

Corina Schäfer

Inzuchtdepression und genetische Variabilität beim Waldviertler Blondvieh

Masterarbeit

Universität für Bodenkultur Wien

Department für Nachhaltige Agrarsysteme

Institut für Nutztierwissenschaften

Beurteiler: PD Dr. Birgit Fürst-Waltl

Betreuerinnen: PD Dr. Birgit Fürst-Waltl

PD Dr. R. Baumung

Mai 2011

Inhaltsverzeichnis

Abkürzungsverzeichnis	4
Abbildungsverzeichnis	6
Tabellenverzeichnis	7
1 Einleitung	8
2 Beschreibung des Waldviertler Blondviehs	10
2.1 Entstehung und Geschichte des Waldviertler Blondviehs	10
2.2 Das Waldviertler Blondvieh heute	15
2.3 Gefährdete Rassen	21
3 Definition der genetischen Vielfalt	24
3.1 Genetische Variabilität	24
3.2 Pedigreeanalyse	27
4 Inzucht und ihre Folgen	29
4.1 Inzucht	29
4.2 Inzuchtdepression	34
5 Kennzahlen der genetischen Variabilität	36
5.1 Inzuchtkoeffizient f	36
5.2 Effektive Anzahl der Gründertiere f_e	37
5.3 Effektive Anzahl der Ahnen f_a	38
5.4 Effektive Populationsgröße N_e	39
5.5 Effektive Anzahl der Gründergenome N_g	41
5.6 Durchschnittliches komplettes Generationsäquivalent g_e	42
5.7 Genanteile wichtiger Ahnen	43
6 Material und Methoden	44
6.1 Verwendete Methoden	44
6.2 Struktur der untersuchten Daten	44
6.2.1 Der Datensatz Gewicht	46

6.2.2	Der Datensatz Reproduktion	49
6.3	Verwendete Software.....	51
6.4	Verwendete Modelle	53
7	Ergebnisse und Diskussion.....	56
7.1	Inzuchtkoeffizient	56
7.1.1	Ergebnisse	56
7.1.2	Diskussion	57
7.2	Inzuchtdepression.....	65
7.2.1	Ergebnisse	65
7.2.2	Diskussion	70
7.3	Genetische Variabilität.....	76
7.3.1	Ergebnisse	76
7.3.2	Diskussion	80
8	Zusammenfassung.....	92
9	Schlussfolgerung	93
10	Summary	95
11	Literaturverzeichnis	97

Abkürzungsverzeichnis

Alter	tatsächliches Alter
AMA	Agrarmarketing Austria
BLAD	Bovine Leukozyten-Adhäsions-Defizienz
BLUP-Tiermodell	„Best linear unbiased prediction“-Tiermodell
DF	Inzuchtanstieg pro Generation
EKA	Erstkalbealter
EKALaktation	Kombination aus Erstkalbealter und Laktation
F bzw. f	Inzuchtkoeffizient
F_A	Inzuchtkoeffizient der Mutter bzw. des Ahnen
f_a	effektive Anzahl Ahnen
f_e	effektive Anzahl Gründertiere
f^*f	quadratischer Inzuchtkoeffizient
F_x	Inzuchtkoeffizient
g_e	durchschnittliches komplettes Generationsäquivalent
gebjj	Geburtsjahr
i	Gründerallel
k	Gründer bzw. Ahne
LFBIS	Land- und Forstwirtschaftliches Betriebsinformationssystem
LFS Edelhof	Landwirtschaftliche Fachschule Edelhof
LKV	Landeskontrollverband
Methode	Messmethode (gemessen durch Bauer oder Kontrollassistent)
n1 bzw. n2	Anzahl jener Generationen, die zwischen dem Tier und seinem gemeinsamen Ahnen liegen
N_a	Anzahl der Gründerallele

N_e	effektive Populationsgröße
N_g	effektive Anzahl Gründergenome
N_m bzw. N_m	Anzahl an männlichen Tieren in der Population
N_w bzw. N_w	Anzahl an weiblichen Tieren in der Population
ÖNGENE	Österreichische Nationalvereinigung für Genreserven
ÖPUL	Österreichisches Programm zur Förderung einer umweltgerechten, extensiven und den natürlichen Lebensraum schützenden Landwirtschaft
P	Wahrscheinlichkeit
p_k	marginale Verteilung des Ahnen
q_i	relativer Anteil des Gründerallels in der Population
q_k	Wahrscheinlichkeit der Genherkunft
saison	Geburtssaison
SAS	Statistical Analysis System
sex	Geschlecht
VEGH	Verein zur Erhaltung gefährdeter Haustierrassen
ZAR	Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter
ZuchtData	ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH

Abbildungsverzeichnis

Abb. 1: Anteil der Laktationen.....	50
Abb. 2: Kalbeverlaufsklassen.....	51
Abb. 3: Entwicklung des Geburtsgewichts.....	67
Abb. 4: Entwicklung des 200-Tage-Gewichts.....	68
Abb. 5: Entwicklung des 365-Tage-Gewichts.....	69

Tabellenverzeichnis

Tab. 1: Verteilung der Tiere im Datensatz Geburtsgewicht auf Inzuchtklassen.....	47
Tab. 2: Verteilung der Tiere im Datensatz 200-Tage-Gewicht auf Inzuchtklassen.....	48
Tab. 3: Verteilung der Tiere im Datensatz 365-Tage-Gewicht auf Inzuchtklassen.....	49
Tab. 4: Inzuchtkoeffizient des Waldviertler Blondviehs.....	56
Tab. 5: Inzuchtkoeffizienten bei verschiedenen Rinderrassen.....	58
Tab. 6: Inzuchtkoeffizient bei Ziegen.....	61
Tab. 7: Inzuchtkoeffizienten bei Pferden	62
Tab. 8: Inzuchtkoeffizient bei Schweinen (nach Köck, 2008).....	64
Tab. 9: Übersicht über die Signifikanz getesteter Effekte innerhalb der Modelle für die einzelnen Merkmale.....	66
Tab. 10: Wichtigste Ahnen der aktuellen Waldviertler Blondvieh Population.....	77
Tab. 11: Kennzahlen der genetischen Variabilität der aktuellen Waldviertler Blondvieh Population.....	79
Tab. 12: Kennzahlen der genetischen Variabilität bei verschiedenen Rinderrassen.....	81
Tab. 13: Marginale Genanteile bei verschiedenen Rinderrassen.....	86

1 Einleitung

Das Waldviertler Blondvieh stammt, wie der Name schon sagt, aus dem Waldviertel, einer sehr rauen und kargen Gegend im Norden von Niederösterreich. Dort entwickelte sich eine perfekt an die Region und die Bedingungen angepasste Rinderrasse, die allen Ansprüchen der damaligen Bauern an eine Rinderrasse entsprach. Diese Rinder gaben Milch, hatten eine ausreichende Fleischleistung und eine gute Zugleistung und brauchten vor allem sehr wenig Futter, um trotzdem annehmbare Resultate zu erzielen.

Das Waldviertler Blondvieh ist eine kleine Rasse, die zu mehreren Zeitpunkten unter der Verdrängung durch andere, wirtschaftlich relevantere Rassen gelitten hat. Doch immer wieder fanden sich engagierte Liebhaber, die die Rasse erhielten und vor dem Aussterben bewahrten. Bereits am Beginn der 1980er Jahre war die Rasse nahezu vollständig von den Leistungsstärkeren Rassen Fleckvieh und Braunvieh verdrängt worden. 2009 wurden 2.563 Tiere der Rasse Waldviertler Blondvieh gezählt (Lebensministerium 2010).

Einen Aufschwung erfuhr die Rasse erst durch das Förderprogramm ÖPUL (Österreichisches Programm zur Förderung einer umweltgerechten, extensiven und den natürlichen Lebensraum schützenden Landwirtschaft). Neben dem Murbodner Rind, dem Original Braunvieh, dem Original Pinzgauer, dem Tiroler Grauvieh, dem Kärntner Blondvieh, dem Pustertaler Sprinzen und dem Ennstaler Bergschecken gehört das Waldviertler Blondvieh trotz allen Förderungen zu den hochgefährdeten Rassen, die vom Aussterben bedroht sind, und unterliegt daher einem Erhaltungszuchtprogramm (Baumung 2008).

Um ein Erhaltungszuchtprogramm erfolgreich durchführen zu können, ist es wichtig, die genetische Vielfalt und Zusammensetzung der Population zu kennen und auch leistungsschwächere oder unbekannte Linien zu erhalten. Da Tiere dieser Rasse weder durch eine besondere Milchleistung noch durch besonders hohe Fleischleistungen auffallen, ist die wirtschaftliche Erhaltung dieser Rasse ohne ein Förderprogramm eher schwierig. Der Absatz der

Fleischprodukte soll vor allem über die Bewerbung der guten Fleischqualität gefördert werden.

Aus der geringen Größe der Rasse resultiert die Gefahr, dass die genetische Diversität verloren geht und damit auch wichtiges Erbgut für immer ausgelöscht oder nur durch zufällige Mutationen wiederhergestellt werden könnte. Durch die Stammbaumanalyse soll dieses Problem in der vorliegenden Arbeit analysiert werden.

