Abstammungsinformationen für Tiere der Referenzpopulation über knapp vier, zum Teil sogar über nahezu acht Generationen zurück. Die Aufbereitung der Daten erfolgte für alle Merkmale mit dem Programmpaket SAS 9.2 (SAS 2009).

Kalbeverlauf- Daten

Der Datensatz über die Kalbeverläufe der Murbodner enthielt 13.472 Beobachtungen aus den Jahren 1990-2010. Der Schweregrad der Geburten nach der 5-stufigen Skala der Zar ist in Abbildung 7 dargestellt. Die Stufen 4 und 5 wurden zusammengefasst. Dennoch sind mit 0,22% nur relativ wenige Geburten mit derartigen Komplikationen verzeichnet.

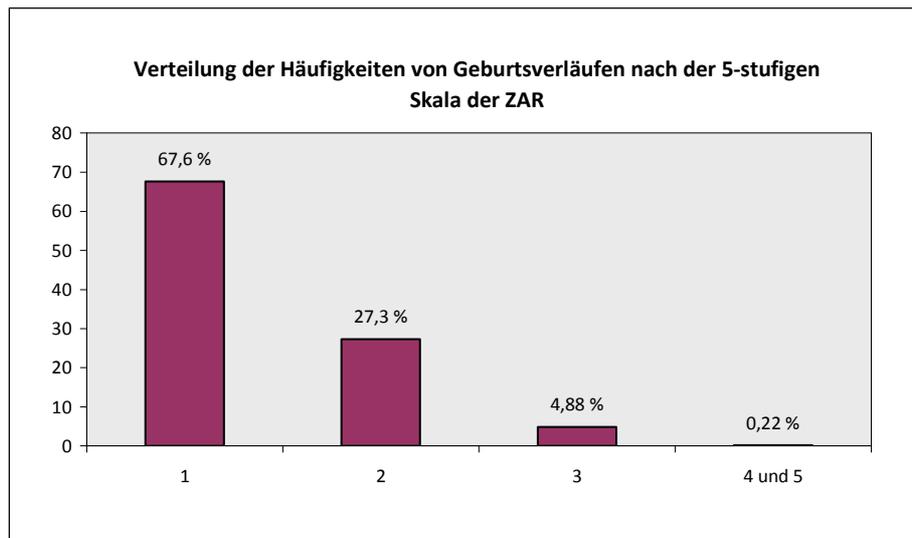


Abbildung 7: Die nach ihrem Schweregrad erfassten Kalbeverläufe beim MB zwischen 1990-2010.

Die Daten zu den Kalbeverläufen stammen aus 8 österreichischen Bundesländern (alle außer Wien) und von 560 verschiedenen Betrieben. In Abbildung 8 ist die Verteilung der verfügbaren Kalbeverlaufdaten über die Bundesländer dargestellt. Die Mehrheit der Murbodner ist in den Bundesländern Steiermark, Niederösterreich und Oberösterreich zu finden (etwa 99%).

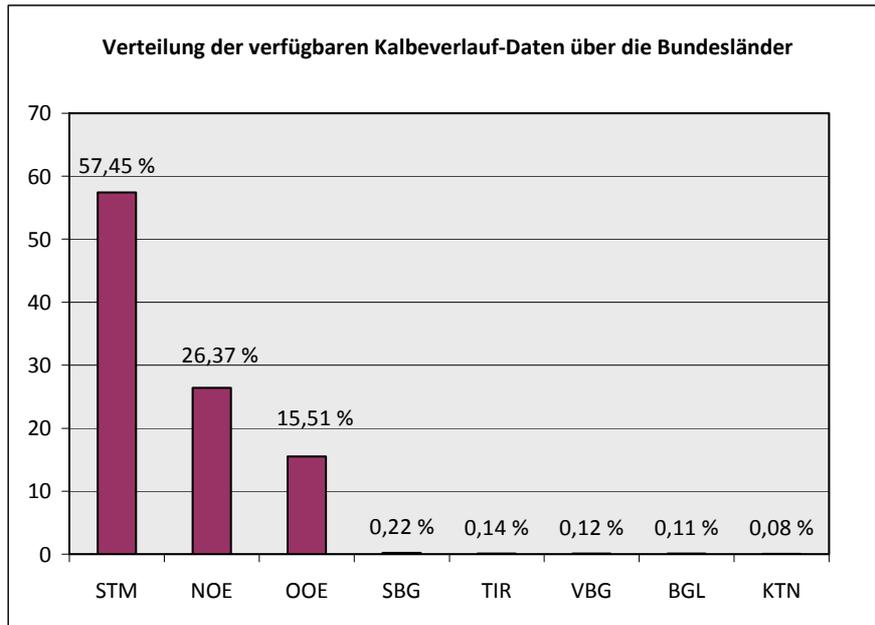


Abbildung 8: Verteilung der erfassten Kalbeverläufe über die Bundesländer.

Der Datensatz enthielt außerdem Informationen über das Erstkalbealter der Kühe, da dieses den Verlauf der Kalbung bekanntermaßen wesentlich beeinflussen kann. Die meisten Murbodner Kalbinnen der Geburtsjahrgänge 1990-2010, genauer gesagt 52%, kalbten im Alter zwischen 27-32 Monaten zum ersten Mal ab. Allerdings ist dieser Wert unter dem Vorbehalt zu sehen, dass die Erfassung des Erstkalbealters allem Anschein nach nur sehr lückenhaft erfolgt war. Von insgesamt 13.472 Tieren war nur für 8.447 ein Erstkalbealter angegeben.

Weiters waren Informationen über die Anzahl der Laktationen der Murbodner Kühe im Datensatz enthalten, die in Hinblick auf den Kalbeverlauf ebenfalls nicht außer Acht gelassen werden dürfen.

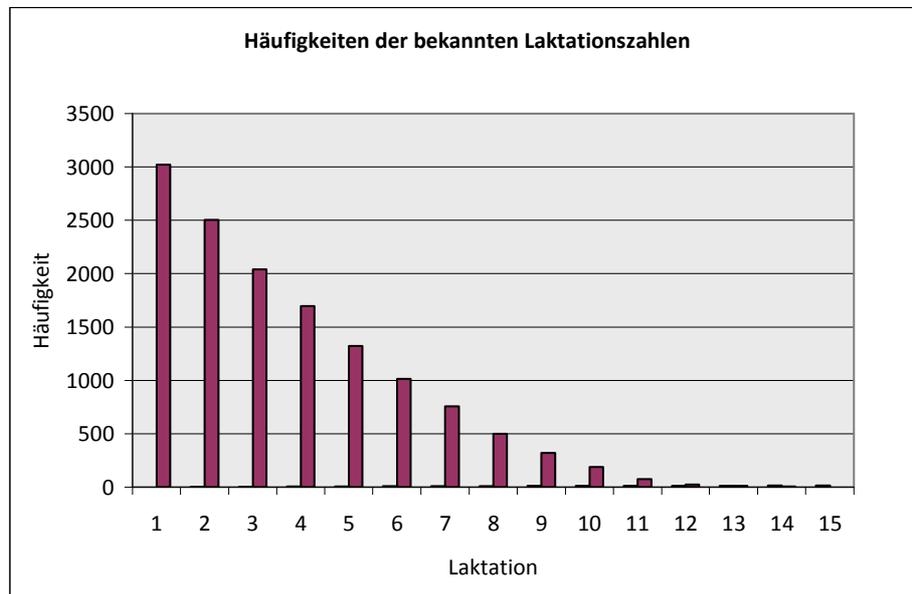


Abbildung 9: Verteilung der Häufigkeiten von Laktationszahlen der Kühe mit erfassten Kalbeverläufen.

Weil sich die meisten Angaben über die Laktationzahl im Bereich zwischen erster und fünfter Laktation konzentrierten (>78%), wurden für die Analysen alle Laktationen über fünf zur 5. Laktation gezählt. Der Datensatz wurde im Zuge der Auswertungen aus Gründen der Plausibilität auf Angaben beschränkt, die eine Laktationszahl von 20 nicht überschritten.

Von allen im Datensatz enthaltenen Kälbern waren insgesamt 375 bereits tot geboren worden, oder binnen 48 Stunden post partum verendet. Dies entspricht einer Totgeburtenrate von knapp 2,8%.

Wiegedaten

Für die Analysen der Daten zum Zwecke der Feststellung, ob und in welchem Ausmaß sich eine Inzuchtdepression in den Wiegeleistungen bei Murbodnern niederschlägt, wurden Tiere mit einem Fremdassenanteil über 25%, beziehungsweise über 50%, wenn Gelbvieh eingekreuzt wurde, nicht berücksichtigt. Der Datensatz wurde um Mehrfachwiegungen bereinigt. Für die Auswertung wurde jenes Gewicht, welches näher am Ziel-Wiegedatum (200 beziehungsweise 365 Tage) lag, herangezogen.

Für die Analysen waren die Geburtsgewichte von 12.190 Tieren vorhanden. Das durchschnittliche Geburtsgewicht eines Murbodner Stierkalbes lag bei 42kg, jenes eines Kuhkalbes bei etwa 39kg. Die Verteilung der Kälber nach Geschlecht war mit 49% männlichen und 51% weiblichen Tieren nahezu ausgeglichen. Aus den verwendeten Daten geht hervor, dass die Häufigkeit der Erfassung des Geburtsgewichtes beim Murbodner mit den Jahren ständig zugenommen hat. Aus dem Jahr 1995 war beispielsweise nur von einem Tier das Geburtsgewicht angegeben worden, 2010 waren bereits die Geburtsgewichte von 1.006 Murbodnern bekannt.

Für die Ermittlung einer eventuellen Inzuchtdepression im Merkmal 200-Tage-Gewicht stand ein Datensatz mit 9.408 Tieren zur Verfügung. Analysiert wurde das 200-Tage-Gewicht für Murbodner, die in einem Zeitraum von 1999-2010 geboren worden waren. Nach Bereinigen der Daten um Tiere, die doppelt oder mehrfach im Datensatz vorkamen, blieben 8.758 Tiere übrig.

Das Geschlechterverhältnis war mit 49% männlichen und 51% weiblichen Kälbern relativ ausgeglichen. Das durchschnittliche 200-Tage-Gewicht eines Stierkalbes lag (ohne Standardisierung auf 200 Tage) bei 251,8kg, jenes von weiblichen Kälbern betrug 236,3kg.

Weil Tiere mit hohem Fremdassenanteil (>25% beziehungsweise >50% wenn Gelbvieh eingekreuzt wurde) für die Analysen nicht berücksichtigt wurden, schieden im Merkmal 200- Tage- Gewicht 213 Beobachtungen aus.

Um einen potentiellen Einfluss von Inzucht auf das 365-Tage-Gewicht beim Murbodner zu berechnen waren 5.947 Beobachtungen, verteilt auf die Geburtsjahrgänge 1998-2009, verfügbar. Das Geschlechterverhältnis zeigte sich mit 47:53% geringfügig zugunsten weiblicher Rinder verschoben. Aufgrund der Einschränkung des Fremdgenanteils wurden für die Analysen 125 Beobachtungen eliminiert.

4.2 Methoden

4.2.1 Inzuchtdepression

Untersucht wurde der Einfluss von Inzucht auf die Merkmale Kalbeverlauf und Totgeburtenrate , sowie auf das Geburts-, 200-Tage- und 365-Tage-Gewicht.

Als Grundlage für die Berechnungen musste, aus den von der *ZuchtData* zur Verfügung gestellten Abstammungsdaten, der individuelle Inzuchtkoeffizient jedes Tieres ermittelt werden. Zu diesem Zweck diente das Programm *meuw.f* aus dem Softwarepaket PEDIG von *Boichard (2007)*.

Die statistische Auswertung der Daten erfolgte anhand des Statistikprogrammpakets *SAS 9.2 (2009)*. Zur Durchführung der Kovarianzanalysen wurde die *Prozedur Mixed* des Programms verwendet.

a) Kalbeverlauf und Totgeburtenrate

Die österreichische und deutsche Zuchtwertschätzung für Kalbeverlauf und Totgeburtenrate bildeten die Grundlage für das Aufstellen der getesteten Modelle für diese Merkmale.

Um herauszufinden, wie sich Inzucht auf das Merkmal Kalbeverlauf auswirkt wurde ein Modell erstellt, das den Inzuchtkoeffizienten der kalbenden Kuh, jenen des zu gebärenden Kalbes und jenen von dessen Vater berücksichtigt. Da erwiesen ist, dass die Faktoren Erstkalbealter und Laktationsnummer der Kuh maßgeblich den Verlauf einer Geburt beeinflussen, sind sie ebenfalls im Modell enthalten (AUMANN et al. 1996).