Um die Inzucht, und damit den Verlust der Heterozygotie, weitgehend in Grenzen zu halten, ist es wichtig, die Höhe des Inzuchtkoeffizienten zu kennen. Denn Inzucht kann auch problematische Folgen haben. Weitere wichtige Kennzahlen, die man mit Hilfe der Pedigreeanalyse bestimmen kann, sind die effektive Anzahl der Gründer und die effektive Anzahl der Ahnen sowie die Gesamtzahl der Gründertiere und das Generationsäquivalent. Mit Hilfe dieser Kennzahlen kann die genetische Diversität beschrieben werden, die nach Möglichkeit erhalten werden soll.

Pedigreeanalysen wurden bereits von mehreren Autoren für viele verschiedene Tierarten angewendet. Die Ergebnisse von Arbeiten mit Pedigreeanalysen hängen in hohem Maße von der Qualität und Vollständigkeit der verwendeten Abstammungsdaten ab. Gerade beim Waldviertler Blondvieh gab es einige Probleme, da die Abstammungsdaten nicht sehr weit (oft nur vier Generationen) zurückreichen und oft unvollständig bzw. teilweise auch fehlerhaft sind. Da das Waldviertler Blondvieh einem Erhaltungszuchtprogramm unterliegt, sollte die Erhaltung der genetischen Diversität und vor allem der gesamten Rasse selbst gegenüber der Leistungssteigerung im Vordergrund stehen.

Mit dieser Arbeit wird das Ziel verfolgt, mit Hilfe der Pedigreeanalyse die genetische Variation zu beschreiben und vor allem auf den Inzuchtkoeffizienten und die Folgen von Inzucht (Inzuchtdepression), bezogen auf Leistungsmerkmale (Geburtsgewicht, 200-Tage-Gewicht und 365-Tage-Gewicht) und auf Fitnessmerkmale (Kalbeverlauf und Totgeburtenrate), einzugehen. Dafür wurde ein Datensatz mit 14.361 Tieren der Rasse Waldviertler Blondvieh verwendet, der von der ZuchtData (ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH) zur Verfügung gestellt wurde.

2 Beschreibung des Waldviertler Blondviehs

2.1 Entstehung und Geschichte des Waldviertler Blondviehs

Im Waldviertel, dem nördlichsten Teil Niederösterreichs, gab es seit jeher, nachgewiesenermaßen seit dem 19. Jahrhundert eine Blondviehrasse, die sich trotz des rauen Klimas und des kargen Bewuchses durchsetzen konnte. Die in den 70er Jahren als Alpines Blondvieh bezeichnete Rasse geht auf das Ur-Rind *Bos taurus primigenius* zurück.

Das Waldviertler Blondvieh entstand vermutlich aus lokalen rötlichen Landschlägen, die mit Mariahofern (Kärntner Blondvieh), Mürztalern, böhmischem Scheckvieh, ungarischen Steppenrindern, Grauvieh, Scheinfeldern (Frankenvieh) und später auch Simmentalern (Fleckvieh) gekreuzt wurden. Die genaue Herkunft ist umstritten, weswegen man in der Literatur sehr unterschiedliche Angaben findet (Sambraus 1999, Bitterlich 1915, Ranninger 1924, Haller 2010).

Bitterlich (1915) schreibt beispielsweise, dass es keine Hinweise darauf gibt, dass die Franken im 11. und 12. Jahrhundert ihr Vieh wirklich ins Waldviertel mitnahmen, als sie in Kolonien teils durch Zwangsumsiedelungen ins Land kamen. Auch die Mitnahme des polnischen Rotviehs bezweifelt er. Er ist der Meinung, dass erst die Märkte im Mittelalter die Einfuhr von slawischem Vieh ins Waldviertel begünstigten, die Anzahl des Frankenviehs aber immer sehr gering war. Er betrachtete daher das Waldviertler Blondvieh als Mischung von süd- und nordslawischem sowie teilweise auch bayrischem Rind. Weiters schreibt er, dass der Landschlag aus einer Mischung aus Mürztalern und Mariahofern bestünde. Gleichzeitig erwähnt er auch eine nicht näher bezeichnete ältere Anschauung, wonach Mürztaler und Mariahofer nur eine geringe Rolle beim Entstehen des Landschlags gespielt hätten (Bitterlich 1915).

Einfluss auf die Rasse nahmen vermutlich neben der Waldviertler Bevölkerung auch die slawischen Völker, später auch Deutsche (Franken und Bayern) und Böhmen, Mähren sowie Mühlviertler (Bitterlich 1915).

1877 waren 4,1 % der oberösterreichischen Kühe so genannte Germser aus dem Groß Gerungser Raum. Heute würde man diese Tiere vermutlich als Waldviertler Blondvieh bezeichnen (Kloiber 1952).

Um 1880 wurden Mürztaler und Mariahofer eingekreuzt, wobei beim Gföhler Schlag die Mariahofer überwogen und beim Zwettler Schlag die Mürztaler (Sambras 1999).

Bitterlich (1915) erwähnt in seinem Buch nach Informationen aus einer nicht näher bezeichneten Quelle aus dem Jahre 1865 einen Raabser Schlag, bei dem auch Mariahofer eine Rolle gespielt haben dürften und der sich vor allem durch (für damalige Verhältnisse) gute Milchleistung in Kombination mit Leichtfuttrigkeit auszeichnete (Bitterlich 1915).

Weiters schreibt Bitterlich (1915), dass in einer Delegiertenversammlung der Landwirtschaftsgesellschaft im Jahre 1875 darüber diskutiert wurde, Mariahofer zu importieren, was einer der Referenten als bedauerlichen Rückschritt bezeichnete. Daraus schließt Bitterlich, dass den Mariahofern zu dieser Zeit wohl nicht mehr so viel Beachtung geschenkt wurde. Er führt aber auch Informationen aus den folgenden Jahren an, wo auf Stier- bzw. Regionalschauen immer wieder Mariahofer, Scheinfelder und Kreuzungen daraus sowie Allgäuer Kreuzungen auftauchten (Bitterlich 1915).

Um 1900 wurden diese gelblichen Tiere als Arvesbacher oder Waldviertler Rind (Sambras 1999 S. 236) und auch als Waldviertler Landschlag (Ranninger 1924) bezeichnet. Je nach Gegend wurden sie unterteilt in den Gföhler Schlag und den Zwettler Schlag (Sambras 1999).

Zu dieser Zeit lagen die Milchleistung der Kühe des Landschlags bei etwa 1500–1700 l und das Gewicht bei 300–420 kg bei einer Widerristhöhe von 112–131 cm. Besonders geschätzt wurden die Arbeitsleistung der Ochsen sowie deren gute Mastfähigkeit (Sambras 1999).

Ranninger (1924) gibt die Widerristhöhe der Kühe mit 127-131 cm an. Er schreibt sogar von Lebendgewichten von bis zu 420 kg bei Kühen sowie 700 kg und mehr bei gemästeten Ochsen (Ranninger 1924).

In der Literatur findet man auch noch den Stockerauer Schlag (Haller 2000), was vermutlich nur eine andere Bezeichnung für den Gföhler Schlag ist.

Als Hauptvorkommensregion des Waldviertler Landschlags wurde das Gebiet „ober dem Manhartsberg“ (also oberhalb von Maissau) definiert. Die genaue Verbreitung ist jedoch nicht restlos geklärt. Vermutlich trat dieses Rind im Süden bis zur Donau auf und im Norden bis nach Böhmen und Mähren. Auch im oberösterreichischen Mühlviertel war es wohl zu finden (Kloiber 1952).

Ende des 19. Jahrhunderts bzw. Anfang des 20. Jahrhunderts verlor das Waldviertler Blondvieh zunehmend an Bedeutung und wurde vermehrt durch andere Rassen wie Simmentaler verdrängt bzw. mit anderen Rassen gekreuzt. Zu dieser Zeit bürgerte sich der Name Arvesbacher Rind oder Waldviertler Rind ein (Sambras 1999).

Arbesbach, ein großer Ort, liegt wie Zwettl und Gföhl im Waldviertel.

Schon damals spielte das Waldviertler Rind nur eine untergeordnete Rolle, wie man beispielsweise beim Ankauf von Subventionsstieren im Jahre 1902 sieht. Von 190 Stieren waren nur 18 vom Waldviertler Landschlag. Ende 1902 wies das Herdbuch 3.609 Tiere auf, von denen 230, also 6,4 %, zum Waldviertler Landschlag gezählt werden konnten (Hansen und Hermes 1905). 1930 gab es im Norden Oberösterreichs nur noch einige Waldviertler-Blondvieh-Tiere. Der bestehende Landschlag war langsam aber sicher durch leistungsstärkere Rassen verdrängt worden.

1933 erfolgte die Gründung des Verbandes für Waldviertler Blondvieh in Edelhof unter der Leitung von Dir. Ing. Rudolf Ranninger. Dieser war der Meinung, dass sich aufgrund der Witterung (das Waldviertel ist bekannt für sein kaltes, feuchtes Klima) und des Futterangebotes sowie des kalkarmen Bodens ohnehin keine andere Rasse etablieren könnte. Er versuchte, dem Waldviertler Landschlag zu einem neuen Aufschwung zu verhelfen. Ranninger glaubte, dass der Landschlag bei guter Fütterung und Haltung mit dem Simmentaler oder

dem Mariahofer mithalten könnte. In seinem Werk „Der Waldviertler Landschlag, seine Verbesserung und Erhaltung“ hob er vor allem den hervorragenden Gesundheitszustand heraus. Im Gegensatz zum Simmentaler litt die Population des Landschlags nämlich kaum unter Tuberkulose (Ranninger 1924).