Im ursprünglichen Modell wurden folgende Faktoren berücksichtigt:

- *fixer Effekt der Wechselwirkung von Betrieb (N= 561) und Jahr (1996-2010)*
- *Geschlecht (männlich/ weiblich)*
- *Saison (zu Quartalen zusammengefasste Geburtsmonate , 1-4)*
- *Erstkalbealter und Laktationsnummernklasse der Kuh (9 Klassen, z.B. Erstkalbealter 23 Monate= Klasse 1, 24-28 Monate= Klasse 2 etc.. Durch die Klassenbildung war gewährleistet, dass das Erstkalbealter nur innerhalb der ersten beiden Laktationen Berücksichtigung fand, weil es in höheren Laktationen keine Rolle mehr spielt)*

-
- *Inzuchtkoeffizient des Kalbes*
 - *quadratischer Inzuchtkoeffizient des Kalbes*
 - *Inzuchtkoeffizient der Kuh*
 - *quadratischer Inzuchtkoeffizient der Kuh*
 - *Inzuchtkoeffizient vom Vater des Kalbes*
 - *Quadratischer Inzuchtkoeffizient vom Vater des Kalbes*

Nach iterativem Reduzieren des Modells auf Variablen mit signifikanter Wirkung blieben diese Faktoren übrig:

- *fixer Effekt der Wechselwirkung von Betrieb und Jahr*
- *Geschlecht*
- *Saison*
- *Erstkalbealter und Laktationsnummernklasse der Kuh*
- *Inzuchtkoeffizient der Kuh*

Nachdem für die Totgeburtenrate dasselbe Modell aufgestellt und dieses wieder um die nicht-signifikanten Variablen bereinigt worden war, wurden folgende Faktoren beibehalten:

- *fixer Effekt der Wechselwirkung von Betrieb und Jahr*
- *Geschlecht*
- *Saison*
- *Erstkalbealter und Laktationsnummernklasse der Kuh*
- *Inzuchtkoeffizient des Kalbes*

In beiden Modellen wurde zusätzlich der zufällige Effekt der Mutter innerhalb eines Betriebes berücksichtigt.

b) Geburtsgewicht, 200- Tage- und 365- Tage- Gewicht

Zum Testen des Einflusses der Inzucht auf das Merkmal Geburtsgewicht wurde ein Modell mit folgenden Variablen erstellt:

- *fixer Effekt der Wechselwirkung von Betrieb (N= 482) und Jahr (1995-2010)*
- *Geschlecht (männlich/ weiblich)*
- *Methode (Person, welche die Wiegung durchgeführt hat; Landwirt oder Kontrollassistent)*
- *Saison (zu Quartalen zusammengefasste Geburtsmonate , 1-4)*
- *Inzuchtkoeffizient des Probanden*
- *quadratischer Inzuchtkoeffizient des Probanden*

Nachdem sich herausgestellt hatte, dass weder Methode und Saison, noch der quadratische Term des Inzuchtkoeffizienten einen signifikanten Einfluss auf das Geburtsgewicht der Kälber zeigten, wurde das Modell um diese Faktoren reduziert.

Das Modell welches erstellt wurde, um die Auswirkung von Inzucht auf das Merkmal 200-Tage-Gewicht zu testen, enthielt folgende Variablen mit signifikantem Einfluss:

- *fixer Effekt der Wechselwirkung von Betrieb (N= 483) und Jahr (1999-2010)*
- *Saison (zu Quartalen zusammengefasste Geburtsmonate , 1-4)*
- *Inzuchtkoeffizient des Probanden*
- *Alter in Tagen und innerhalb eines Geschlechts*
- *Alter*Alter in Tagen und innerhalb eines Geschlechts (weil mit den Rohdaten und nicht mit den standardisierten Gewichten gearbeitet wurde)*

Weil sich die Wiegemethode (Landwirt beziehungsweise Kontrollassistent) und der quadratische Inzuchtkoeffizient der Tiere als nicht signifikante Faktoren herausgestellt hatten, wurden sie wieder aus dem Modell genommen. Der Einfluss der Saison auf das 200-Tage-Gewicht stellte sich hingegen als signifikant heraus.

Das Modell zur Ermittlung der Auswirkung von Inzucht auf das Merkmal 365-Tage-Gewicht entspricht im Wesentlichen jenem für das 200-Tage-Gewicht. Es unterscheidet sich aber insofern als dass sich

hierbei, im Gegensatz zu allen vorangegangenen Auswertungen, der quadratische Regressionsterm des Inzuchtkoeffizienten (F^2) als signifikant erwies. Aus dem Grund wurde er im Modell beibehalten. Konkret flossen ins Modell für das 365-Tage-Gewicht diese Faktoren mit ein:

- *fixer Effekt der Wechselwirkung von Betrieb (N= 460) und Jahr (1998-2009)*
- *Alter in Tagen und innerhalb eines Geschlechts*
- *Inzuchtkoeffizient des Probanden*
- *quadratischer Inzuchtkoeffizient des Probanden als nicht- linearer Faktor*

Bei allen Modellen wurde zusätzlich der zufällige Effekt der Mutter innerhalb der Betriebe berücksichtigt. Auch die Wechselwirkung von linearem und quadratischem Inzuchtkoeffizient mit dem Geschlecht wurde in allen Merkmalen getestet. Ihr Einfluss auf Geburts-, 200-Tage- und 365-Tage-Gewicht war jedoch nie signifikant.

4.2.2 Genetische Variabilität

Alle Untersuchungen zur genetischen Diversität in der aktuell lebenden Murbodnerpopulation wurden mit dem Fortran Softwarepaket PEDIG von *Didier Boichard* (2007) durchgeführt.

Weil die Ergebnisse stark von der Qualität der herangezogenen Daten abhängig sind, können gültige Aussagen über die genetische Vielfalt nur dann getroffen werden, wenn diese Qualität bekannt ist.

Zur Beurteilung der Güte der verfügbaren Pedigrees wurden das durchschnittliche komplette Generationsäquivalent, welches Auskunft gibt über die mittlere Vollständigkeit und Tiefe des Stammbaums, sowie der Anteil bekannter Ahnen pro Generation für die Referenzpopulation (Murbodner, lebend, beide Elternteile bekannt) berechnet.

Darauf folgte die Ermittlung aller weiteren in Kapitel 3.3.1.1 bereits beschriebenen Diversitätskennzahlen: effektive Anzahl Gründer, effektive Anzahl Ahnen, effektive Anzahl Gründergenome und wichtigste Ahnen. Verwendet wurden hierfür die Programme `ped_util`, `ngen.f`, `prob_orig.f` und `segreg.f`.

Mit dem Programm ped_util wurden die Daten ins richtige Format für anschließende Auswertungen gebracht. Es werden dabei Informationen, die für die Analysen nicht nutzbar sind wie beispielsweise Tiere ohne oder nur mit einem bekannten Elternteil, schrittweise aus dem Pedigree ausgeschieden. Das Programm aktualisiert die codierten Stammbaumdaten, die fortlaufenden Nummern der Tiere (1 bis n), dabei ständig.

Anhand des Programms ngen.f (hier ngen.15, also für 15 zurückliegende Generationen) wurden die durchschnittlich bekannten Ahnen für jedes Tier, die bekannten Ahnen je Generation (ausgedrückt in %) und das durchschnittliche, komplette Generationsäquivalent berechnet.

Die effektive Anzahl Gründer und die effektive Anzahl Ahnen der Referenzpopulation wurden mit dem Programm prob_orig ermittelt. Dabei berechnet dieses Programm die Wahrscheinlichkeiten der Herkunft von Genen für jedes Tier und kombiniert dann diese Wahrscheinlichkeiten. Mit demselben Programm wurden schrittweise auch die marginalen Genanteile der wichtigsten Vorfahren berechnet. So werden jene Genanteile in der Referenzpopulation bezeichnet, die durch einzelne Individuen erklärt werden. Durch die Reihung nach marginalen Anteilen werden Doppelberücksichtigungen vermieden, da sie um jene Genanteile bereinigt sind, die bereits durch einen weiter oben in der Liste der wichtigsten Ahnen aufscheinenden Vorfahren zurückzuführen sind. Es ist davon auszugehen, dass die Inzucht innerhalb einer Population größtenteils durch diese wichtigsten Ahnen bedingt ist

Schließlich wurde anhand des Programms segreg.f die effektive Anzahl Gründergenome erfasst. Das Programm basiert auf der Simulation der Segregation von Gründerallelen und schätzt deren Frequenzen. Da der Zufall bei auf Simulationen basierenden Berechnungen eine große Rolle spielt wird der Vorgang viele Male wiederholt. Die Ergebnisse dieser Arbeit basieren auf 10.000 Wiederholungen.

5 Ergebnisse und Diskussion

5.1 Inzucht und ihre Auswirkungen auf ausgewählte Merkmale

Bei der Interpretation aller Ergebnisse muss beachtet werden, dass diese maßgeblich durch die Qualität der für die Analysen herangezogenen Daten bestimmt sind und sich ihre Aussagekraft dadurch relativiert.

5.1.1 Aktueller Inzuchtstatus in der Murbodnerpopulation

Die Pedigrees der Referenzpopulation, also jener Murbodner die im Datensatz der *ZuchtData* als noch lebend und mit mindestens über eine Generation bekannten Vorfahren (also zumindest beide Elternteile) verzeichnet waren, umfassten 10.156 Tiere. Davon waren 6.456 nachweislich ingezüchtet. Die Informationen über ihre Abstammung reichten im Mittel über vier, maximal über sieben vollständige Generationen. Tiere, deren Pedigrees nicht über mindestens eine Generation zurückverfolgbar waren, wurden von vorneherein von den Analysen ausgeschlossen.

Für ein Tier war die Abstammung bis 15 vorhergehende Generationen nachvollziehbar.

Tabelle 7: Struktur der Abstammungsdaten für die Referenzpopulation.

Tiere in der Referenzpopulation	Ø komplettes Generations-äquivalent	Standard-abweichung	minimale Anzahl bekannter Generationen	maximale Anzahl bekannter Generationen
10156	4,14	1,06	1	7,81

Anhand der in Tabelle 1 dargestellten Daten war es möglich, den individuellen Inzuchtkoeffizienten jedes Tieres in der Referenzpopulation zu ermitteln. Die Angaben über die Qualität der Abstammungsinformationen sind für die Interpretation der berechneten Inzuchtkoeffizienten wichtig. Denn je länger, beziehungsweise vollständiger ein Pedigree ist, umso größer ist die Wahrscheinlichkeit für ein beliebiges Tier einen Inzuchtkoeffizienten der größer ist als Null nachzuweisen.

Der berechnete durchschnittliche Inzuchtkoeffizient für die 10.156 Murbodner liegt bei 1,10%. Vergleicht man diesen Wert mit jenen anderer Rassen in Österreich, so scheint er relativ niedrig.

Fürst und Fürst- Waltl (2009) geben beispielsweise für Fleckvieh einen durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten von knapp über 1,50%, für Braunvieh sogar 4,50% an.

Die Abstammungen weiter zurückliegender Generationen sind tendenziell weniger gesichert als jene jüngerer. Es ist daher denkbar, dass eine eventuelle Inzucht aufgrund von Unvollständigkeiten im Pedigree nur nicht nachweisbar ist. Fehlen Kenntnisse über die tatsächlichen Verwandtschaften zwischen Tieren, so wird die genetische Vielfalt (egal, nach welche Methode sie geschätzt wird) tendenziell überschätzt (BAUMUNG und SÖLKNER 1998). In Tabelle 8 sind der durchschnittliche, der minimale und der maximale Inzuchtkoeffizient der aktuellen Murbodnerpopulation zusammengefasst.

Tabelle 8: Durchschnittlicher, minimaler und maximaler Inzuchtkoeffizient in der Referenzpopulation.

Tiere der Referenzpopulation	durchschn. Inzuchtkoeffizient (F)	Standardabweichung	maximaler Inzuchtkoeffizient (F)	minimaler Inzuchtkoeffizient (F)
10156	1,10%	0.024	26,6	0

Der maximale Inzuchtkoeffizient der für die Referenzpopulation festgestellt werden konnte liegt mit knapp 27% etwas höher als jener, der aufgrund einer Anpaarung von Tieren mit einer Verwandtschaft 1. Grades (Vollgeschwister, Vater- Tochter, Mutter- Sohn) zu erwarten wäre und 25% beträgt.

5.1.1.1 Vergleich mit anderen Rinderrassen und Nutztierarten

Sölkner et al. (1998) geben für die österreichischen Rinderrassen einen durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten von weniger als 2% an. Der mit 1,91% sehr geringe Wert für den Geburtsjahrgang 2007 ist beim Kärntner Blondvieh auf die lückenhaften bis fehlenden Pedigreeinformationen für diese Rasse erklärbar (FÜRST und FÜRST-WALTTL 2009). Einen vergleichsweise höheren Inzuchtkoeffizienten von 2,70% ermittelte *Schäfer (2011)* für das Waldviertler Blondvieh. Ähnliches gilt auch für den Tux- Zillertaler mit 4,45% (FÜRST und FÜRST-WALTTL 2009). Bedingt sind diese hohen Inzuchtkoeffizienten durch die geringen Bestandeszahlen der im Öpul 2007 als hoch gefährdet eingestuften Rassen. Auch der hohe Inzuchtkoeffizient den *Biedermann et al. (2005)* für das

Schwarzbunte Niederungsrind, eine autochthone deutsche Rinderrasse, angegeben ist das Resultat schwindender Tierzahlen.