Zu dieser Zeit galt der Landschlag als Allroundrasse. Neben der Milch und dem Fleisch wurde vor allem seine Arbeitsleistung genutzt. Als Milchleistung des Waldviertlers wurde 1924 1130 bis 2000 Liter Milch angeführt, die Ranninger selbst bei Probemelkungen gemessen hatte (Ranninger 1924).

Das Gewicht einer Kuh lag damals bei 300–420 kg bei einer Widerristhöhe von 112–131 cm. (Sambras 1999) Besonders hervorzuheben ist die ausgezeichnete Fleischqualität der Ochsen, die vor allem auf dem Wiener Fleischmarkt beliebt und bekannt war (Sambras 1999).

Von 1938 bis 1945 wurden Stiere der Rasse Frankenvieh und der Rasse Glan-Donnersberger eingekreuzt, da nur eine ungenügende Anzahl an echten Waldviertler Stieren verfügbar war und die eingekreuzten Rassen dem Waldviertler Landschlag in Aussehen und Farbe ähnlich waren. Mit etwa 50 Frankentieren und 240 Glan-Donnersberger Stieren wurde am Erhalt der Rasse gearbeitet (Sambras 1999).

1947 waren 1,3 % aller 513.645 oberösterreichischen Rinder Waldviertler Blondvieh (Kloiber 1952).

Bis 1950 wurden durch züchterische Maßnahmen die Größe und die Milchleistung der Tiere kontinuierlich verbessert. Die Milchleistung stieg von ca. 1.700 kg auf etwa 3.000 kg (Haller 2000).

1954 gab es auf 750 Betrieben etwa 4.000 Kühe unter Milchleistungskontrollen, die als Grundlage der Rasse galten. Insgesamt gab es in Niederösterreich 173.600 gezählte Tiere der Rasse Waldviertler Blondvieh (Slowfood Waldviertel o.J.).

Warum gerade diese Rasse im Waldviertel beheimatet ist, hat seine Gründe. Zum einen ist das Waldviertler Blondvieh ein eher zartgliedriges Tier, das sich

durch seine hervorragende Futterverwertung auszeichnet und daher auch mit der kargen Futtergrundlage der Böden des Waldviertels zurechtkommt. Zum anderen ist das Waldviertler Blondvieh sehr widerstandsfähig und schafft es so, dem rauen Klima zu trotzen. Außerdem zeichnet es sich durch seine Fruchtbarkeit und Langlebigkeit aus (Sambraus 1999).

Das Waldviertel liegt im Norden von Niederösterreich und umfasst ca. 4.900 km². Vorherrschend ist im Waldviertel das kontinentale Klima. Im Westen geht es ins atlantische Klima über und im Osten ins pannonische. Es ist das Viertel Niederösterreichs, in dem es durchschnittlich am kältesten ist. Durch die große Höhe (bis 1.000 Meter) setzt die Ernte meist erst verhältnismäßig spät ein. Geologisch gesehen gehört das Waldviertel zur Böhmisches Masse. Vorherrschende Gesteinsarten sind Granit und Gneis (Fürst et al. 2004).

Ab 1960 ging die Zahl der Tiere des Landschlags stark zurück und die Milchleistung sank (Haller 2010). Immer mehr Bauern stellten auf Fleckvieh mit höherer Milchleistung um bzw. kreuzten Fleckviehtiere in den Bestand des Waldviertler Blondviehs ein. Das Fleckvieh konnte zu dieser Zeit im Waldviertel oft nur deswegen gute Leistungen erbringen und sich letztendlich durchsetzen, weil vermehrt Futter (v.a. Kraftfutter) aus Zukauf eingesetzt wurde.

Um 1970 gab es nur mehr relativ wenige reinrassige Tiere (Haller 2000) und gegen 1980 erreichte der Tierbestand einen absoluten Tiefpunkt. Für dieses Jahr berichtet Arche Noah (o. J.) beispielsweise von einem Bestand von nur mehr 23 Kühen und 3 Stieren (Arche Noah, o. J.). 1982 startete die ÖNGENE (Österreichische Nationalvereinigung für Genreserven) deshalb ein Rettungsprogramm zum Erhalt dieser Rasse (Sloowfood Waldviertel o. J.).

1988 wurden drei Stiere wurden aus einem Nichtzuchtbetrieb aus dem Bezirk Gmünd ausgewählt, dies waren nach Fleischhacker (2010):

- Weiss,
- Fritz,
- Blondl.

Alle drei Stiere wurden per DNA-Analyse und aufgrund einer phänotypischen Bewertung unter der Leitung von Prof. Schleger von der Veterinärmedizinischen Universität Wien ins Erhaltungsprogramm aufgenommen. Die Stiere Weiss und Fritz kamen aus demselben Nichtzuchtbetrieb. Sie waren wahrscheinlich miteinander verwandt. Auf diese drei Stiere gehen einige der heutigen Linien zurück. Auch der Stier Isidor, ebenfalls ein sehr wichtiger Gründerstier aus dieser Zeit, stammte aus einem Nichtzuchtbetrieb, ebenso wie die ausgewählten Kühe (Fleischhacker 2010).

Der Stier Polterer, ebenfalls ein Gründerstier mit unbekannter Abstammung, geht auf einen rot gefärbten Landschlag aus der Gegend rund um Raabs bzw. Waidhofen/Thaya zurück, der durch Einkreuzungen mit tschechoslowakischen Tieren zustande kam (Fleischhacker 2010).

Nach dem Beschluss zur Rettung der Rasse wurde das Programm fünf Jahre lang von der Landwirtschaftlichen Fachschule (LFS) Edelhof betreut. DI Günter Fallmann von der LFS Edelhof war bereits an der Selektierung der Tiere maßgeblich beteiligt.

2.2 Das Waldviertler Blondvieh heute

Das Waldviertler Blondvieh wird heutzutage meist nur mehr als Fleischrasse genutzt. Die Entwicklung der letzten Jahre sah folgendermaßen aus:

- 1997 startete das Förderprogramm ÖPUL mit 191 geförderten Tieren in 54 Herden (Slowfood Waldviertel o. J.). Gemäß Fischerleitner (2007) waren es 133 Tiere.
- 2000 war die Anzahl der Tiere dieser Rasse auf 268 gestiegen (Slowfood Waldviertel o. J.).
- 2003 waren es 1.054 Tiere, die der Rasse Waldviertler Blondvieh angehörten.
- 2004 existierten 1.291 Tiere dieser Rasse (Lebensministerium 2010).

- 2005 gab es 94 Betriebe mit 454 Herdbuchkühen. 24 Stiere standen für die künstliche Besamung zur Auswahl, 16 Stiere wurden im Natursprung eingesetzt. Insgesamt gab es 1.543 Tiere, die dieser Rasse angehörten.
- 2006 wurden bereits 696 Tiere auf 90 Betrieben durch das ÖPUL-Programm gefördert (Fischerleitner 2007), 1.789 Tiere dieser Rasse gab es insgesamt. Gemäß Slowfood Waldviertel (o.J.) waren 514 Kühe in 84 Herden vorhanden.
- 2007 wurde für 804 Tiere aus 100 Betrieben die Förderung durch ÖPUL beantragt. 751 Tiere wurden durch die verantwortliche Zuchtorganisation, den Nö. Genetik Rinderzuchtverband, betreut. Diese Zahl beinhaltet auch Tiere, die nicht durch das ÖPUL-Programm gefördert wurden. Der Herdbuchbestand umfasste 1.055 Tiere. Insgesamt gab es 2.057 Waldviertler-Blondvieh-Tiere (Lebensministerium 2010).
- 2008 gab es 88 Kontrollherden mit 586 Kontrollkühen und insgesamt waren es 2.260 Tiere (Lebensministerium 2010).
- 2009 waren 1.391 Herdbuchtiere vorhanden, davon waren 331 eingetragene Zuchtkühe und 8 Zuchtstiere, die über das ÖPUL-Programm gefördert wurden. Es gab insgesamt 2.563 Rinder (Lebensministerium, 2010), die zur Rasse Waldviertler Blondvieh gezählt wurden.

Das Herdbuch des Waldviertler Blondviehs ist heute geschlossen. Tiere, deren Eltern nicht dem Herdbuch angehören, werden also nicht ins Herdbuch aufgenommen.

ÖPUL 2007

Aufgrund der geringen Bestandszahlen gilt das Waldviertler Blondvieh nach wie vor als hochgefährdet und wird mit 280 Euro pro Zuchtkuh und Jahr bzw. 530 Euro pro Zuchtstier und Jahr durch das ÖPUL-Programm aus dem Jahre 2007 gefördert (AMA, o. J.).

Durch das Generhaltungsprogramm werden in Österreich 28 v verschiedene seltene Rassen gefördert. Neben dem Waldviertler Blondvieh sind das bei den Rinderrassen auch das Original Braunvieh, die Original Pinzgauer, das Tiroler Grauvieh, das Kärntner Blondvieh, die Tux-Zillertaler, die Pustertaler Sprinzen, die Murbodner und die Ennstaler Bergschecken. Des Weiteren werden vier seltene Ziegenrassen, zwei Schweinerassen, acht Schafrassen und fünf Pferderassen gefördert. 2006 lebten 44 % von allen geförderten Tieren auf Biobetrieben, beim Waldviertler Blondvieh waren es sogar 71 % aller Tiere, die auf Biobetrieben lebten. 51 % aller Waldviertler Blondviehtiere im Erhaltungsprogramm lebten 2006 auf Biobetrieben (Fischerleitner et al. 2007).