Der im direkten Vergleich ebenfalls verhältnismäßig hohe Inzuchtgrad von 3,50% beim Grauvieh lässt sich hingegen durch die besonders hohe Qualität der verfügbaren Pedigrees erklären. Dadurch erhöht sich auch die Wahrscheinlichkeit, einen gemeinsamen Vorfahren für einen ihrer Nachkommen zu finden, der sowohl auf mütterlicher als auch auf väterlicher Seite auftaucht. Die konsequent dokumentierten Abstammungsverhältnisse beim Grauvieh begründen sich wohl darin, dass es bei dieser Rasse die geringsten Mitgliederfluktuationen beim Zuchtverband gab und die meisten Betriebe diesem schon sehr lange angehören (FÜRST und FÜRST-WALTL 2009, SÖLKNER 1998). Durch die Einführung des Rinderdatenverbundes im November 1999 verbesserten sich aber auch die Pedigrees einiger weiterer österreichischer Rinderrassen (Fürst-Waltl, persönliche Mitteilung, 28.05.2011).

Bei Rassen, die aufgrund ihrer Leistungseigenschaften stark nachgefragt werden, findet in der Regel zwar ein nationenübergreifender Austausch von Zuchtmaterial statt, das Sperma einzelner Spitzenvererber wird aber in großen Mengen ex- und importiert. Das kann dazu führen, dass bestandeszahlenmäßig große Populationen aus genetischer Sicht jedoch sehr eingeschränkt sind. In Österreich werden zudem von Tieren, die selbst oder deren Sperma aus dem Ausland importiert wurde, beispielsweise nur zwei Vorfahrgenerationen (Eltern und Großeltern) in der Abstammungsdatei erfasst (SÖLKNER 1998). Bei einer so geringen Anzahl an bekannten Ahnen wird die genetische Variabilität einer Population zwangsläufig überschätzt. Den höchsten durchschnittlichen Inzuchtkoeffizient mit 4,50% weist in Österreich momentan (Stand 2011) die Rasse Braunvieh auf (FÜRST und FÜRST-WALTL 2009). Für die drei italienischen Rinderrassen Chianina, Marchigiana und Romagnola geben *Bozzi et al. (2006)* einen durchschnittlichen Inzuchtkoeffizient von etwa 2% an, der mit dem von *Sölkner et al. (1998)* für österreichische Rassen ermittelten, vergleichbar ist. Tabelle 9 gibt einen Überblick über die durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten einiger Rinderrassen.

Tabelle 9: Inzuchtkoeffizienten weiterer Rinderrassen

Rasse	Geburtsjahrgang	Ø Inzuchtkoeffizient (F)
Murbodner	1990-2010	1,10%
Waldviertler Blondvieh ¹	1985-2010	2,70%
Kärntner Blondvieh ²	2007	1,91%
Tux- Zillertaler ²	2007	4,45%
Fleckvieh ²	2007	1,70%
Grauvieh ²	2007	3,50%
Braunvieh ²	2007	4,50%
Holstein ²	2007	3,75%
Original Pinzgauer ³	1993-1997	2,09%
Schwarzbunte ⁴	1992	0,59%
Normande ⁵	1988-1991	1,07%
Chianina ⁶	1996-2000	2,06%
Marchigiana ⁶	1996-2000	2,15%
Romagnola ⁶	1996-2000	1,88%
Hinterwälder Rind ⁷	2002	1,30%
Vorderwälder Rind ⁸	2003	1,42%
Schwarzbuntes Niederungs- rind ⁹	2003	2,48%

¹SCHÄFER (2011)

²FÜRST UND FÜRST-WALTL (2009)

³BAUMUNG UND SÖLKNER (2002)

⁴FÜRST- WALTL (1998)

⁵BOICHARD et al. (1997)

⁶BOZZI et al. (2006)

⁷BIEDERMANN et al. (2003)

⁸BIEDERMANN et al. (2004)

⁹BIEDERMANN et al. (2005)

Ein etwas anderes Bild liefert die Betrachtung des Inzuchtstatus einiger weiterer Nutztierassen innerhalb jener, zum Teil traditionellerweise, Inzucht (vor allem in Form einer konsequenten Linienzucht) durchgeführt wurde. Ganz besonders trifft dies auf die Pferdezucht zu. Ein berühmtes Beispiel für die Anwendung einer gezielten Inzucht innerhalb kleiner, geschlossener Populationen ist das des Lipizzaners. *Zechner et al. (2002)* geben für diese Rasse einen durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten von 10,81% an. Um diese Zahl besser greifbar zu machen sei an dieser Stelle angemerkt, dass der Erwartungswert für den Grad der Inzucht, der durch eine Halbgeschwisterpaarung realisiert wird, bei 12,5% liegt. Ein weiteres Beispiel für die Zucht in

geschlossenen Populationen ist jene des Islandpferdes. *Geng (2010)* gibt den durchschnittlichen Inzuchtkoeffizient mit 2,80% an. Wieder muss bei der Interpretation dieser Maßzahl für die Verwandtschaft zwischen Individuen berücksichtigt werden, dass sie sich in Abhängigkeit von der Qualität der für die Berechnung zugrunde liegenden Abstammungsdaten ändert. Die Vollständigkeit der Pedigrees ist für die meisten Pferderassen besser als jene für Rinder (PREINERSTORFER 2009). Weitere Beispiele für Liniezuchten im Pferdebereich sind in Österreich der Haflinger und Noriker, sowie der Shagya Araber (PREINERSTORFER 2009, DRUML 2006, GLÄSER 2008).

Bei den österreichischen Schweinen sind die durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten für Landrasse, Pietrain und Edelschwein mit Werten zwischen 1,13-1,43% als nicht sehr hoch einzustufen. Laut *Köck (2008)* liegt der Grund dafür darin, dass die Schweinezüchter hierzulande enge Verwandtenpaarungen weitgehend vermeiden. *Fischer (2001)* gibt als weitere Erklärung für den relativ niedrigen Inzuchtstatus in der Schweinezucht Österreichs an, dass immer wieder Tiere ausländischer Abstammung (vorwiegend aus Deutschland) importiert werden. Im Gegensatz dazu kommt es in geschlossenen Populationen unausweichlich zu einer gewissen Inzuchtsteigerung.

Anders stellt sich die Situation von Mangalitza und Turopolje dar. Diese beiden Fettschweinerassen wurden Anfang der 1950er Jahre immer mehr von Rassen mit höherem Magerfleischanteil verdrängt. Nachdem das Mangalitzaschwein Ende der 1970er Jahre in Österreich nur noch in National- oder Tierparks beziehungsweise nur noch von wenigen Kleinzüchtern für den Eigenbedarf gehalten wurde, umfasste das Herdbuch im Jahr 2009 immerhin wieder 403, jenes des Turopolje nur 279 Tiere. Beide dieser alten Schweinerassen sind im ÖPUL mit dem Status „hoch gefährdet“ gelistet (JARITZ und KLENOVEC 2009). Besonders hoch aufgrund der geringen Populationsgröße ist der Inzuchtkoeffizient beim Turopoljeschwein, den *Prevost (2010)* mit 11,79% angibt.

Einen noch höheren Inzuchtkoeffizienten ermittelte *Hunt (2009)* für die stark in ihrer Existenz gefährdete asiatische Markhor-Ziege an. Aber auch in Populationen einiger österreichischer Ziegenrassen bedingen sehr geringe Bestandeszahlen eine höhere Inzucht. *Wokac (2002)* berechnete beispielsweise für die Tauernscheckenziege einen durchschnittlichen Inzuchtkoeffizient von 5,90%. Der Bestand umfasste zu diesem Zeitpunkt etwa 250 Tiere.

In Tabelle 10 sind die durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten der im Text behandelten Nutztierassen zur besseren Veranschaulichung und für den direkten Vergleich noch einmal zusammengefasst.

Tabelle 10: Inzuchtkoeffizienten weiterer Nutzierrassen

Andere Nutzierrassen	Geburtsjahrgänge	Ø Inzuchtkoeffizient (F)
Pferde		
Haflinger ¹	1997-2004	4,08%
Noriker ²	2000-2004	5,01%
Shagya Araber ³	2000-2006	3,29%
Schweine		
Mangalitza ⁴	2004-2007	1,66%
Turopolje ⁴	2004-2007	11,79%
Edelschwein ⁵	2003-2006	1,43%
Landrasse ⁵	2003-2006	1,13%
Pietrain ⁵	1995-2000	1,34%
Ziegen		
Tauernscheckenziege ⁶	1962-2002	5,90%
Markhor- Ziege ⁷	1957-2008	18,00%

¹PREINERSDORFER (2009)

²DRUML (2006)

³GLÄSER (2008)

⁴PREVOST (2010)

⁵FISCHER (2001)

⁶WOKAC (2002)

⁷HUNT (2009)

Bei der Interpretation aller zitierten Zahlen ist es wichtig zu beachten, dass diese möglicherweise nicht mehr der aktuellen Situation in den jeweiligen Populationen entspricht. Sie unterscheiden sich zudem unter Umständen in gewisser Weise aufgrund der Verwendung unterschiedlicher statistischer Methoden. Die genannten Inzuchtkoeffizienten sind daher als mehr oder weniger grobe Richtwerte zu sehen, die helfen sollen den Inzuchtstatus des Murbodners in einer Reihe weiterer Nutzierrassen besser einzuordnen.

5.1.2 Inzuchtdepression

5.1.2.1 Inzuchtdepression und Reproduktion

Bei den Analysen zur Klärung des Einflusses der Inzucht auf die Merkmale Kalbeverlauf und Totgeburtenraten konnte weder anhand des linearen, noch mittels des quadratischen Modells ein signifikanter Zusammenhang festgestellt werden.

Dem Signifikanzniveau von $\alpha=0,05$ im Modell für den Kalbeverlauf kam mit $p=0,097$ der Einfluss des Inzuchtkoeffizienten vom Vater eines Kalbes noch am nächsten. Die Auswirkungen des Inzuchtgrades vom Kalb selbst und jenes seiner Mutter blieben in Hinblick ihrer Auswirkungen auf den Kalbeverlauf hingegen völlig ungesichert.

Als hochsignifikante ($p<0,0001$) Faktoren erwiesen sich aber der fixe Effekt der Wechselwirkung zwischen Betrieb und Jahr, das Geschlecht des zu gebärenden Kalbes, sowie das Erstkalbelter und die Laktationszahl seiner Mutter. Ein signifikanter ($p<0,05$) Unterschied auf den Verlauf der Abkalbungen ergab außerdem, wenn Kälber in der Saison 1 (Jänner bis einschließlich März) geboren wurden. Möglicherweise ist die Ursache dafür in einer schlechteren Kondition der Kühe, aufgrund einer weniger guten Futtergrundlage in den Wintermonaten, zu suchen.

Auch die Totgeburtenrate von 2,8% in der Referenzpopulation konnte nicht durch eine Inzuchtdepression erklärt werden. Der Inzuchtkoeffizient des zu gebärenden Kalbes liegt mit $p=0,09$ über dem für die Auswertungen festgelegten Signifikanzniveau von $p<0,05$. In welchem Maße seine Mutter und sein Vater ingezüchtet sind war so weit jenseits dieser Grenze, dass das Modell um diese Variablen reduziert wurde.

Vielmehr scheinen die Erstkalbealter-Laktationsnummernklassen und das Geschlecht des Kalbes in diesem Zusammenhang sehr wichtige Faktoren zu sein. Immerhin brachte die durchgeführte Kovarianzanalyse für sie ein hochsignifikantes Ergebnis ($p<0,0001$). Signifikant beeinflusst wurde die Häufigkeit der Totgeburten auch durch den fixen Umwelteffekt *Betrieb*Jahr*. Die Saison in welcher ein Kalb geboren wurde ist in dieser Hinsicht bedeutungslos.

Aus ökonomischer Sicht sind die Fruchtbarkeit und das Kalbeverhalten der Rinder besonders wichtig (GROEN et al.1997, SWALVE 2003). Gerade funktionale Merkmale reagieren aber in aller Regel auch vergleichsweise empfindlich auf steigende Inzuchtraten (MC PARLAND et al. 2007).

Sujit et al. (2001) untersuchten die Auswirkungen von Inzucht an 3051 indischen Milchkühen. Den Ergebnissen ihrer Analysen zufolge wurden Reproduktionsmerkmale jedoch erst ab einem Inzuchtkoeffizient von 12% und höher merklich beeinträchtigt. Dies könnte auch eine Ursache für das Fehlen eines signifikanten Ergebnisses in dieser Untersuchung sein, da der Anteil der Tiere mit sehr hohen Inzuchtkoeffizienten relativ gering war.

González-Recio et al. (2007) beschreiben in einer spanischen Studie ebenfalls eine durch hohe Inzuchtkoeffizienten signifikant beeinträchtigte Reproduktion bei Milchkühen. Auch in dieser Untersuchung stellen die Autoren fest, dass deutliche Inzuchtdepressionen im Merkmal Kalbeverlauf erst ab einem Inzuchtgrad von etwa 12,5% auftreten. Sie weisen aber darauf hin, dass es scheinbar auch bei weniger ingezüchteten Tieren einen Zusammenhang zwischen dem Grad der Inzucht und der Häufigkeit von Komplikationen während der Abkalbungen gibt. Diese Wechselwirkung konnte mittels der durchgeführten Analysen durch die Spanier, ähnlich wie in dieser Arbeit, jedoch statistisch nicht ausreichend abgesichert werden.

Mc Parland et al. (2008) fanden für Irische Fleischrinder eine signifikant negative Korrelation zwischen dem Inzuchtkoeffizient von Kälbern und der Totgeburtenrate innerhalb der Rassen Charolais, Simmentaler und Hereford. Als wesentliche Faktoren beschreiben die Verfasser auch die Laktationszahl der Kuh, sowie das Geschlecht des zu gebärenden Kalbes, was sich mit den Ergebnissen der vorliegenden Arbeit deckt. Eine hohe Inzucht der Mutter führte in der Irischen Untersuchung in den Rassen Limousin und Hereford zu häufigeren Totgeburten. Bei erstkalbenden Anguskühen mit hohen Inzuchtgraden konnten nachweislich mehr Komplikationen während der Geburten beobachtet werden. Ähnlich wie *González-Recio et al. (2007)* kommen *Mc Parland et al. (2008)* zu dem Schluss, dass die Effekte von Inzucht zwar (in einigen Merkmalen sogar signifikant) feststellbar sind, in Summe jedoch trotzdem relativ klein ausfallen.

5.1.2.2 Inzuchtdepression und Gewicht

Für alle drei untersuchten Merkmale (Geburts-,200- und 365-Tage-Gewicht) konnte ein negativer Einfluss der Inzucht nachgewiesen werden. Einen Überblick über das Ausmaß des Einflusses von Inzucht auf das Gewicht der Tiere bietet Tabelle 11.

Tabelle 11: P-Werte und Regressionskoeffizienten der getesteten Modelle($\alpha=0,05$).

Effekte	P GG (N=12.190)	P 200d (N=8.758)	P 365d (N=5.822)
Betrieb*Jahr	***	***	***
Geschlecht	***	ns	ns
Saison	ns	*	ns
Alter (Geschlecht)	-	***	**
Alter*Alter (Geschlecht)	-	***	ns
f	*	***	***
f*f	ns	ns	*
Regressionskoeffizient [kg pro %f]	-0,045 ±0,0213	-0,056 ±0,017	-2,21 ±0,67
			7,28 ±3,50

GG (Geburtsgewicht), 200d (200-Tage-Gewicht), 365d (365-Tage-Gewicht)

<i>Betrieb*Jahr</i>	fixer Effekt der Wechselwirkung von Betrieb und Jahr
<i>Geschlecht</i>	<i>männlich/ weiblich</i>
<i>Saison</i>	<i>zu Quartalen zusammengefasste Geburtsmonate , 1-4</i>
<i>Alter (Geschlecht)</i>	Alter in Tagen und innerhalb eines Geschlechts
<i>Alter*Alter (Geschlecht)</i>	Alter*Alter in Tagen und innerhalb eines Geschlechts
<i>f</i>	Inzuchtkoeffizient des Probanden
<i>f*f</i>	quadratischer Inzuchtkoeffizient des Probanden

Von 12.200 Murbodnern, deren Geburtsgewicht bekannt war, hatten 0,8% einen Inzuchtkoeffizienten der höher lag als 10%. Der negative Einfluss von Inzucht auf das Geburtsgewicht konnte als signifikant ($p<0,05$) nachgewiesen werden. Konkret bedeutet das, dass das Gewicht eines Kalbes mit einem Inzuchtkoeffizienten von 10% zum Zeitpunkt seiner Geburt, gegenüber einem nicht ingezüchteten Tier, um 0,4kg verringert ist. Die Least Squares Schätzer für das Geschlecht lagen bei 42,2kg für männliche und 39,8kg für weibliche Tiere.

Abbildung 10 zeigt den theoretischen Verlauf, wie sich das Geburtsgewicht eines Kalbes mit zunehmender Inzucht ändert.

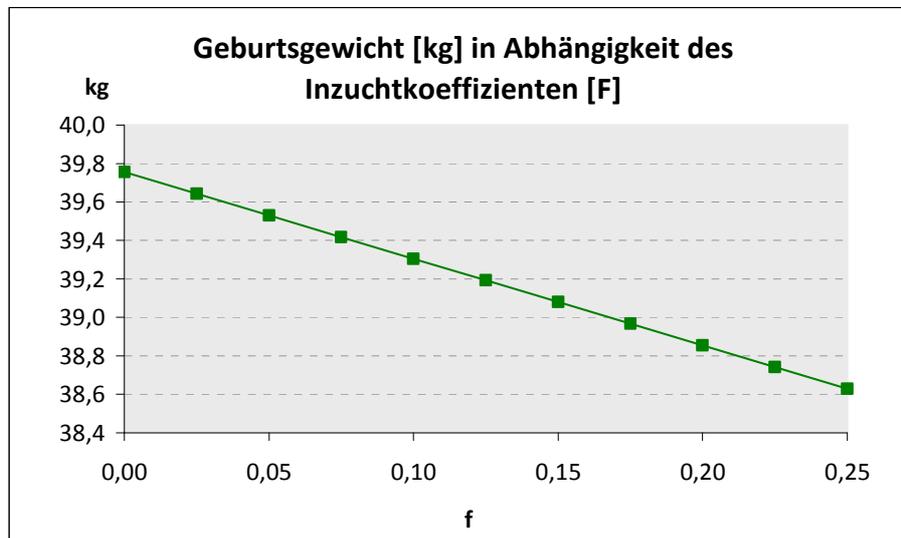


Abbildung 10: Änderung des Geburtsgewichtes in Abhängigkeit des Inzuchtkoeffizienten eines weiblichen Kalbes.

Einen hoch signifikanten ($p < 0,0001$) Einfluss auf das Geburtsgewicht hatten außerdem der fixe Effekt der Wechselwirkung zwischen Betrieb und Geburtsjahr, sowie das Geschlecht des Kalbes.

Auf das Merkmal 200-Tage-Gewicht wirkt sich eine steigende Inzucht ebenfalls signifikant ($p < 0,05$) negativ aus. Für ein Tier der Referenzpopulation mit einem Inzuchtkoeffizient von 10% bedeutet dies gegenüber einem Tier mit $F=0$ ein geringeres 200-Tage-Gewicht von 5,7kg. Ein Inzuchtkoeffizient jenseits von 10% konnte für 0,7% aller Tiere mit bekanntem 200-Tage-Gewicht festgestellt werden. Die Least Squares Schätzer für das Geschlecht lagen bei 256,7kg für männliche und 231,2kg für weibliche Tiere. Der fixe Effekt der Wechselwirkung zwischen Betrieb und Jahr hatte auch in diesem Modell einen hoch signifikanten ($p < 0,0001$) Einfluss auf das Gewicht der Tiere. Ebenso stellten sich in diesem Zusammenhang das Alter der Tiere innerhalb der Geschlechter (linear und quadratisch) als hoch signifikante ($p < 0,0001$) Faktoren heraus. Der Effekt der Saison war für das 200-Tage-Gewicht der Murbodner signifikant ($p < 0,05$).

Abbildung 11 zeigt, wie sich eine Steigerung der Inzucht auf das 200-Tage-Gewicht eines durchschnittlichen weiblichen Kalbes der Referenzpopulation auswirkt.

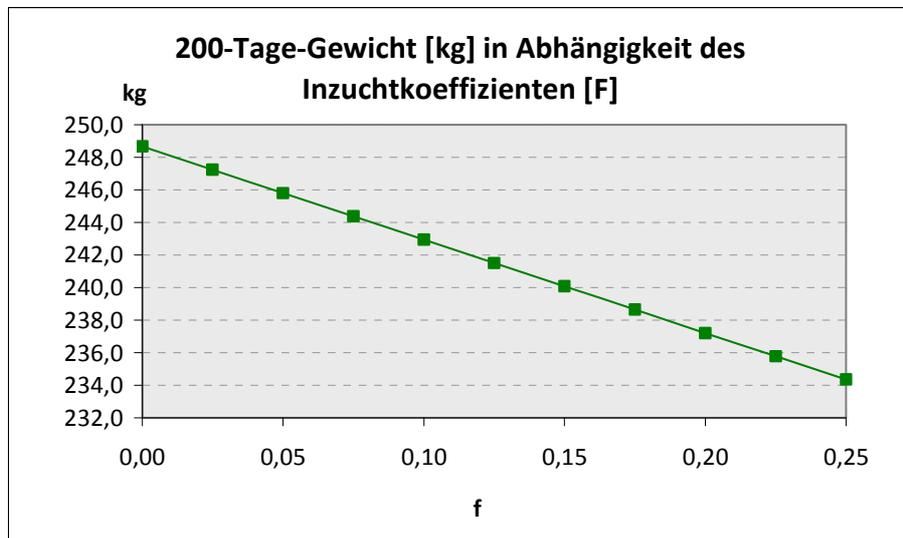


Abbildung 11: Änderung des 200-Tage-Gewichtes eines weiblichen Kalbes in Abhängigkeit seines Inzuchtkoeffizienten.

Der quadratische Effekt des Inzuchtkoeffizienten hatte nur für das Merkmal 365-Tage-Gewicht einen signifikanten ($p < 0,05$) Einfluss. Es verringert sich bei einem Tier mit einem Inzuchtkoeffizient von 10% gegenüber einem nicht ingezüchteten Tier um 14,89kg. Für 0,8% der Murbodner mit bekanntem 365-Tage-Gewicht konnte ein höherer Inzuchtkoeffizient als 10% nachgewiesen werden. Die Least Squares Schätzer für das Gewicht lagen bei 422,1kg für männliche und 360,7kg für weibliche Tiere. Während sich der fixe Effekt der Wechselwirkung zwischen Betrieb und Jahr im Modell als hochsignifikant ($p < 0,0001$) und das Alter innerhalb Geschlecht als signifikant ($p < 0,05$) herausstellte, hatten die Variablen Geschlecht und Saison hingegen keinen signifikanten Einfluss auf das 365-Tage-Gewicht der Murbodner.

Wie sich das 365-Tage-Gewicht eines beliebigen weiblichen Tieres aus der Referenzpopulation mit zunehmender Inzucht ändert zeigt Abbildung 12.

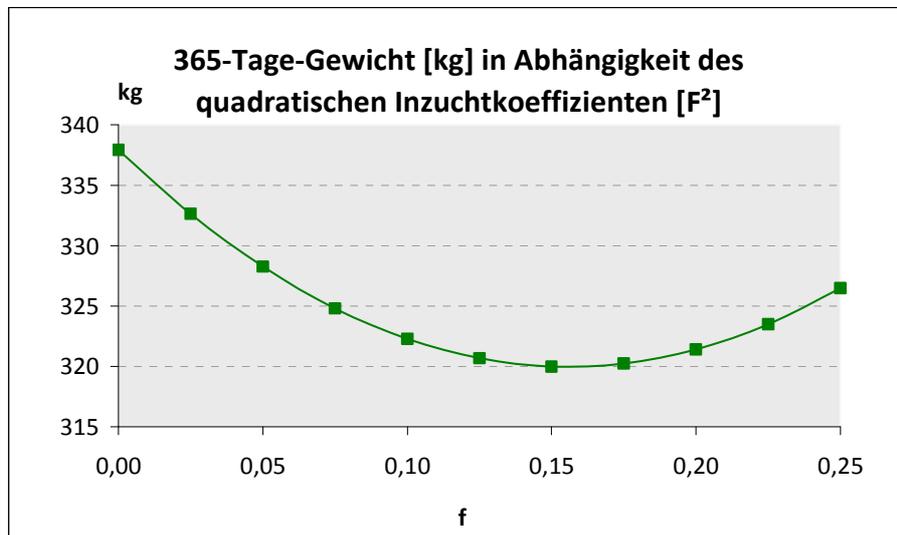


Abbildung 12: Änderung des 365-Tage-Gewichtes eines weiblichen Kalbes in Abhängigkeit seines Inzuchtkoeffizienten.

Aufgrund der nichtlinearen Beziehung der Inzucht zum 365-Tage-Gewicht steigt es nach Überwinden eines Tiefpunktes der Leistungsdepression bei einer Inzuchtrate von 15% wieder an. Dabei bleibt es aber dennoch unter jenem Gewicht, das ein nicht ingezüchtetes Tier erreichen würde. Eine denkbare Ursache für das Ansteigen der Kurve ist einerseits der geringe Anteil an Tieren mit sehr hohen Inzuchtkoeffizienten. Von 5268 Murbodnern mit bekanntem 365-Tage-Gewicht waren nur 33 Tiere stärker als zu 15% ingezüchtet. Es wäre möglich, dass sie das Bild verzerren.

Eine weitere mögliche Erklärung für dieses Phänomen liefert eine Studie der Amerikaner *Alexander und Bogart (1961)* zum Thema Effekte von Inzucht für Merkmale von Fleischrindern. Es ließ sich in diesem Versuch, der mit 280 Kälbern aus vier ingezüchteten Linien der Rassen Hereford und Angus durchgeführt wurde, ein signifikanter Zusammenhang zwischen dem Grad der Inzucht eines Kalbes und seinem Alter bei Erreichen von 500lb (entspricht 226,8kg) und 800lb (entspricht 362,88kg) herstellen. Es wurde aber auch der Einfluss ingezüchteter Kühe auf die Zunahmen ihrer Nachkommen untersucht. Im Zuge von Fütterungstests stellte sich hierbei heraus, dass die Wachstumsraten der Kälber linear mit den Inzuchtkoeffizienten ihrer Mütter anstiegen. Die Autoren schließen daraus, dass

dies wohl aus der strengen Selektion auf Stiere, deren Kälber gute Tageszunahmen aufweisen und aus diesem Grund verstärkt eingesetzt worden waren, resultiert.