Ziel des Generhaltungsprogramms von 2007 ist es, die Inzucht zu minimieren und die Genvarianten zu erhalten. Um dieses Ziel zu erreichen, werden drei Anpaarungsempfehlungen pro weibliches Tier ausgegeben und Vatertiere bereitgestellt. Von diesen Vatertieren sollten möglichst viele verfügbar sein, die möglichst unverwandt sind und von denen die Abstammung gesichert ist. Leider können beim Waldviertler Blondvieh nicht alle Punkte erfüllt werden. Bei der Rasse Waldviertler Blondvieh ist der Nö. Genetik Rinderzuchtverband die verantwortliche Organisation. Die Züchter erhalten Einzeltier- oder Herdenanpaarungspläne. Sämtliche Zuchttiere sind in den zentralen Datenbanken erfasst (Fischerleitner & Berger, o. J.).

Da die Rasse Waldviertler Blondvieh nur eine sehr geringe Anzahl von Tieren umfasst, steht gemäß den Zielen des ÖPUL-Programms die Erhaltungszucht zur Verbesserung der Leistung im Vordergrund. Zu den Aufgaben der verantwortlichen Zuchtorganisation gehört auch die Mithilfe beim Aufbau einer Genbank für seltene Nutztierassen am Institut für Biologische Landwirtschaft und Biodiversität der Nutztiere der Abteilung Biodiversität der Nutztiere in Thalheim bei Wels. Dort wird versucht, von allen Rassen, mindestens jedoch von 25 nach Möglichkeit unverwandten Vatertieren, Samendepots zu erstellen, um den „genetischen Istzustand“ zu konservieren (Fischerleitner 2007). Für die Rasse Waldviertler Blondvieh geschieht dies seit Dezember 1998. Auch in der Rinderbesamungsstation Wieselburg befindet sich ein Samenlager (Permakultur o.J.).

Um am ÖPUL-Programm teilzunehmen, musste man folgende Voraussetzungen erfüllen: Das Tier musste einer anerkannten erhaltungswürdigen Rasse angehören, die Förderung musste jährlich im Mehrfachantrag ÖPUL beantragt werden, das Generhaltungsprogramm musste eingehalten werden, weibliche Tiere mussten bereits einen Nachkommen haben, männliche Tiere mussten über eine gesicherte Abstammung und die Zulassung zur Zucht verfügen und die Förderung der beantragten Tiere musste durch die verantwortliche Zuchtorganisation bestätigt sein. Die Förderung soll die finanziellen Einbußen, die durch die Haltung einer erhaltungswürdigen Rasse entstehen, ausgleichen (AMA o.J.).

Leistungen

Je nach Geschlecht haben Tiere der Rasse Waldviertler Blondvieh ein durchschnittliches Geburtsgewicht von 36,5 kg (weibliche Tiere) bzw. 38,9 kg (männliche Tiere) (ZAR 2011). Das durchschnittliche 200-Tage-Gewicht beträgt 220–250 kg und das durchschnittliche 365-Tage-Gewicht 330–390 kg (Slowfood Waldviertel o. J.).

Die Tiere sind eher schmal und zartgliedrig gebaut und werden der Kategorie mittelrahmige Fleischrinder zugeordnet. Die besondere Fleischqualität wird sehr geschätzt und ist auf das enge Fett-Eiweiß-Verhältnis zurückzuführen. Das Fleisch gilt als ausgesprochen geschmacksintensiv und zart und ist besonders gut marmoriert. Schon Kaiser Franz Josef schätzte dieses Fleisch sehr (Slowfood Waldviertel o. J.).

Sieben Kühe dieser Rasse stehen derzeit (2010) unter Milchleistungskontrolle. Leistungen von 3.500 bis 4.000 kg pro Jahr sind möglich. Die Höchstleistung liegt bei 6.000 kg pro Jahr (Fleischhacker 2010).

Erlaubt sind die Farben Blond in allen Schattierungen und leicht rötliche Farbtöne. Bei den heutigen Waldviertler-Blondvieh-Tieren weist eine leicht

rötliche Schattierung meist auf den tschechischen oder auf den Raabser Schlag hin. Das Flotzmaul soll fleischfarben sein und Hörner sowie Klauen gelbgrau.

Das Waldviertler Blondvieh gilt allgemein als spätreifes, anspruchsloses und bodenständiges Rind. Durch die auf das abgezogene Becken zurückzuführende Leichtkalbigkeit und die Robustheit ist das Waldviertler Blondvieh für die Mutterkuhhaltung besonders geeignet. Erwünscht sind mittelrahmige und hochbeinige Tiere.

Es gilt allgemein als umgänglich und gehorsam. Tatsächlich wurde durch den früheren Arbeitseinsatz auf positive Charaktereigenschaften geachtet. Die heutigen Tiere sind meist ausgesprochen lebhaft, aber leichtführig (Fleischhacker 2010).

Geburtsgewicht, Kalbeverlauf, Milch und Fleischleistungskontrollen werden über den jeweiligen Landeskontrollverband (LKV) erhoben.

Da das Waldviertler Blondvieh oftmals in Betrieben mit Mutterkuhhaltung gehalten wird (Fleischhacker 2010), sind der Kalbeverlauf und die Totgeburtenrate für den Betrieb oftmals ein entscheidender Kostenfaktor. Die Tiere sollten imstande sein, auch ohne Hilfe des Menschen gesunde und lebensfähige Kälber auf die Welt zu bringen.

Leistungserhebung

In Österreich wird die Leistungsprüfung für die Fleischleistung beim Waldviertler Blondvieh meist mittels Feldprüfung durchgeführt. Erhoben werden dabei vom Bauern selbst oder einem Kontrollassistenten das sogenannte 200-Tage-Gewicht und das 365-Tage-Gewicht. Für das 200-Tage-Gewicht werden Tiere im Alter von 90 bis 280 Tage gewogen und das Ergebnis wird dann auf 200 Tage standardisiert. Das 365-Tage-Gewicht oder Jahresgewicht umfasst Tiere im Alter von 281 bis 500 Tagen.

Das Alter des Rindes ist einer der wichtigsten Einflussfaktoren auf das Gewicht. Bis zum 500. Lebenstag verläuft das Wachstum eines Rindes nicht kontinuierlich, was die Berechnungen erschwert, da das gemessene Gewicht meist linear auf das betreffende Alter korrigiert wird. Durch die lineare Regression werden sehr junge Tiere überschätzt und sehr alte Tiere unterschätzt. Eine Verwendung von linearen und quadratischen Effekten ist hier vorteilhafter (Fürst-Waltl et al. 2001).

Die Vorteile der meist verwendeten Feldprüfung gegenüber der Stationsprüfung sind die kostengünstigere Durchführung und die Möglichkeit, größere Tierzahlen zu bewältigen. Nachteile entstehen durch die unterschiedliche Umwelt, da jeder Betrieb zum Beispiel anders füttert oder eine andere Haltungsform bietet. Die Prüfbedingungen sind nicht gleich und es entsteht eine größere Fehlerquote.

Die Fleischleistung und der Proteinansatz bzw. die Proteinzunahme hängen von vielen beteiligten Genen ab, die teilweise auch gekoppelt auftreten können (Polygenie). Dies in Kombination mit dem Umwelteinfluss führt zu einer kontinuierlichen Variation (Brade 2007).

Seit 1995 wird in Österreich der Kalbeverlauf in der Zuchtwertschätzung beim Rind berücksichtigt, seit 1998 auch die Totgeburtenrate. Der Kalbeverlauf wird vom Tierhalter selbst angegeben. Er wählt aus den Klassen 1 bis 5 den passenden Verlauf aus.

Die Bedeutung der einzelnen Klassen:

- Klasse 1: Leichtgeburt (Geburtshilfe nicht notwendig)
- Klasse 2: Normalgeburt (Geburtshilfe von einer Person erforderlich)
- Klasse 3: Schweregeburt (Geburtshilfe von mehr als einer Person bzw. mechanischem Geburtshelfer erforderlich)
- Klasse 4: Kaiserschnitt
- Klasse 5: Embryotomie (Fürst & Fürst-Waltl 2006).

In der Zuchtwertschätzung und auch in der vorliegenden Arbeit wurden aus Übersichtsgründen die Klassen 4 und 5 zusammengefasst, da die Klasse 5 sehr selten auftritt.

Die Totgeburtenrate ist ein so genanntes Ja/Nein-Merkmal. Das heißt, dass der Bauer nur angibt, ob das Tier bei der Geburt bzw. innerhalb von 48 Stunden danach verendet ist oder nicht (Fürst & Fürst-Waltl 2006).

Inzucht beim Waldviertler Blondvieh

Die Inzucht stellt für die Züchter des Waldviertler Blondviehs ein großes Problem dar, da schon die drei Stiere GS Fritz, GS Weiss und Blondl, mit denen die Rasse gerettet wurde, wahrscheinlich miteinander verwandt waren und GS Fritz und GS Weiss vom gleichen Nichtzuchtbetrieb kamen. Die Züchter, die Förderungen durch das ÖPUL-Programm erhalten wollen, müssen sich an ein straffes Anpaarungsprogramm halten, womit versucht wird, die Inzucht unter 6 % zu halten (Fleischhacker 2010). Alle heute existierenden Tiere dieser Rasse gehen auf 23 Gründertiere zurück (Arche Noah o.J.), woraus man schließen kann, dass Inzucht so gut wie unvermeidlich ist.

Vermehrtes Auftreten von Inzucht kann zu Inzuchtdepression und zu vermehrtem Auftreten von Erbfehlern führen, was sich in einer Verschlechterung der Reproduktions- und Leistungsmerkmale äußern und dadurch sehr nachteilig für den Züchter sein kann. Josef Fleischhacker, Zuchtberater für das Waldviertler Blondvieh, berichtete, dass in der Praxis bereits Zwergwuchs beobachtet wurde.

2.3 Gefährdete Rassen

Als gefährdete Rasse werden alle Rassen bezeichnet, die in ihrem Fortbestand bedroht sind. Aufgrund der geringen Populationsgröße kann es schnell zum Verlust von genetischer Variabilität kommen (Baumung 2008). Weltweit sind etwa 4.500 bis 5.000 Rassen gefährdet und 900 Rassen vom Aussterben bedroht.

In Österreich kümmern sich unter anderem der Verein zur Erhaltung gefährdeter Haustierrassen (VEGH) sowie die ÖNGENE um die Erhaltung der vom Aussterben bedrohten Rassen. Die Arche Austria ist ebenfalls eine Organisation, die sich dem Schutz alter Haustierrassen verschrieben hat.

Warum sollen überhaupt Rassen erhalten werden, die in ihrer Leistung anderen Rassen wesentlich unterlegen sind? In der Vergangenheit wurde immer wieder gezeigt, dass schon fast vergessene Rassen aufgrund der veränderten Konsumentenwünsche bzw. der veränderten Umweltbedingungen wieder „modern“ wurden und die Bestandszahlen zunahmen.

Ein Beispiel dafür ist die Weiße Hornlose Heidschnucke, eine Schafrasse, die auch Moorschnucke genannt wird. Nach dem Zweiten Weltkrieg schien es, als würde die Moorschnucke langsam, aber sicher aussterben. Nur das Engagement zweier Züchter bewahrte diese Rasse vor dem Untergang, und in den 70ern entdeckte man schließlich, dass sich diese Rasse besonders gut zur Beweidung von Mooren und Feuchtgebieten eignet (Sambraus 1999).

Nach Baumung (2008) sprechen folgende Gründe für den Erhalt von alten, gefährdeten Haustierrassen, auch wenn diese mit ihren aktuellen wirtschaftlichen Leistungen nicht konkurrenzfähig sind:

- Die Nachfrage nach tierischen Lebensmitteln kann sich ändern.
- So genannte synthetische Rassen, die eine alte Rasse beinhalten, können gerade in Entwicklungsländern anderen, „reinen“ Rassen überlegen sein.
- Für die extensive Tierhaltung bzw. für die Landschaftspflege können alte Nutzierrassen von unschätzbarem Wert sein, wie man auch am bereits genannten Beispiel der Moorschnucke sieht.
- Gefährdete Rassen könnten Träger von wertvollen, aber bislang eher unbeachteten Eigenschaften sein, die in der Zukunft wichtig werden könnten.
- Alte Rassen können als lebende Kulturdenkmäler gesehen werden.

- Da man nicht wissen kann, welche Genetik man in der Zukunft bei Nutztieren brauchen wird, empfiehlt es sich, ein möglichst breites Spektrum zu erhalten.

Bei der Erhaltungszucht müssen andere Faktoren berücksichtigt werden als beispielsweise bei der Leistungszucht. Oft kann die wirtschaftliche Leistung nur an zweiter Stelle berücksichtigt werden, an erster Stelle sollte stets der Erhalt der genetischen Vielfalt innerhalb der Rasse stehen. Diese Anforderungen setzen voraus, dass auch innerhalb der Rasse leistungsschwächere Linien erhalten werden sollten.

In Österreich wird je nach Bestandszahlen zwischen gefährdeten und hochgefährdeten Rassen unterschieden. Neben dem Waldviertler Blondvieh werden in Österreich auch die Rinderrassen Original Braunvieh, Original Pinzgauer, Tiroler Grauvieh, Kärntner Blondvieh, Murbodner, Pustertaler Sprinzen und Ennstaler Bergschecken sowie die Schafrassen Kärntner Brillenschaf, Braunes Bergschaf, Tiroler Steinschaf, Krainer Steinschaf, Waldschaf, Alpines Steinschaf, Zackelschaf und Montafoner Steinschaf zu den gefährdeten Rassen gezählt. Zu den gefährdeten Ziegenrassen gehören Gemsfärbige Gebirgsziegen, Pinzgauer Ziege, Tauernschecken-Ziege und Steirische Scheckenziege. Bei den gefährdeten Pferderassen findet man Noriker, Lipizzaner, Altösterreichisches Warmblut, Shagya-Araber, Huzule. Zu den gefährdeten Schweinerassen gehören Turopolje und Mangalitza (Baumung 2008).

3 Definition der genetischen Vielfalt

3.1 Genetische Variabilität

Bei einer Population, die groß genug ist, bleibt gemäß der Hardy-Weinberg-Regel die Population im genetischen Gleichgewicht, wenn Migration, Mutation und Selektion nicht wirksam sind und die Individuen sich durch zufällige Paarung vermehren (Falconer 1984).

Unsere Nutztierassen unterliegen jedoch alle einer gerichteten Paarung und der Selektion durch den Menschen, womit die Hardy-Weinberg-Regel nicht gilt. Beim Waldviertler Blondvieh kommt noch erschwerend hinzu, dass die Population relativ klein ist.

Auch ohne Selektion kann es durch zufällige genetische Drift zu einer Veränderung der Allelfrequenzen kommen. Mutation oder Immigration können dazu führen, dass verlorene Varianten wieder auftauchen (Lacy 1989).

Ursachen für die Veränderungen der genetischen Eigenschaften einer Population sind einerseits Prozesse bei der Weitergabe von Genen von einer Generation zur anderen und andererseits die Populationsgröße, unterschiedliche Fertilität und Vitalität (und daraus resultierende Selektion), Migration und Mutation und das Paarungssystem.

Falconer (1984) nennt folgende Einflussfaktoren:

- **Populationsgröße:** Es wird jeweils nur ein Teil der Gene in einer Population von einer Generation zur nächsten weitergegeben. Die Genfrequenzen unterliegen daher Zufallsschwankungen, die umso größer sind, je kleiner die Zahl der Individuen der Elterngeneration ist. Daraus folgt, dass diese Zufallsschwankungen der Genfrequenz nur in ausreichend großen Populationen zu vernachlässigen sind.
- **Fertilität und Vitalität:** Durch unterschiedliche Fertilität und Vitalität unterliegen die Individuen einer natürlichen Selektion. Tiere mit höherer Fertilität können ihre Gene mehr verbreiten, da sie mehr Nachkommen

haben. Auch die Genotypen in den neugeformten Zygoten können sehr unterschiedliche Vitalität besitzen, wodurch die Überlebensrate variiert.

- **Migration und Mutation:** Durch Immigration von einzelnen Tieren kann die Genfrequenz beeinflusst werden. Je nachdem ob eine bestimmte Mutation in einer Population sehr selten oder gehäuft auftritt, verändert sich der Einfluss der Mutation. Fast einmalig auftretende Mutationen haben sehr wenig Einfluss auf die gesamte Population.
- **Paarungssystem:** Bei der Zufallspaarung hat jedes Tier die gleiche Chance, sich mit jedem Tier aus der Population zu paaren. Bei den heutigen Nutztierassen ist die gerichtete Paarung üblich, wo jedem Tier ein bestimmter Paarungspartner zugeteilt wird.

Heute werden in der Rinderzucht oft Besamungszuchtprogramme verwendet, wodurch die Gene einzelner Individuen einer Population oft ausgesprochen stark verbreitet werden. Meist sind dies die Gene von Besamungstieren, die aufgrund ihrer Leistung vermehrt eingesetzt werden. Wird ein besonders guter Stier sehr häufig eingesetzt und hat dadurch viele Nachkommen, so verbreiten sich seine Gene über zahlreiche Töchter und noch viel mehr über seine Söhne innerhalb der Population. Das Ergebnis dieses Prozesses ist eine Population, die zwar zahlenmäßig gesehen sehr groß ist, aus genetischer Sicht aber eine eher kleine Population ist. Um die genetische Größe der Population zu bestimmen, ist die Stammbaumanalyse ein sehr wichtiges Hilfsmittel (Sölkner 1998).

Die genetische Variabilität kann neben den Kennzahlen auch durch molekulare Marker gemessen werden. Ein Kennzeichen von Markern ist, dass sie in mehreren Merkmalsausprägungen vorkommen. Solche Marker sind polymorph, also variabel. Eine einzige Base kann auf molekularer Ebene bereits den Unterschied zwischen zwei Ausprägungen von Merkmalen ausmachen. Möchte man Einzeltiere oder Rassen genetisch unterscheiden, so verwendet man mehrere polymorphe Marker. Dabei werden alle unterschiedlichen Marker der Tiere gezählt und das Ergebnis bildet ein Maß für die Verschiedenheit bzw. Einzigartigkeit des Tieres oder der Rasse. Die Unterschiede, die zwischen den Anzahlen an Markern beobachtet wurden, werden normiert, um ein universelles

Distanzmaß zu erhalten. Bei genetischen Markern erhält man dann die so genannte genetische Distanz (Schlötterer 1998).

Möchte man die Biodiversität einer Rasse beschreiben, so drückt man den Polymorphismus dieser Rasse in Zahlen aus. Die genetische Distanz ist dann ein Maß dafür, wie unterschiedlich diese Rasse im Vergleich zu einer anderen Rasse ist. Große genetische Distanzen weisen auf große Unterschiede hin, was daraus resultieren kann, dass sich zum Beispiel zwei Rassen schon vor langer Zeit voneinander getrennt haben.