Etwa zur selben Zeit, in den Jahren 1951-1955, untersuchten auch *Swiger et al. (1961)* im US-amerikanischen Bundesstaat Nebraska den Einfluss von Inzucht auf die Merkmale Geburts-, 200-Tage- und 365-Tage-Gewicht. Sie bestätigten ebenfalls schon damals den negativen Zusammenhang zwischen einem hohen Inzuchtkoeffizient und den Zunahmen der Kälber. In ihren Ergebnissen geben sie an, dass bei stark ingezüchteten Tieren eine verringerte Futteraufnahme beobachtet werden konnte, durch die sich die vergleichsweise schwächeren Wachstumsraten erklären ließen.

Eine weitere amerikanische Studie zum Thema Inzucht bei Fleischrindern publizierten *Dinkel et al. (1968)*. Sie kamen zu dem Schluss, dass Inzuchtdepressionen vorwiegend vor dem Absetzen der Kälber von ihren Müttern gewichtig sind. Das deckt sich mit den Ergebnissen dieser Masterarbeit. Auch beim Murbodner ging die Gewichtskurve in Zusammenhang mit hohen Inzuchtkoeffizienten beim 200-Tage-Gewicht stärker nach unten als beim 365-Tage-Gewicht.

Eine etwas aktuellere Untersuchung für Irische Rinder publizierten *Mc Parland et al. (2008)*. Sie analysierten Inzuchtstatus und Pedigrees von in Reinzucht gezogenen Tieren der Fleischrinderrassen Charolais, Limousin, Hereford, Angus und Simmentaler. Für drei der fünf untersuchten Rassen konnte ein signifikanter linearer Einfluss der Inzucht auf das Schlachtkörpergewicht nachgewiesen werden. Diese lagen zwischen -0,9kg (Charolais) und -1,9kg (Hereford) pro Prozent Inzuchtsteigerung.

Im selben Jahr veröffentlichten auch *Carolino und Gama (2008)* die Resultate einer Untersuchung der Effekte von Inzucht auf Fleischleistungsmerkmale für die portugiesische Rasse Alentejana. Zu diesem Zeitpunkt waren etwa 11000 Herdbuchkühe registriert. Die portugiesischen Wissenschaftler geben für die Rasse Alentejana eine jährliche Inzuchtrate zwischen 0,33-2,15% und einen durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten von 8,5% für Kälber des Geburtsjahrgangs 2003 an. Die geschätzte effektive Populationsgröße betrug zu diesem Zeitpunkt 23 Tiere. Berechnungen zufolge lagen die theoretischen Erwartungswerte für Wiegeergebnisse von Kälbern unter jenen gleichaltriger nicht ingezüchteter Tiere. Konkret waren das durchschnittlich -0,4kg bei ihrer Geburt, -4,1kg mit 3 Monaten, -3,0kg mit 7 Monaten und -4,3kg mit 12 Monaten. Ein signifikanter linearer Einfluss der Inzucht auf die untersuchten Merkmale konnte auch in dieser Studie nachgewiesen werden.

Carillo und Siewerdt (2010) untersuchten die die Auswirkungen individueller und maternaler Inzucht auf Fleischleistungsmerkmale von Kälbern vor dem Absetzen. Basis dafür war eine amerikanische, zu diesem Zeitpunkt bereits seit 70 Jahren geschlossene Angusherde. Der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient von 8.582 nachweislich ingezüchteten Tieren betrug 7,5% und es konnte ein deutlicher Zusammenhang mit einer Leistungsdepression in den Merkmalen Geburtsgewicht, Gewicht beim Absetzen und Gewicht am 205. Lebenstag festgestellt werden. Der Einfluss maternaler Inzucht erwies sich dabei als kleiner, als jener des Inzuchtgrades vom Kalb selbst. Es gibt aber auch einige ältere Studien (*BRINKS et al. 1965*, *MACNEIL et al. 1989*) aus welchen hervorgeht, dass die maternale Inzucht sogar einen ganz leicht positiven, wenn auch nicht signifikanten, Effekt auf das Geburtsgewicht hatte. *Pariacote et al. (1998)* wiesen darauf hin, dass diese konträren Ergebnisse möglicherweise aufgrund von Wechselwirkungen zwischen maternaler und direkter Inzucht zustande kommen.

5.2 Genetische Vielfalt

Um Aussagen über die genetische Vielfalt innerhalb einer Population treffen zu können ist es wichtig, die Qualität der verfügbaren Abstammungsdaten zu kennen. Vielfach wird zur Beurteilung der Güte von Pedigrees das durchschnittliche komplette Generationsäquivalent herangezogen. Es gibt an, wie viele vollständige Vorfahrgenerationen im Mittel von einem Tier der Referenzpopulation bekannt sind.

Beim Murbodner beträgt dieser Wert aktuell 4,14. Die maximale Anzahl bekannter Generationen waren fünfzehn, jedoch konnte so ein weitreichender Abstammungsnachweis nur für ein Tier der Referenzpopulation gefunden werden.

In Abbildung 13 ist die Qualität der für die Referenzpopulation verfügbaren Abstammungsdaten grafisch dargestellt.

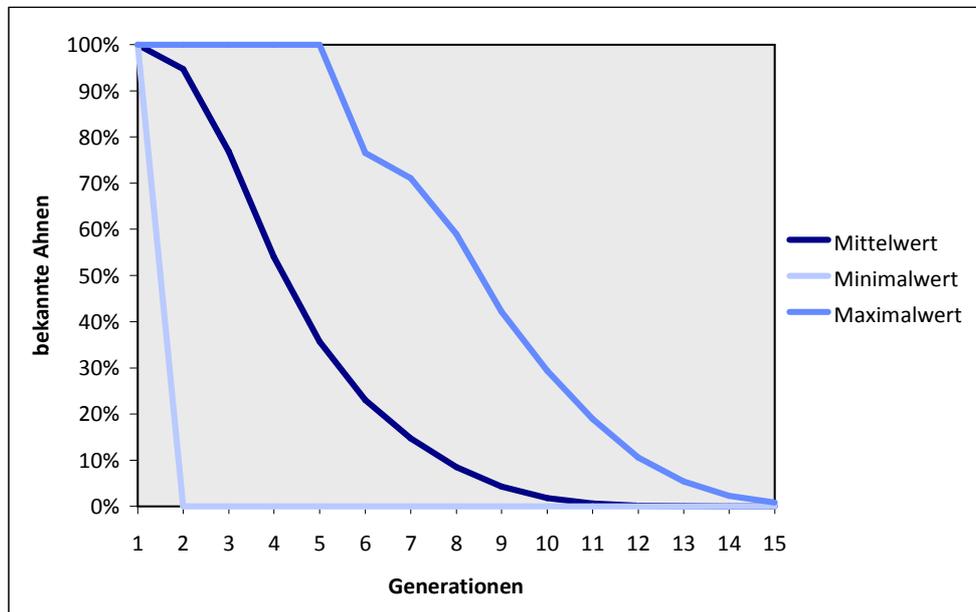


Abbildung 13: Vollständigkeit der Abstammungsdaten für die Referenzpopulation (in %).

Wie unterschiedlich die Güte von Abstammungsinformationen sein kann geht aus Tabelle 12 hervor, in der die durchschnittlichen kompletten Generationsäquivalente verschiedener Rassen aufgelistet sind. Zwischen ihnen variiert diese Maßzahl von 1,73 beim Kärntner Blondvieh bis 5,66 bei der italienischen Rasse Chianina. Ähnliches gilt auch für die maximale Anzahl bekannter Generationen. Besonders wenige Informationen über ihre Abstammung sind erwartungsgemäß von den im ÖPUL 2007 als hoch gefährdet eingestuften Rassen Tux-Zillertaler, sowie Kärntner- und Waldviertler Blondvieh vorhanden. Die Daten für Tux-Zillertaler und Kärntner Blondvieh sind allerdings einer Studie aus dem Jahr 2002 entnommen und es ist davon auszugehen, dass sie sich bis heute aufgrund der mittlerweile im Rinderdatenverbund aufgebauten Pedigrees deutlich verbessert haben.

Tabelle 12: Güte von Pedigrees einiger Rinderrassen.

Rasse	Tiere im Pedigree	Ø komplettes Generations-äquivalent	maximal bekannte Generationen
Murbodner	10156	4,14	15
Kärntner Blondvieh ¹	1194	1,73	9
Original Pinzgauer ¹	176992	5,33	13
Tux- Zillertaler ¹	1235	2,52	6
Waldviertler Blondvieh ²	2474	3,41	5
Brown Swiss ³	91579	4,04	18
Normande ³	2338305	5,02	16
Holstein ³	11180346	4,75	17
Chianina ⁴	260441	5,66	14
Marchigiana ⁴	350710	4,54	12
Romagnola ⁴	119489	4,95	13

¹BAUMUNG und SÖLKNER (2002)

²SCHÄFER (2011)

³BOICHARD et al. (1997)

⁴BOZZI et al. (2006)

Im Vergleich zu den meisten Rinderrassen ist die Qualität der Pedigrees von Schweinen, aufgrund kürzerer Generationsintervalle, relativ gut. Bei einigen Pferderassen sind die durchschnittlich bekannten, vollständigen Generationen sogar im zweistelligen Bereich. Klassische Beispiele hierfür sind der Lipizzaner ($g_e = 15,2$; ZECHNER et al. 2002) und der Noriker ($g_e = 12,3$; DRUML 2006).

In Tabelle 13 sind die Qualitäten der Stammbauminformationen einiger Nutztierassen angeführt.

Tabelle 13: Beispiele für die Güte der Pedigrees von Rassen anderer Nutztierarten

Andere Nutztierassen	Tiere im Pedigree	Ø komplettes Generations-äquivalent
Pferde		
Haflinger ¹	10985,00	7,35
Noriker ²	13035,00	12,28
Lippizaner ³	3867,00	15,22
Shagya Araber ⁴	2162,00	7,94
Isländer ⁵	325044,00	7,70
Schweine		
Mangalitz ⁶	1010,00	2,54
Turopolje ⁶	508,00	3,97
Edelschwein ⁷	33724,00	7,85
Landrasse ⁷	22577,00	6,20
Pietrain ⁷	19614,00	5,74

¹PREINERSTORFER (2009)

²DRUML (2006)

³ZECHNER et al. (2002)

⁴GLÄSER (2008)

⁵GENG (2010)

⁶PREVOST (2010)

⁷FISCHER (2001)

Wichtigste Ahnen

Für die Referenzpopulation wurden die wichtigsten Ahnen ermittelt. In Tabelle 14 sind die wichtigsten 10 Vorfahren der aktuell lebenden Murbodner, nach ihren marginalen genetischen Beiträgen gereiht, aufgelistet. Darunter befinden sich auch drei Tiere der Rasse Gelbvieh (GE), eines davon ist sogar weiblich. Auf diese Kuh mit dem Namen *Sträussl* gehen 2,35% des heutigen Genpools der Murbodnerpopulation zurück. Das ist insofern erstaunlich da ein männliches Tier, nicht zuletzt durch moderne Reproduktionstechniken wie etwa der künstlichen Besamung, im Vergleich zu einem

weiblichen deutlich mehr Nachkommen hervorbringen kann. GS vor dem Namen ist die Abkürzung für *Genostar* und bezeichnet Stiere, die diesem steirisch-niederösterreichischen Besamungsunternehmen angehören beziehungsweise angehört.

Tabelle 14: Genanteile der 10 wichtigsten Ahnen in der Referenzpopulation

Rang	Name	Geburtsjahr	Geschlecht	Rasse	Marginale Genanteile	Kumuliert
1	GS Jaga	1988	m	MB	0,084	0,084
2	GS Mandi	1990	m	MB	0,083	0,167
3	GS Strom	1989	m	MB	0,078	0,245
4	GS Baldu	1993	m	MB	0,077	0,322
5	GS Meist	1982	m	MB	0,067	0,390
6	GS Heros	1992	m	MB	0,049	0,439
7	GS Horst	1988	m	GE	0,026	0,465
8	GS Heiss	1980	m	GE	0,026	0,491
9	GS Axel	1978	m	MB	0,024	0,515
10	Sträussl	1984	w	GE	0,024	0,538

Aus Tabelle 14 geht hervor, dass drei Vererber fast 25%, vier bereits über ein Drittel und neun der wichtigsten Ahnen ganze 50% der genetischen Variabilität in der aktuellen Murbodner Population erklären. Lediglich 38 Vorfahren begründen 75% der heutigen Murbodner Genetik.