Zwei Techniken werden für die Messungen verwendet: die mtDNA-Sequenzierung und Mikrosatelliten, die in dieser Arbeit jedoch nicht genauer behandelt werden. Diese neuen Techniken ermöglichen es, Tiere auszuwählen, die ein möglichst breites Spektrum an genetischer Diversität erhalten können. In dieser Hinsicht sind molekulare Marker morphologischen Markern überlegen. Durch die Auswahl dieser Tiere für die Weiterzucht könnte die Diversität einer Population erhalten werden, die sonst nur durch eine sehr große Anzahl von Tieren erhalten werden könnte, was vielfach aus finanziellen und logistischen Gründen nicht möglich wäre. Da alte und leistungsschwächere Rassen, zu denen auch das Waldviertler Blondvieh gehört, oft aus ökonomischen Gründen in ihren Beständen dezimiert werden, sind genetische Marker nicht nur eine weitere Methode zur Beschreibung und Analyse der genetischen Variabilität innerhalb einer Rasse und um Rassen voneinander zu unterscheiden, sondern auch eine Methode, um potenzielle „Erhaltungstiere“ auszuwählen (Schlötterer 1998).

Neben der Inzucht kann auch das Phänomen des Flaschenhalses (*bottleneck*) eine Ursache für den Verlust der genetischen Diversität sein. Hierbei reduziert sich die Population durch äußere Einflüsse und vergrößert sich anschließend wieder. In der Nachfolgepopulation finden sich aber nur jene Gene wieder, die bereits während des Flaschenhalses vorhanden waren. Mit der Reduktion der Population gehen also auch wertvolle Gene verloren (Lacy 1989).

3.2 Pedigreeanalyse

Der Sinn der Pedigreeanalyse ist die Gewinnung von Erkenntnissen über die verwandtschaftliche Struktur in einer bestimmten Population und die Auswirkungen der Erkenntnisse auf den Fortbestand der Population.

Sölkner und Baumung (2001) definieren eine Pedigreeanalyse als „genetische Untersuchung einer partikulären, multigenerationalen Population, in der verwandtschaftliche Verknüpfungen entweder bekannt sind oder in brauchbarer Weise modelliert werden können“. Als Hauptzweck sehen sie die Untersuchung der genetischen Struktur und die Bewertung der Auswirkungen dieser Struktur auf eine langfristige Erhaltungszucht.

Auch Boichard et al. (1997) sehen die Pedigreeanalyse als geeignetes Mittel, um die genetische Variabilität und ihre Entwicklung innerhalb der Generationsabfolge zu beschreiben.

Entwickelt wurde die Methode der Pedigreeanalyse von Wright und McPhee (1925), die damit die genetische Diversität der Rinderpopulation British Shorthorn untersuchten. Lacy (1989) entwickelte die Methode dann weiter und beschrieb erstmals die Kennzahlen effektive Anzahl von Gründern und effektive Anzahl von Gründergenomen.

1997 wurde die Methode der Pedigreeanalyse der Tierzucht zugänglich gemacht, als die Arbeit von Boichard et al. (1997) mit dem Titel “The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population” veröffentlicht wurde.

Außer in der Rinderzucht wurde die Stammbaumanalyse in den letzten Jahren auch in der Pferdezucht, der Schafzucht, der Ziegenzucht und der Schweinezucht eingesetzt (Preinerstorfer 2009).

Die Einführung des Tiermodells in der österreichischen Rinderzucht ermöglichte die systematische Nutzung und Zusammenführung aller bekannten Stammbauminformationen. Die ZAR (Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter) bzw. die Zuchtverbände sind bemüht, die

Abstammungsdaten von Fehlern zu bereinigen und zu vervollständigen. Die Pedigrees ermöglichen dann die Analyse der Verteilung der Gene von Individuen in der heutigen Zuchtpopulation (Sölkner 1998).

Beim Rind arbeiteten Baumung und Sölkner (2002a) und Sölkner et al. (1998) mit Hilfe der Stammbaumanalyse an einer Bestimmung der genetischen Diversität. Den Inzuchtkoeffizienten beim Rind berechneten Biedermann et al. (2003) und Biedermann et al. (2004) mit Hilfe der Pedigreeanalyse. Mc Parland et al. (2007) veröffentlichten eine Studie über Inzuchtdepression beim Irischen Fleischrind, wo ebenfalls die Stammbaumanalyse verwendet wurde.

Mit gefährdeten Rassen arbeiteten Druml (2006) und Glaeser (2008) sowie Wokac (2003). Druml (2006) analysierte die Daten der österreichischen Norikerpopulation, Glaeser (2008) bearbeitete die Population des österreichischen Shagya-Arabers. Wokac (2003) erstellte eine Studie zur Bedeutung der Inzucht bei der Tauernschecken-Ziege. Alle drei Studien nutzten die Werkzeuge der Pedigreeanalyse.

4 Inzucht und ihre Folgen

4.1 Inzucht

Populärwissenschaftlich gesehen ist der Begriff der Inzucht meist negativ besetzt, obwohl Inzucht ja durchaus auch als eigene Zuchtmethode bzw. innerhalb der Linienzucht eingesetzt werden kann und zu sehr positiven Ergebnissen führen kann. Früher waren die Auswirkungen von Verwandtenpaarungen einzelner Tiere auf die Population meist eher gering. Da es heute zu einem vermehrten Einsatz von künstlicher Besamung und dadurch (je nach Population) nur einigen wenigen Vatern kommt, ist die Gefahr der Inzuchtsteigerung wesentlich höher geworden (Fürst-Waltl 1998).

Als Zuchtmethode kann Inzucht dann verwendet werden, wenn man bestimmte Merkmale in einer Rasse festigen will. Eine höhere Homozygotie, z. B. bei Leistungsmerkmalen, könnte züchterisch durchaus von Vorteil sein, da dieses Leistungsmerkmal dann genetisch fixiert wäre.

Inzucht bedeutet in diesem Zusammenhang die Paarung von Tieren innerhalb einer Population, die enger miteinander verwandt sind als die Paarungspartner des Durchschnitts der Population. Verwandte Tiere sind alle jene, die mindestens einen gemeinsamen Ahnen haben (Baumung & Fürst-Waltl 2002). Als Durchschnitt einer Population wird immer eine bestimmte Vorfahrensgeneration definiert, die dann als Basisgeneration bezeichnet werden kann.

Als verwandt werden jene Individuen bezeichnet, bei denen die gleichen Gene vorgefunden werden. Demzufolge kann Inzucht als die Verwandtschaft mit sich selbst angesehen werden (Künzi & Stranzinger 1993).

Verwandte Tiere weisen also in ihren Stammbäumen gemeinsame Vorfahren bzw. Ahnen auf. Verfolgt man die Stammbäume zweier Individuen einer Population weit genug zurück, so findet sich fast immer ein gemeinsamer Ahne. Diese Tatsache erklärt auch, warum für die Aussagekraft des berechneten

Inzuchtkoeffizienten die Qualität und Länge der verwendeten Pedigrees von so entscheidender Bedeutung ist.

Es ist wichtig, für die Berechnung des Verwandtschaftskoeffizienten eine Basisgeneration (= Vorfahrgeneration) zu definieren (Baumung & Fürst-Waltl 2002). Der Grad der Inzucht wird durch den Inzuchtkoeffizienten beschrieben, der von S. Wright (1950) folgendermaßen definiert wurde:

$$F_I = \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1+n_2+1} * (1 + F_A)$$

Hierbei ist F der Inzuchtkoeffizient des Individuums, n1 bzw. n2 ist die Anzahl jener Generationen, die zwischen dem Tier und seinem gemeinsamen Ahnen auf mütterlicher und väterlicher Seite liegen, und F_A ist der Inzuchtkoeffizient der gemeinsamen Ahnen. I steht für Individuum (Baumung & Fürst-Waltl 2002).

Der Inzuchtkoeffizient gibt die Wahrscheinlichkeit an, mit der an einem bestimmten Genort des Tieres herkunftsgleiche Gene vorkommen können. Das entspricht der Wahrscheinlichkeit der Homozygotie, die aus der gleichen Herkunft bzw. Abstammung der Gene entsteht. Inzucht führt also dazu, dass es eine höhere Anzahl an Genorten mit herkunftsgleichen Allelen gibt.

Der Inzuchtkoeffizient gibt jedoch nicht die absolute Homozygotie an. Er gibt eigentlich die Verminderung der Heterozygotie in Bezug auf die Basisgeneration an. Anders ausgedrückt gibt der Inzuchtkoeffizient an, wie hoch das Ausmaß ist, in dem das Tier weniger heterozygot ist als ein Tier, das einen Inzuchtkoeffizienten von 0 hat. Hat ein Tier einen Inzuchtkoeffizienten von angenommen 0,3, so ist die Wahrscheinlichkeit, dass dieses Tier in einem bestimmten Merkmal homozygot ist, um 30 % höher als bei einem Tier mit einem Inzuchtkoeffizient von 0 % (Fürst-Waltl 1998).

Der Inzuchtkoeffizient kann nur Werte zwischen 0 und 1 annehmen. Bei einem Wert von 0 ist bei dem Tier die Wahrscheinlichkeit, an einem bestimmten Genort heterozygot zu sein, genauso hoch wie bei den Tieren aus der Basispopulation. Nimmt der Inzuchtkoeffizient jedoch den Wert 1 an, so ist das Tier an jedem seiner Genorte homozygot und hat somit eine Wahrscheinlichkeit

von 0 %, an einem Genort heterozygot zu sein. Alle Gene dieses Tieres sind herkunftsgleich.

Fremdpaarungen mit Tieren, die überhaupt nicht miteinander verwandt sind, beseitigen die Inzucht komplett. Gerade in kleineren Populationen gibt es jedoch oft kaum Tiere, die noch nicht untereinander in irgendeiner Form verwandt sind. Die oft sehr geringe Anzahl an männlichen Tieren in kleinen Populationen führt meist dazu, dass die Inzucht hauptsächlich über männliche Tiere steigt. Je geringer die Anzahl der Tiere einer Population, umso stärker kann die Inzucht steigen (Baumung & Fürst-Waltl 2002).

Beachtet werden muss, dass der Inzuchtkoeffizient maßgeblich von der Qualität und Vollständigkeit der Pedigrees abhängig ist (Boichard et al. 1997). Darauf wird auch in vielen Studien zu diesem Thema hingewiesen (González-Recio et al. 2007, Zechner et al. 2002, Sölkner et al. 1998). Dies gilt sowohl für die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten als auch für die Berechnung der Kennzahlen der genetischen Variabilität.

So kann etwa ein Inzuchtkoeffizient von 0,25 als sehr hoch interpretiert werden. Es kann aber auch sein, dass dieser Inzuchtkoeffizient durch die große Vollständigkeit des Pedigrees zustande kam, wodurch er dann nicht mehr als so hoch einzuschätzen ist (González-Recio et al. 2007, Zechner et al. 2002).

Der Grad der Inzucht erhöht sich, wenn der gemeinsame Ahne im Stammbaum näher beim Tier selbst steht. Bei einer Vollgeschwisterpaarung beträgt der Inzuchtkoeffizient beispielsweise 25 %, während er bei einer Paarung von Halbgeschwistern nur 12,5 % beträgt. Je mehr gemeinsame Ahnen im Stammbaum auftauchen, umso höher wird der Inzuchtkoeffizient des Tieres sein, da sich die einzelnen Inzuchtkoeffizienten der gemeinsamen Ahnen addieren.

Sind die Herdbücher einer Population geschlossen, kann kein Paarungspartner von außerhalb der Population zugeführt werden und es kommt zwangsläufig zum Inzuchtanstieg pro Generation, weil für die Paarung ja nur eine begrenzte Anzahl an Paarungspartnern zur Verfügung steht.

Über folgende Formel kann die Inzuchtsteigerung DF bei Zufallspaarungen beschrieben werden:

$$DF = \frac{1}{8N_m} + \frac{1}{8N_w}$$

Hier steht DF für den Inzuchtanstieg pro Generation, N_m für die Anzahl an männlichen Tieren in der betreffenden Population und N_w für die Anzahl an weiblichen Tieren in der Population.

Am Aufbau der Formel sieht man, dass die Inzuchtsteigerung maßgeblich von der Anzahl der Tiere abhängig ist. Bei Rinderpopulationen ist die Anzahl der weiblichen Tiere meist bedeutend größer als die der männlichen, woraus man schließen kann, dass der Anstieg der Inzucht vor allem von der Zahl der männlichen Tiere abhängt. Und genau diese wird durch den Einsatz der künstlichen Besamung meist relativ niedrig gehalten, was durchaus problematisch werden kann.

Weitere Faktoren, die zur Erhöhung der Inzucht führen, sind moderne Entwicklungen wie das BLUP-Tiermodell („Best linear unbiased prediction“-Tiermodell) sowie Interbull-Zuchtwertschätzung im Bereich der Zuchtwertschätzung und die multiple Ovulation sowie der Embryonentransfer im Bereich der Reproduktionstechnologie (Fürst-Waltl 1998).

Die in Selektionsprogrammen verwendeten modernen Werkzeuge haben maßgeblich dazu beigetragen, dass die Inzucht in fast allen Tierbeständen gestiegen ist. Die Verbesserungen und Neuerungen in der Reproduktionstechnik (künstliche Besamung, Klonen, Embryonentransfer, In-vitro-Fertilisation) ermöglichten die verstärkte Vermehrung einzelner Individuen. Dieselben Effekte können durch fortgeschrittene statistische Methoden erreicht werden, die auf Selektionsindices mit Informationen aus Familien angewiesen sind. Rücksichtslose Selektion, die sich nur an erwarteten Zuchtwerten orientiert und ohne Kenntnisse über eine angemessene Repräsentation agiert, kann dazu führen, dass der Genpool verkleinert wird (Carrillo & Siewerdt 2010).

Der Grund, warum das BLUP-Tiermodell Inzucht eher fördert, ist jener, dass Verwandtschaftsinformationen im Tiermodell verwendet werden, um Zuchtwerte

zu schätzen. Hat ein Tier beispielsweise eine auffallend hohe Leistung, so steigen sein Zuchtwert und auch der Zuchtwert der verwandten Tiere. Die Zuchtwerte von verwandten Tieren sind also ähnlicher und treten bei Rangierungen damit auch in ähnlichen Bereichen auf. So kann es dazu kommen, dass mehrere verwandte Tiere an der Spitze einer Rangierung stehen und vermehrt zum Einsatz kommen (Fürst 1998).

Als Hauptgrund für die Inzuchtsteigerung darf man das BLUP-Tiermodell aber nicht sehen. In der Praxis wird nämlich nicht ausschließlich nach Tiermodell-Zuchtwerten selektiert. Weiters meiden Züchter meist gezielte Paarungen von engen Verwandten, wenn noch andere Stierlinien vorhanden sind. Ist die Anzahl der vorhandenen Stierlinien sehr gering, dann lassen sich Verwandtenpaarungen jedoch nicht mehr verhindern (Fürst 1998).

Nicht ganz außer Acht lassen darf man bei vielen Rinderrassen auch Importe von anderen Populationen, die für „frisches Blut“ sorgen. Beim Waldviertler Blondvieh spielen Importe jedoch eine sehr untergeordnete Rolle.

Der Inzuchtanstieg kann genutzt werden, um die realisierte effektive Größe einer Population abzuleiten. Diese Methode zeigt vorwiegend Langzeiteffekte von Selektionsentscheidungen auf. Er ist wahrscheinlich das meistverwendete Hilfsmittel, um die Höhe der genetischen Drift zu bestimmen. Bei domestizierten Tieren können durch diesen Ansatz einige Probleme aufkommen.

Die Populationsgrößen und die Zuchtstrategien haben sich in den letzten 25 bis 40 Jahren stark verändert. Dadurch änderten sich auch die Bedingungen und Umstände für die einzelnen Rassen, und die Konsequenzen in Bezug auf die Inzucht können jetzt nicht genau bestimmt werden.

Für eine gegebene Generation kann die Ausprägung des durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten nicht nur die kumulierten Effekte der genetischen Drift aufzeigen, sondern auch die Effekte des Paarungssystems, das meist nicht streng panmiktisch ist.

Das praktische Hauptproblem ist, dass die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten in hohem Maße von der Qualität und Vollständigkeit der Pedigrees abhängig ist. In vielen Fällen fehlen schon Daten zur neuesten Generation von Vorfahren.

Dies führt zu Verzerrungen und Abweichungen beim Schätzen des Inzuchtkoeffizienten.

Da domestizierte Tiere mehr oder weniger streng selektiert werden, ist die Verbindung zwischen Inzucht und genetischer Variabilität komplizierter, da das Modell für neutrale und selektierte Loci unterschiedlich ist (Boichard et al. 1997).

4.2 Inzuchtdepression

Die Genfrequenz selbst wird durch Inzucht nicht verändert, die Genotypfrequenz hingegen schon, wodurch es zu einer Veränderung im Populationsmittel kommt, da Inzucht eine Erhöhung der Frequenz der homozygoten Genotypen zur Folge haben kann. Gleichzeitig werden natürlich heterozygote Genotypen reduziert (Falconer 1984).

Verminderte Heterozygotie führt also dazu, dass vermehrt rezessive Gene homozygot auftreten können. In heterozygoten Genen können viele unerwünschte bzw. sogar tödliche Gene „versteckt“ sein, die ihre Wirkung erst dann entfalten können, wenn sie homozygot auftreten. Verminderte Heterozygotie in einer Population resultiert oft in einer verminderten durchschnittlichen Fitness der Individuen (Lacy 1989).

Aus Inzucht können unter anderem auch Leistungsänderungen resultieren. Diese Leistungsänderungen können positiv (z. B. höhere Milchmenge) oder negativ (z. B. erhöhte Krankheitsanfälligkeit) sein. Sind diese Leistungsänderungen negativ spricht man von Inzuchtdepression (Falconer 1984). Nach Glodek (1994) kann die Inzuchtdepression durch die Differenz in der Leistung der ingezüchteten Population gegenüber der nicht ingezüchteten Population (der Ausgangspopulation) beschrieben werden.

Erbfehler sind durch den genetischen Hintergrund verursachte Leistungseinbußen oder Abnahme der Lebensfähigkeit aufgrund von körperlichen Anomalien. Etwa 0,2–0,5 % der Kälber in Deutschland weisen

genetisch bedingte Krankheiten auf (Brade 2007). Einige dieser Erbkrankheiten sind Weaver und spinale Muskelatrophie beim Braunvieh, BLAD (Bovine Leukozyten-Adhäsions-Defizienz) bei Schwarzbunten und beim Braunvieh sowie die Spinnengliedrigkeit bei den Schwarzbunten und beim Fleckvieh.