Mit einem marginalen Genanteil von 8,36% scheint der 1988 geborene *GS Jaga* als wichtigster Vorfahre aller zum Zeitpunkt dieser Untersuchungen lebenden Murbodner auf. Er ging aus einer Anpaarung des 1985 geborenen Murbodner Stieres *Jarik* mit der 1980 geborenen Murbodner Kuh *Röslein* hervor. Weiter lässt sich die Abstammung dieses wichtigen Stieres *GS Jaga* leider nicht mehr zurückverfolgen. Abbildung 14 zeigt den für die heutige Murbodnerpopulation wichtigsten Ahnen.



Abbildung 14: *GS Jaga* (Quelle: GENOSTAR 2011)

Beinahe gleich groß wie der von *GS Jaga* ist mit 8,34% marginalem, genetischen Beitrag auch jener von *GS Mandi*, der 1990 geboren wurde.

Das älteste in der Liste der wichtigsten Ahnen aufscheinende Tier ist der Murbodner Stier *GS Axel*, der im Jahr 1978 geboren wurde. Auf ihn lassen sich immerhin noch 2,4% der heutigen Genetik dieser Rasse zurückführen. Sein Pedigree ist auf mütterlicher Seite bis zum 1960 geborenen Urgroßvater *Tarzan*, ein Gelbvieh Stier, nachvollziehbar. Auf väterlicher Seite ist die Abstammung von *GS Axel* sogar bis zu seinem Ur-Ur-Urgroßvater *Held*, einem 1958 geborenen Gelbvieh Stier bekannt.

Der 1993 geborene und somit jüngste Stier der 10 wichtigsten Vorfahren der aktuellen Murbodnerpopulation *GS Baldu* belegt mit einem marginalen Genanteil von 7,7% Platz vier dieser Liste. Von *GS Baldu* ist nur die Mutter, eine 1988 geborene Murbodner Kuh mit dem Namen *Spitze* bekannt.

Kennzahlen der genetischen Diversität

Die effektive Anzahl Gründergenome ($N_g = 19,4$ mit einer Standardabweichung von 1,51) ist mit jener des Original Pinzgauers ($N_g = 19,5$; BAUMUNG und SÖLKNER 2002) gut vergleichbar. Die effektive Anzahl Ahnen beim Murbodner ist mit $f_a = 26$ zwar höher als jene des Tux-Zillertaler ($f_a = 14,2$; BAUMUNG und SÖLKNER 2002) und des Waldviertler Blondviehs ($f_a = 14,68$; SCHÄFER 2011), aber geringer als jene des Kärntner Blondviehs ($f_a = 29$; BAUMUNG und SÖLKNER). Zudem unterscheidet sich diese Maßzahl wesentlich von jener der effektiven Anzahl Gründertiere ($f_e = 47,7$). Das lässt auf Flaschenhalssituationen in der Vergangenheit schließen.

Um die Maßzahlen Anzahl Gründertiere, effektive Anzahl Gründer, effektive Anzahl Ahnen und effektive Anzahl Gründergenome für den Murbodner besser einordnen zu können, sind diese in Tabelle 15 in den direkten Vergleich mit jenen anderer Rinderrassen gesetzt.

Tabelle 15: Diversitätskennzahlen des Murbodner Rindes und einiger weiterer Rinderrassen.

Rasse	Anzahl Gründer (f)	effektive Anzahl Gründer (f_e)	effektive Anzahl Ahnen (f_a)	effektive Anzahl Gründergenome (N_g)
Murbodner	4997	47,70	26,00	19,40
Kärntner Blondvieh ¹	305	29,90	29,00	22,60
Original Pinzgauer ¹	6495	65,40	32,10	19,50
Tux- Zillertaler ¹	112	21,00	14,20	9,70
Waldviertler Blondvieh ²	970	17,70	14,68	9,52
Brown Swiss ³	6291	84,00	28,00	19,30
Normande ³	138291	132,00	40,00	21,60
Holstein ³	802289	140,00	43,00	30,40
Chianina ⁴	7092	152,10	73,61	39,46
Marchigiana ⁴	11947	70,90	48,02	25,05
Romagnola ⁴	3928	89,80	59,55	38,46

¹BAUMUNG und SÖLKNER (2002)

²SCHÄFER (2011)

³BOICHARD et al. (1997)

⁴Bozzi et al. (2006)

Die aus genetischer Sicht kleinsten Populationen aller hier angeführten Rinderrassen sind jene des Waldviertler Blondviehs und des Tux-Zillertalers. Besonders auffällig sind die geringe Effektive Anzahl Gründergenome mit $N_g=9,5$ (SCHÄFER 2011) und $N_g= 9,7$ (BAUMUNG und SÖLKNER 2002).

Ein extremes Beispiel beschreiben *Sørensen et al. (2005)*, die für Dänische Holsteins, mit einer Referenzpopulation von 1,9 Mio. Tieren einen Wert von $N_g= 11,9$ ermittelten. Sehr klein ist die effektive Anzahl Ahnen bei Brown Swiss. *Sölkner (1998)* begründet dies mit dem gehäuften Einsatz einiger weniger Stiere aus den USA in mehreren oder allen Zuchtverbänden. Das erklärt auch den vergleichsweise höheren Inzuchtkoeffizienten dieser Rassen.

Dass die Werte von f_e, f_a und N_g beim Kärntner Blondvieh sich nur geringfügig voneinander unterscheiden begründeten *Baumung und Sölkner (2002)* damit, dass die Erhaltungszucht für diese Rasse erst in ihren Anfängen steckte und die Aufzeichnung von Abstammungsinformationen noch nicht sehr weit zurückgingen. Die Pedigrees waren daher meist nur kurz oder unvollständig dokumentiert. Die große Diskrepanz zwischen der tatsächlichen (f) und der effektiven Anzahl Gründertiere (f_e) dürfte beim Waldviertler Blondvieh in einer aktuellen Untersuchung wahrscheinlich durch einen ungleichmäßigen Einsatz von Zuchtstieren verursacht sein (SCHÄFER 2011.)

Bei vielen Pferderassen umfassen die Populationen oft zwar viele Tiere, die aber letztlich dennoch auf relativ wenige Gründertiere zurück gehen (PREINERSDORFER 2008). Innerhalb österreichischer Schweinerassen ist die genetische Vielfalt ist sehr hoch. *Köck (2008)* sieht die wesentliche Ursache dafür im wiederholten Import ausländischer Zuchttiere, die als neue Gründer in den Pedigrees auftauchen.

In Tabelle 16 sind die Kennzahlen genetischer Diversität für einige Nutztierassen zusammengefasst.

Tabelle 16: Diversitätskennzahlen von Rassen anderer Nutztierarten.

	Anzahl Gründer (f)	effektive Anzahl Gründer (f _e)	effektive Anzahl Ahnen (f _a)	effektive Anzahl Gründergenome (N _g)
Pferde				
Haflinger ¹	1203	42,10	29,50	11,60
Noriker ²	1991	117,20	29,30	10,63
Lippizaner ³	457	48,20	26,20	6,00
Shagya Araber ⁴	531	150,00	41,00	16,00
Isländer ⁵	5692	143,40	44,00	22,00
Schweine				
Mangalitz ⁶	156	70,60	46,90	32,70
Turopolje ⁶	6	5,60	4,90	3,40
Edelschwein ⁷	1480	334,00	78,80	37,60
Landrasse ⁷	1410	267,00	59,20	32,90
Pietrain ⁷	1368	258,00	88,60	55,10

¹PREINERSTORFER (2009)

²DRUML (2006)

³ZECHNER et al. (2002)

⁴GLÄSER (2008)

⁵GENG (2010)

⁶PREVOST (2010)

⁷FISCHER (2001)

6 Schlussfolgerungen

Das Inzuchtniveau der aktuell lebenden Murbodnerpopulation ist im Vergleich zu einigen anderen gefährdeten Rinder- und Schweinerassen relativ moderat. Allerdings ist diese Einschätzung unter dem Vorbehalt zu sehen, dass der Inzuchtgrad beim Murbodner unter Umständen in Wahrheit etwas höher liegt und aufgrund kurzer oder lückenhafter Pedigrees unterschätzt wird. Die Abstammung einzelner Pferderassen ist hingegen oft sehr gut dokumentiert und nachvollziehbar. Bei der Untersuchung der Pedigrees des Murbodners konnten einige wenige in der Vergangenheit sehr dominante Vererber aufgedeckt werden. Die konsequente Befolgung von Anpaarungsvorschlägen durch die Züchter hat sicher sehr dazu beigetragen trotzdem die Inzuchtsteigerung zu minimieren. Daher gibt es aus momentaner Sicht bezüglich der genetischen Kennzahlen für den Murbodner keinen Anlass zur Sorge. Ihre Entwicklung sollte jedoch weiterhin im Auge behalten werden.

Ein signifikant negativer Zusammenhang zwischen hohen Inzuchtkoeffizienten und Geburts-, 200-Tage- und 365-Tage-Gewicht konnte in dieser Arbeit eindeutig nachgewiesen werden. Das Ausmaß einer Leistungsdepression war jedoch nur relativ gering. Auch für die funktionalen Merkmale Kalbeverlauf und Totgeburtenrate ist eine negative Beziehung zum Inzuchtgrad, sowohl von Kalb als auch von der Mutter, beobachtbar. Diese konnte im Zuge der durchgeführten Analysen jedoch nicht signifikant verifiziert werden.

7 Zusammenfassung

Inhalt der vorliegenden Arbeit war es, die Auswirkungen von Inzucht beim Murbodner und eine eventuelle Inzuchtdepression in den quantitativen Merkmalen Geburts-, 200- und 365-Tage-Gewicht, sowie in den funktionalen Merkmalen Kalbeverlauf und Totgeburtenrate zu ermitteln.

Grundsätzlich ist der für die Referenzpopulation (Murbodner, lebend, beide Elternteile bekannt) errechnete durchschnittliche Inzuchtkoeffizient von 1,10% nicht besonderes hoch. Allerdings ist er immer in Abhängigkeit von der Qualität der Pedigreedaten zu sehen, die den Analysen zugrunde liegen. Die Abstammungsinformationen sind mit einem durchschnittlichen kompletten Generationsäquivalent von 4,14 vergleichsweise von eher dürftiger Güte.

Es konnte in allen untersuchten Merkmalen ein negativer Zusammenhang mit dem Inzuchtgrad festgestellt werden. Für den Kalbeverlauf und die Totgeburtenrate war diese Korrelation jedoch in keinem Modell signifikant ($p=0,05$). Beim Merkmal 365-Tage-Gewicht stellte sich heraus, dass das Gewicht ab einem Inzuchtkoeffizienten von 15% gegenüber nicht ingezüchteten Tieren sogar wieder leicht ansteigt. Eine mögliche Ursache für dieses Phänomen könnte die Selektion von Stieren auf sehr gute Tageszunahmen sein, die eine Inzuchtdepression im Endeffekt wieder aufheben.

Neben den Effekten von Inzucht auf ausgewählte Merkmale war auch die Bestimmung der genetischen Vielfalt der aktuellen Murbodnerpopulation Thema dieser Arbeit. Es stellte sich heraus, dass diese Rasse (wohl auch durch die gewissenhafte Einhaltung der Anpaarungspläne durch die Züchter), aus genetischer Sicht stabil ist und eine hohe Variabilität aufweist. Aus derzeitiger Sicht besteht daher bei gleichbleibenden Zuchtbedingungen keine Gefährdung des Murbodners aufgrund Verlustes genetischer Diversität. Dennoch sollte die kontinuierliche Beobachtung der Entwicklung von Diversitätskennzahlen weiterhin beibehalten werden.

8 Summary

The content of this present paper was to identify the influence of inbreeding on beef performance and reproduction traits in Murboden cattle.

Generally, the average inbreeding of the reference population (breed Murboden cattle, alive, both parents known) with a value of 1.10% is not particularly high. However, the quality of the available pedigrees have been taken into account. With an average complete generation equivalent of 4.14, the quality of information an ancestry is comparatively poor.

For all beef production traits, a negative effect of inbreeding was observed while no significant effect was found for the functional traits calving ease and stillbirth rate. For the 365-day-weight, the quadratic term of the inbreeding coefficient was also significant, indicating a non-linear relationship.

One possible cause for this phenomenon could be the selection of bulls which show high daily weight gains that in the end compensate inbreeding depressions.

Apart from the effects of inbreeding on selected traits also the determination of genetic diversity in the current population of Murboden cattle was a topic of this paper. It turned out that this breed (probably also due the accurate adherence of mating programs by breeders) shows a relatively high genetic variability. Nevertheless, further monitoring of the genetic diversity is suggested.

9 Verzeichnis

9.1 Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Stand der österreichischen Rinderrassen um 1880 (Quelle: MÜLLER 1958)	22
Abbildung 2: Das Murbodner Rind war Ende des 19. Jahrhunderts aufgrund seiner hervorragenden Zugleistung besonders geschätzt (Quelle: MURBODNER 2011)	25
Abbildung 3: Die Verteilung der österreichischen Rinderrassen (Quelle: MÜLLER 1958)	27
Abbildung 4: Der bis Mitte des 20. Jahrhunderts weit verbreitete Murbodner war Ende der 1970er Jahre massiv vom Aussterben bedroht (Quelle: MURBODNER 2011)	28
Abbildung 5: Murbodner Kalbin (Quelle: MURBODNER 2011)	30
Abbildung 6: Murbodner Stier (Quelle: MURBODNER 2011)	31
Abbildung 7: Die nach ihrem Schwergrad erfassten Kalbeverläufe beim MB zwischen 1990-2010. ...	58
Abbildung 8: Verteilung der erfassten Kalbeverläufe über die Bundesländer.	59
Abbildung 9: Verteilung der Häufigkeiten von Laktationszahlen der Kühe mit erfassten Kalbeverläufen	60
Abbildung 10: Änderung des Geburtsgewichtes in Abhängigkeit des Inzuchtkoeffizienten des Kalbes.	76
Abbildung 11: Änderung des 200-Tage-Gewichtes eines weiblichen Kalbes in Abhängigkeit seines Inzuchtkoeffizienten	77
Abbildung 12: Änderung des 365-Tage-Gewichtes eines weiblichen Kalbes in Abhängigkeit seines Inzuchtkoeffizienten	78
Abbildung 13: Vollständigkeit der Abstammungsdaten für die Referenzpopulation (in %).	81
Abbildung 14: GS Jaga (Quelle: GENOSTAR 2011)	85

9.2 Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Versteigerungs-, Stations- und Schlachthofdaten 2010 (Quelle: ZAR 2010, modifiziert).	33
Tabelle 2: Umfang der Fleischleistungskontrolle 2010 (Quelle: ZAR 2010, modifiziert).	33
Tabelle 3: Ergebnisse der Fleischleistungskontrolle 2010 (Quelle: ZAR 2010, modifiziert).....	34
Tabelle 4: Umfang der Milchleistungskontrolle 2010 (Quelle: ZAR 2010, modifiziert).	35
Tabelle 5: Ergebnisse der Milchleistungskontrolle 2010, Kontrollkühe alle Laktationen (Quelle: ZAR 2010, modifiziert).	35
Tabelle 6: Verteilung aller Murbodner des Pedigreedatensatzes über definierte Inzuchtklassen.....	57
Tabelle 7: Struktur der Abstammungsdaten für die Referenzpopulation.....	67
Tabelle 8: Durchschnittlicher, minimaler und maximaler Inzuchtkoeffizient in der Referenzpopulation.	68
Tabelle 9: Inzuchtkoeffizienten weiterer Rinderrassen	70
Tabelle 10: Inzuchtkoeffizienten weiterer Nutztierassen.....	72
Tabelle 11: P-Werte und Regressionskoeffizienten der getesteten Modelle($\alpha=0,05$).	75
Tabelle 12: Güte von Pedigrees einiger Rinderrassen.....	82
Tabelle 13: Beispiele für die Güte der Pedigrees von Rassen anderer Nutztierarten.....	83
Tabelle 14: Genanteile der 10 wichtigsten Ahnen in der Referenzpopulation.....	84
Tabelle 15: Diversitätskennzahlen des Murbodner Rindes und einiger weiterer Rinderrassen.....	86
Tabelle 16: Diversitätskennzahlen von Rassen anderer Nutztierarten.....	88

9.3 Literaturverzeichnis

ADAMETZ, L. (1926): Lehrbuch der allgemeinen Tierzucht. Wien: Julius Springer Verlag. 63

ALEXANDER, G. I.; BOGART, R. (1961): Effect of Inbreeding and Selection on Performance Characteristics of Beef Cattle. *J. Anim. Sci.* 20, 702-707.

AMOS, W.; BALMFORD, A. (2001): When Does Conservation Genetics Matter? *Heredity* 87, 257-265.

ARCHE AUSTRIA- VEREIN ZUR ERHALTUNG SELTENER NUTZTIERRASSEN (2010)

<http://www.arche-austria.at/> besucht am 2010-09-21

AUMANN, J.; THALLER, G.; FÜRST, C. (1996): Zuchtwertschätzung für Fruchtbarkeit und Kalbeverlauf. Zuchtwertschätzung beim Rind- Grundlagen und aktuelle Entwicklungen. Seminarunterlagen der Zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR), Wien.

BALLOU, J. D. (1997): Ancestral Inbreeding Only Minimally Affects Inbreeding Depression in Mammalian Populations. *Journal of Heredity* 88, 169-178

BARBER, C.; BROAD, R.; BUTLER, P.; DALTON, R.; KNOWLES, H.; LEAFE, D.; RENSHAW, S. (2008): Rare Breed Survival Trust- Conservation Projects.

<http://www.rbst.org.uk/conservation-projects> besucht am 2010-09-20

BAUMUNG, R.; FISCHERLEITNER F.; JARITZ, G.; JUTZ, T. C.; KLENOVEC, CH.; MUNDUCH- BADER, E.-M.; STEURER, B.; WANNINGER, K. (2009): Seltene Nutzierrassen- Handbuch der Vielfalt. Wien: Herausgegeben im Rahmen des Bildungsprojektes Seltene Nutzierrassen vom ÖKL- Österreichisches Kuratorium für Landtechnik und Landentwicklung. 7, 9-10

BAUMUNG, R.; FÜRST- WATL, B. (2002): Vererbung- Inzucht. 1. Fachtagung für Ziegenzüchter und – halter. Bundesanstalt für alpenländische Landwirtschaft Gumpenstein, Irdning. 1-3

BAUMUNG, R.; SÖLKNER, J. (2002): Analysis of Pedigrees of Tux- Zillertal, Carinthian Blond and Original Pinzgau Cattle Population in Austria. *J. Anim. Breed. Genet.* 119, 175-181

BAUMUNG, R.; SÖLKNER, J. (2002): Kombination von Pedigree- und Markerinformation für die Erstellung von Anpaarungsplänen zur Erhaltung gefährdeter Haustierrassen. Projektabschlussbericht am Institut für Nutztierwissenschaften Universität für Bodenkultur, Wien.

BAUMUNG, R.; SÖLKNER, J. (2003): Pedigree and Marker Informations Requirements to Monitor Genetic Variability. *Genet. Sel. Evol.* 35. 369-383

BERGER, B.; FISCHERLEITNER, F. (2010): Erfahrungen mit der Erhaltungszucht in Österreich. Forschungsdokumentation Workshop „Tiergenetische Ressourcen“. LFZ Raumberg- Gumpenstein. 1

BIEDERMANN, G.; OTT, B. RÜBESAM, K.; MAUS, F. (2004): Genetische Analyse des Vorderwälder Rindes. *Arch. Tierz., Dummerstorf* 47, 2, 141-153

BIEDERMANN, G.; POPPINGA, O.; WEITEMEYER, I. (2005): Die genetische Struktur der Population des Schwarzbunten Niederungsrindes. *Züchtungskunde* 77. Stuttgart: Verlag Eugen Ulmer. 3-14

BIEDERMANN, G.; WALDMANN, S.; MAUS, F. (2003): Genetische Analyse der Population des Hinterwälder Rindes, *Arch. Tierz., Dummerstorf* 46 (2003) 4, 307-319

BIODIVERSITÄT IST LEBEN- INTERNATIONALES JAHR DER BIODIVERSITÄT 2010.

<http://www.biodiversitaet2010.ch/> besucht am 2011-04-05

BOICHARD, D. (2007): PEDIG- A Fortran Package for Pedigree Analysis Suited for Large Populations.

BOICHARD, D.; MIGNEL, L.; VERRIER, E. (1997): The Value of Using Probabilities of Gene Origin to Measure Genetic Variability in a Population. *Genet. Sel. Evol.* 29, 5-23

BOZZI, R.; FRANCI, O.; FORABOSCO, F.; PUGLIESE, C.; CROVETTI, A.; FILIPINI, F. (2006): Genetic Variability in Three Italian Beef Cattle Breeds Derived from Pedigree Information. *Ital. J. Anim. Sci.* Vol. 5, 129-137

BRINKS, J. S.; CLARK, R. T.; KIEFFER, N. M. (1965): Evaluation of Response to Selection and Inbreeding in a Closed Line of Hereford Cattle. *USDA Tech. Bull.*

CBD- CONVENTION ON BIOLOGICAL DIVERSITY (2006): Article 2- Use of Terms.

<http://www.cbd.int/convention/articles/?a=cbd-02> besucht am 2011-04-05

CARILLO, J. A.; SIEWERDT, F. (2010): Consequences of Long- Term Inbreeding Accumulation on Prewaning Traits in a Closed nucleus Angus Herd. *J. Anim. Sci.* 88, 87-95.

CAROLINO, N.; GAMA, L. T. (2008): Inbreeding Depression on Beef Cattle Traits- Estimates, Linearity of Effects and Heterogeneity Among Sire- Families. *Genet. Sel. Evol.* 40, 511-527.

CHARLEWORTH, B.; CHARLESWORTH, D. (1999): The Genetic Basis of Inbreeding Depression. *Genetics Research* 74, 329-340.

CROW, J. F. (1952): Dominance and Overdominance. In: GOWEN, J. W. (Hrsg.): Heterosis. USA: Iowa State College Press, Ames IA.

DAVENPORT, C. B. (1908): Degeneration, Albinism and Inbreeding. *Science* 28, 454-455.

DINKEL, C. A.; BUSH, D. A.; MINYARD, J. A.; TREVILLYAN, W. R. (1968): Effects of Inbreeding on Growth and Conformation of Beef Cattle. *J. Anim. Sci.* 27, 313-322.

DÖRNTE, J. (2001): Entwicklung, Charakterisierung und Kartierung von Mikrosatellitenmarkern bei der Zuckerrübe (*beta vulgaris* L.). Dissertation an der Universität Hohenheim, 1-2.

DRUML T. (2006): Genetische und phänotypische Beschreibung der Zuchtpopulation des Noriker Pferdes. Dissertation an der Universität für Bodenkultur, Wien.

FALCONER D. S.; MACKAY, T. F. C. (1996): Introduction to Quantitative Genetics (4th Edition). Harlow: Longman.

FISCHER, C. (2001): Stammbaumanalyse österreichischer Schweinepopulationen. Diplomarbeit an der Universität für Bodenkultur, Wien.

FISCHERLEITNER, F. (2006): Abschlussbericht Proj. 3961- Wissenschaftliche Betreuung der ÖNGENE. Wels: Institut für biologische Landwirtschaft und Biodiversität. 10

FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. (2002): Introduction to Conservation Genetics. Cambridge: University Press. 23-27

FÜRST, CH.; KALCHER, L.; MAYERHOFER, M.; STURMLECHNER, F. (2010): Die Österreichische Rinderzucht 2009. Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter Wien. Ried: Hammerer GmbH & CoKG Druck & Verlag. 117

FÜRST, C. (1998): I Das Tiermodell - gefährdet ein Zuchtwertschätzverfahren die Genetische Vielfalt? In: Intensivierung und Internationalisierung der Rinderzucht. Seminarunterlagen der Zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR), Wien. 29-36

FÜRST, C. (2009): Zuchtwertschätzung beim Rind- Grundlagen, Methoden und Modelle. ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH. 77-81

FÜRST, C.; FÜRST- WALT, B. (2009): Inzucht & Co- Aktuelle Auswertungen zur genetischen Vielfalt. Seminarunterlagen der Zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR), Wien.

FÜRST- WALT, B. (1998): Inzucht- Ein Problem in der Rinderzucht? In: Intensivierung und Internationalisierung der Rinderzucht. Seminarunterlagen der Zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR), Wien. 18-29

GAILLARD, C. (1997): Populationsgenetik. In: KRÄUBLICH, H.; BREM, G. (Hrsg.): Tierzucht und Allgemeine Landwirtschaftslehre für Tiermediziner. Stuttgart: Verlag Ferdinand Enke. 165- 166, 168-169

GENG, M. (2010): Gründeranalyse beim Islandpferd. Bakkalaureatsarbeit an der Universität für Veterinärmedizin, Wien.

GLAESER P.; (2008): Pedigreeanalyse des Shagya- Arabers in Österreich. Masterarbeit an der Universität für Bodenkultur, Wien.54, 63

GLODEK, P. (1994): Genetik quantitativer Merkmale. In: KRÄUBLICH, H. (Hrsg.): Tierzuchtungslehre. Stuttgart: Verlag Eugen Ulmer. 135

GROEN, A. F.; STEINE, T; COLLEAU, J. J.; PEDERSEN, J.; PRIBYL, J.; REINSCH, N. (1997): Economic Values in Dairy Cattle Breeding, With Special Reference to Functional Traits. Report of an EAAP- Working Group. *Livest. Prod. Sci.* 49, 1-21.

HALLER, M. (2000): Seltene Haus- und Nutzierrassen. Graz; Stuttgart: Leopold Stocker Verlag. 7, 9-10, 14, 65-66

HAMADA, H.; PETRINO, M. G.; KAKUNAGA, T. (1982): A Novel Repeated Element With Z-DNA-Forming Potential is Widely Found in Evolutionary Diverse Eukariotic Genomes. *Proc. Natl Acad. Sci. USA* 79, 6465-6469.

HAMIDI- MOGHEDEM, A. (1982): Ursachen und Möglichkeiten zur Verringerung von Schwer- und Totgeburten beim Rind. Diplomarbeit Universität für Bodenkultur, Wien.

HANSEN, J.; HERMES, A. (1905): Die Rindviehzucht im In- und Auslande. Erster Band. Leipzig: Verlag von Richard Carl Schmidt und Co.

HINRICHS, D.; BENNEWITZ, J.; TETENS, J.; THALLER, G. (2008): Simulationen über die Konsequenzen der genomischen Selektion in einem Rinderzuchtprogramm. *Züchtungskunde* 80, 443-451. Stuttgart: Verlag Eugen Ulmer.

HORST, P. (1994): Zuchtstrategien für tropische Standorte. In: KRÄUBLICH, H. (Hrsg.): Tierzuchtungslehre. Stuttgart: Verlag Eugen Ulmer. 422

HUNT V.; (2009): Assessment of Conservation Breeding Programs Using Pedigree Analysis With Regard to Inbreeding Depression. Masterarbeit an der Universität für Bodenkultur, Wien. 22

JARITZ, G.; KLENOVEC, C. (2009): Rassensteckbriefe. In: Seltene Nutzierrassen- Handbuch der Vielfalt. Wien: Herausgegeben im Rahmen des Bildungsprojektes Seltene Nutzierrassen vom ÖKL-Österreichisches Kuratorium für Landtechnik und Landentwicklung. 27-28

JENTSCH, A. (1909): Österreichisch- Ungarische Rinderrassenkarte. Wien: Verlag R. u. H. Hitschmann.

KALCHER, L. (2011): Fleischleistungsprüfung 2010- Klare Professionalisierung der Betriebe erkennbar. Landwirtschaftskammer Steiermark, Graz.

<http://www.agrarnet.info/parse.php?id=2500%2C1586476%2C%2C> besucht am 2011-04-04

KAMP, T.; PAULSCH, C.; PAULSCH A.: Übereinkommen über die biologische Vielfalt.

<http://www.biodiv.de/menue1/lexikon/biodiversitaet.html#2.2> besucht am 2010-09-20

KÖCK, A. (2008): Inzuchtdepression für Fruchtbarkeitsmerkmale bei Edelschwein und Landrasse. Diplomarbeit Universität für Bodenkultur, Wien. 8, 32-33

KOCH, W. (1958): Über aussterbende Haustierrassen. D. Zoolog. Garten (N.F.) 24

KOMMISSION FÜR GENETISCHEN RESSOURCEN FÜR ERNÄHRUNG UND LANDWIRTSCHAFT ERNÄHRUNGS- UND LANDWIRTSCHAFTSORGANISATION DER VEREINTEN NATIONEN (2008): Globaler Aktionsplan für Tiergenetische Ressourcen und Erklärung von Interlaken. Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt, Deutschland und Bundesamt für Landwirtschaft, Schweiz.

KRAßNITZER, A. (2009): Die Trächtigkeitsdauer als mögliches Hilfsmerkmal für die Zuchtwertschätzung Kalbeverlauf und Totgeburtenrate beim Rind. Masterarbeit Universität für Bodenkultur, Wien. 1, 10

LACY, R. C. (1989): Analysis of Founder Representation in Pedigrees- Founder Equivalents and Founder Genome Equivalents. *Zoo Biology* 8, 111-123.

LACY, R. C.; BALLOU, J.; WALSH, A. (1996): Hierarchical analysis of inbreeding depression in *Peromyscus polionotus*. *Evolution* 50, 2187-2200.

LEHNERT, H. (1896): Rasse und Leistung unserer Rinder. Berlin: Paul Parey Verlag.

LITT, M.; LUTTY, J. A. (1989): A Hypervariable Microsatellite Revealed by In Vitro Amplification of a Dinucleotide Repeat Within the Cardiac Muscle Actin Gene. *Am. J. Hum. Genet.* 44, 397-401.

LOU, M. F.; BOETTCHER, P. J.; DEKKERS, J. C. M.; SCHAEFFER, L. R. (1999): Bayesian Analysis for Estimation of Genetic Parameters of Calving Ease and Stillbirth for Canadian Holsteins. *Journal of Dairy Science* 82, 1848-1858.

MAAK, S. (2001): Untersuchungen zu Kandidatengeneten für Leistungseigenschaften und Erbfehlern beim Schwein. Habilitationsschrift Martin-Luther-Universität, Halle-Wittenberg. 11

MACCLUER, J. W.; VANDEBERG, J. L.; READ, B.; RYDER, O. A. (1986): Pedigree Analysis by Computer Simulation. *Zoo Biology* 5, 147-160.

MACNEIL, M. D.; DEARBORN, D. D.; CUNDIFF, L. V.; DINKEL, C. A.; GREGORY, K. E. (1989): Inbreeding Effects on Postweaning Production Traits, Confirmation and Calving Performance in Irish Beef Cattle. *J. Anim. Sci.* 86, 3338-3347.

MC PARLAND, S.; KEARNY, J. F.; RATH, M.; BERRY, D. P. (2007): Inbreeding Trends and Pedigree Analysis of Irish Dairy and Beef Cattle Populations. *J. Anim. Sci.* 85, 322-331.

MC PARLAND, S.; KEARNY, J. F.; MACHUGH, D. E.; BERRY, D. P. (2008): Inbreeding Effects on Postweaning Production Traits, Confirmation and Calving Performance in Irish Beef Cattle. *J. Anim. Sci.* 86, 3338-3347.

MAIJALA, K. (1970): Need and Methods of Gene Conservation in Animal Breeding. *Ann. Génét. Sél. Anim.* 2.

MAXIMINI, L. (2008): Einfluss von Inzucht auf die Spermaqualität beim Stier. Masterarbeit Universität für Bodenkultur, Wien. 22

MOSER, C. (2005): Gen-Erhaltung neu. *Bauernjournal West*.

<http://www.bmlfuw.gv.at/article/articleview/32004/1/4998> besucht am 2010-09-29

MÜLLER, W. (1958): Die Rinderzucht in Österreich. Wien: Verlag von Carl Gerolds Sohn. 110-111, 125

MURBODNER- DAS BODENSTÄNDIGE BERGRIND (2011)

<http://www.murbodner.at/> besucht am 03.03.2011

NISSEN, J. (1997): Enzyklopädie der Pferderassen. Stuttgart: Kosmos Verlag.

ÖNGENE- ÖSTERREICHISCHE NATIONALVEREINIGUNG FÜR GENRESERVEN (2011)

<http://www.oengene.at/> besucht am 03.03.2011

PARIACOTE, F.; VAN VLECK, L. D.; MACNEIL, M. D. (1998): Effects on Inbreeding ad Heterozygosity on Prewaning Traits in a Closed Population of Herefords under selection. *J. Anim. Sci.* 76, 1303-1310.

PIRCHNER, F. (1979): Populationsgenetik in der Tierzucht. 2. Auflage. Hamburg und Berlin: Paul Parey Verlag. 73, 265

PIRCHNER, F. (1994): Mendelsche Genetik. In: Kräußlich (Hrsg.): Tierzüchtungslehre. 4. Auflage. Stuttgart: Eugen Ulmer Verlag. 135, 107-108

PIRKER, F. (2011): Leistungsprüfung für Fleischrinder. Arbeitsgemeinschaft Österreichischer Fleischrinderzüchter. <http://www.lkv.at/Regeln.30.0.html> besucht am 2011-06-11

PREINERSTORFER A.; (2009): Pedigree Analyse beim österreichischen Haflinger. Diplomarbeit an der Universität für Bodenkultur, Wien. 43, 68

PREVOST, B. (2010): Genetische Diversität der österreichischen Mangalitza und Turopolje Schweine Populationen. Diplomarbeit an der Universität für Bodenkultur, Wien.

PRO SPECIE RARA- SCHWEIZERISCHE STIFTUNG FÜR DIE KULTURHISTORISCHE UND GENETISCHE VIELFALT VON PFLANZEN UND TIEREN (2010)

<http://www.prospecierara.ch/Generator.aspx?tabindex=9&tabid=334&palias=default> besucht am 2010-09-21

PUSEY, A.; WOLF, M. (1996): Inbreeding Avoidance in Animals. *TREE vol.* 11, 201-206.

RAMM, E. (1901): Die Arten und Rassen des Rindes. Stuttgart: Eugen Ulmer Verlag.

ROCHAMBEAU DE, H.; FOURNET- HANOCQ; VU TIEN KHANG, J. (2000): Measuring and Managing Genetic Variability in Small Populations. *Ann. Zootech.* 49, 77-93

SAMBRAUS, H. H. (1994 a): Atlas der Nutztierassen- 250 Rassen in Wort und Bild. 4., erw.Aufl. Stuttgart: Eugen Ulmer Verlag. 24, 49

SAMBRAUS, H. H. (1994 b): Gefährdete Nutztierassen- Ihre Zuchtgeschichte, Nutzung und Bewahrung. Stuttgart: Eugen Ulmer Verlag. 13-17, 21, 23, 240-245

SAS (2009): SAS Version 9.2. SAS Institute Inc., Cary NC, USA.

SAVE FOUNDATION- SICHERUNG DER LANDWIRTSCHAFTLICHEN ARTEN- VIELFALT IN EUROPA (2010)

http://www.save-foundation.net/docu/de/SAVE_Kurzportrait.pdf besucht am 2010-09-21

SCHOTTERER, A. (1933): Die wirtschaftlichen Grundlagen und die Entwicklung der Rinderzucht in den österreichischen Bundesländern Salzburg, Kärnten, Tirol und Vorarlberg während der letzten Jahre. Arbeiten der Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde. Heft 60. Hannover: M. und H. Schaper Verlag.

SCHÜLER, L. (2002): Probleme und Lösungsvarianten der Zucht in kleinen Populationen. *Arch. Tierz.*, Dummerstorf 45, Sonderheft. 20-26

SEIBOLD, R. (2009): Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V. (GEH)- Ziele, Organisation und Arbeitsweise.

<http://www.g-e-h.de/geh-allg/zielegeh.htm> besucht am 2010-09-21

SHULL, G. H. (1908): The Composition of a Field of Maize. *American Breeders Association Report* 4, 296-301.

SIDERITS, M. (2011): Pedigree- Analyse der deutschen Paint- Horse- Population. Masterarbeit Universität für Bodenkultur, Wien. 27

SLATE, J.; PEMBERTON, J. M. (2002): Comparing Molecular Measures for Detecting Inbreeding Depression. *J. Evol. Biol.* 15, 20-31.

SÖLKNER, J. (1998): Schätzung der genetischen Vielfalt mittels Stammbaumanalyse: Ergebnisse für die österreichischen Rinderrassen. Seminarunterlagen der Zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR), Wien. 43-53

SÖLKNER, J.; FILPICIC, L.; HAMPSHIRE, N. (1998): Genetic Variability of Populations and Similarity of Subpopulations in Austrian Cattle Breeds Determined by Analysis of Pedigree. *Anim. Sci.* 67: 249-256.

SØRENSEN, A. C.; SØRENSEN, M. K.; BERG, P. (2005): Inbreeding in Spanish Dairy Cattle. *Breeds. J. Dairy Sci.* 88, 1865-1872.

SUJIT, S.; AVTAR, S.; JOSHI, B. K.; SAHA, S.; SINGH, A. (2001): Incidence, level and consequences of inbreeding in cattle- A Review. *Indian J. Dairy Sci.* 54 (2), 59-69.

SWALVE, H. H. (2003): Neue Ansätze in der züchterischen Bearbeitung funktionaler Merkmale. *Arch. Tierz., Dummerstorf* 46, 63-71.

SWIGER, L. A.; GREGORY, K. E.; KOCH, R. M.; ARTHAUD, V. A. (1961): Effect of Inbreeding on Performance Traits of Beef Cattle. *J. Anim. Sci.* 20, 626-630.

TAUTZ, D.; RENZ, M. (1984): Simple Sequences are Ubiquitous Repetitive Components of Eukaryotic Genomes. *Nucleic Acids Res* 12, 4127-4137.

TEMPLETON A. R.; READ, B. (1994): Inbreeding- One Word, Several Meanings, Much Confusion. In: LOESCHKE, V.; TOMIUK, J. JAIN, S. K. (Hrsg.): Conservation Genetics. Basel: Verlag Birkhäuser, 91-105.

WILLAM, A.; SIMIANER, H. (2011): Tierzucht. Grundwissen Bachelor. Stuttgart: Eugen Ulmer Verlag.

WRIGHT, S. (1931): Evolution in Mendelian populations. *Genetics* 16, 97-159

WOKAC, R. M. (2002): Bedeutung der Inzucht bei Tauernschecken-Ziegen. *Arch. Tierz.*, Dummerstorf 46, 5, 455-469.

ZAR- ZENTRALE ARBEITSGEMEINSCHAFT ÖSTERREICHISCHER RINDERZÜCHTER (2010): Braunvieh- Gentest auf Spinnengliedrigkeit. *Rinderzucht Austria Newsletter Ausgabe 3/ 2010*, Wien. 4

ZECHNER, P.; SÖLKNER, J.; BODO, I.; DRUML, T.; BAUMUNG, R.; ACHMANN, R.; MARTI, E.; HABE, F.; BREM, G.; (2002): Analysis of Diversity and Population Structure in the Lipizzan Horses Breed Based on Pedigree Information, *Livestock Production Science* 77, 137-146.