Die Inzuchtdepression hängt auch von der mittleren Allelfrequenz und dem Dominanzgrad ab. Ist an der Ausprägung eines Merkmals kein Allel mit Dominanzwirkung beteiligt, so zeigt sich auch keine Inzuchtdepression, während die Inzuchtdepression beim Auftreten von Allelen mit mittlerer Allelfrequenz und bei starker Dominanzwirkung am höchsten ist.

Meist spielen Allele mit Dominanzwirkungen bei Fitnessmerkmalen eine größere Rolle, weshalb Inzuchtdepression vermehrt bei Fitnessmerkmalen auftritt (Fürst-Waltl 1998). Falconer (1984) nennt hier vor allem die Wurfgröße und die Milchleistung, die durch zu hohe Inzucht leiden können. Durch diese Inzuchtdepression kann vermehrte Inzucht für einzelne Züchter sehr wohl problematisch werden, auch wenn die Auswirkungen auf die Population meist eher gering sind.

Bestimmt wird der Inzuchtanstieg gemäß Groeneveld (2010) durch die Populationsgröße und die Besamungsart (wie oft wird ein männlicher Vererber eingesetzt). Daher empfiehlt er, für jedes Zuchtprogramm auch die Zuchtstruktur zu definieren. Wichtig hierbei sind:

- angestrebte maximale Inzuchtsteigerung
- Zahl der männlichen und weiblichen Zuchttiere
- maximaler Einsatz männlicher Zuchttiere
- angestrebtes Generationsintervall

Oft werden 0,5 % als maximal tolerierbare Inzuchtsteigerung pro Generation angenommen (Gandini et al. 2004).

Absichtlich angewendet wird die Inzucht in der Landwirtschaft hauptsächlich in der Linienzucht und bei der Prüfung auf Erbfehler. Auch für die Erzeugung von möglichst einheitlichen Labortieren eignet sich die Linienzucht (Künzi & Stranzinger 1993).

5 Kennzahlen der genetischen Variabilität

Um ein Erhaltungszuchtprogramm wie beim Waldviertler Blondvieh sinnvoll durchführen zu können, ist es wichtig, die genetische Vielfalt und Zusammensetzung einer Population zu kennen.

Dazu gibt es einige wichtige Kennzahlen:

- Inzuchtkoeffizient
- effektive Anzahl der Gründertiere
- effektive Anzahl der Ahnen
- Genanteil wichtiger Ahnen
- effektive Populationsgröße
- effektive Anzahl der Gründergenome
- durchschnittliches komplettes Generationsäquivalent

Da diese Zahlen aus den vorhandenen Pedigrees berechnet und analysiert werden, hängt die Qualität der Aussage stark von der Qualität und Quantität der vorhandenen Pedigrees ab. Unvollständige oder falsche Pedigrees können die Aussage über die genetische Vielfalt empfindlich beeinflussen.

5.1 Inzuchtkoeffizient f

Der Inzuchtkoeffizient beschreibt, wie wahrscheinlich das Auftreten von Homozygotie an einem bestimmten Genort aufgrund der gleichen Abstammung bzw. der gleichen Herkunft der Gene ist (Baumung & Fürst-Waltl 2002).

Damit man den Inzuchtkoeffizienten in Zahlen fassen kann, verwendet man heute meist die von S. Wright vorgeschlagene Formel zur Berechnung des Inzuchtkoeffizienten. Siehe auch Kapitel 4.1.

5.2 Effektive Anzahl der Gründertiere f_e

Gründertiere sind jene Tiere, deren Vorfahren unbekannt sind. Die effektive Anzahl Gründertiere ist definiert als die Anzahl an Gründertieren, die bei jeweils gleichem genetischem Beitrag die gleiche genetische Diversität hervorbringen, wie sie in der aktuellen Zuchtpopulation zu finden ist. Nimmt die Anzahl der Gründertiere ab, führt dies zu ungleicher genetischer Verteilung und einer höheren Inzuchtrate in zukünftigen Generationen, da durch die Abnahme der Anzahl der Gründertiere auch die genetische Diversität der Gründertiere abnimmt (Lacy 1989).

Hat ein Individuum nur ein bekanntes Elternteil, so wird das unbekannte Elternteil als Gründertier angesehen. Durch die Vererbung haben die Gene eines Individuums eine Wahrscheinlichkeit von 50 %, von seiner Mutter abzustammen, und ebenso eine Wahrscheinlichkeit von 50 %, von seinem Vater abzustammen. Führt man diesen Gedankengang weiter, so beträgt die Wahrscheinlichkeit, dass die Gene von einem Großelternteil abstammen, je 25 %. Da es vier Großelternteile gibt, macht das in Summe 100 %. Die Wahrscheinlichkeit, dass die Gene vom Urgroßelternteil abstammen, liegt bei 12,5 %, was bei acht Urgroßelternteilen wiederum 100 % in Summe macht (Sölkner et al. 1998).

Jedes Gründerindividuum (k) wird durch die erwartete Verteilung seiner Gene im Genpool einer Population charakterisiert. Dies entspricht der Wahrscheinlichkeit, dass ein zufällig aus der Population ausgewähltes Gen vom Gründer k abstammt (Boichard et al. 1997).

Der Erhalt der genetischen Diversität von der Gründergeneration zur aktuellen Population kann durch die Balance der Gründerverteilung gemessen werden, was der effektiven Anzahl an Allelen einer Population entspricht, was wiederum durch die effektive Anzahl an Gründern oder gründerähnlichen Individuen gemessen werden kann.

Wenn jeder Gründer die gleiche erwartete Verteilung hat, so wäre die effektive Anzahl der Gründer gleich der aktuellen Anzahl der Gründer. Ist dies nicht der

Fall, so ist die effektive Anzahl der Gründer kleiner als die aktuelle Anzahl der Gründer. Je ausgeglichener die erwartete Verteilung der Gründer ist, umso höher ist die effektive Anzahl der Gründer (Boichard et al. 1997, Bijma und Woolliams 1999). Die Gründerpopulation ist somit jene Population, von der die aktuelle Population in der Studie abstammt. Flaschenhalssituationen werden nicht berücksichtigt. So kann es beispielsweise dazu kommen, dass eine Population mit tiefem Pedigree eine hohe Anzahl effektiver Gründertiere hat und durch eine Flaschenhalssituation trotzdem nur über eine geringe genetische Diversität verfügt.

Die Gesamtzahl der Gründertiere sagt nur wenig darüber aus, wie groß die genetische Basis für die heutige Population ist. Das liegt daran, dass Gründertiere als unverwandt angesehen werden, da die Eltern ja nicht bekannt sind, was jedoch oftmals nicht stimmt (Sorensen et al. 2004).

Für die Berechnung der effektiven Anzahl der Gründertiere f_e wird folgende Formel verwendet:

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

In dieser Formel entspricht k dem Gründer und q_k der Wahrscheinlichkeit der Genherkunft sowie f der Anzahl der Gründertiere. (Boichard et al. 1997)

5.3 Effektive Anzahl der Ahnen f_a

Um die effektive Anzahl an Gründern zu ergänzen, wurde die effektive Anzahl an Ahnen definiert (Boichard et al. 1997). Ahnen sind Vorfahren, die nicht unbedingt Gründertiere mit unbekannter Abstammung sein müssen. Die effektive Anzahl der Ahnen ist eine theoretische Zahl, die angibt, wie viele Tiere notwendig sind, um die genetische Variabilität der aktuellen Population zu erklären.

Potenzielle Flaschenhalssituationen werden bei der Berechnung der effektiven Anzahl an Ahnen berücksichtigt. Nicht berücksichtigt wird jedoch die

Möglichkeit der genetischen Drift. Dadurch kann es zu einer Überschätzung der effektiven Anzahl an Ahnen kommen. Die Ahnen werden je nach ihrer erwarteten genetischen Verteilung ausgewählt (Boichard et al. 1997).

Die Ermittlung der marginalen Verteilung jedes Ahnen erfolgt in einem schrittweise ablaufenden Prozess. Der wichtigste Ahne wird anhand seiner grob geschätzten genetischen Verteilung ($p_k = q_k$) gefunden. Danach werden schrittweise bis zur Runde n die n -Ahnen auf Basis der marginalen Verteilung gefunden, wobei immer gilt, dass die genetische Verteilung des Ahnen k noch nicht durch die genetische Verteilung von $n-1$ -vorherigen Ahnen erklärt worden sein darf. Die Summe aller marginalen Genanteile ist 1. Die effektive Anzahl der Ahnen mit einer positiven Verteilung ist weniger oder maximal gleich der effektiven Anzahl an Gründern (Boichard et al. 1997).

Für die effektive Anzahl der Gründer ist die genetische Verteilung der Gründer unerheblich, anders als für die effektive Anzahl der Ahnen, wo die genetische Verteilung der Nachkommen in den folgenden Generationen sehr wohl eine Rolle spielt (Sorensen et al. 2004). Dies ist auch der Grund, warum Flaschenhalssituationen durch die effektive Anzahl an Ahnen erkennbar gemacht werden können.

Gemäß Boichard et al. (1997) wird für die Berechnung der effektiven Anzahl an Ahnen f_a folgende Formel verwendet:

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

Dabei entspricht p_k dem marginalen Anteil des Ahnen und k dem Ahnen sowie f der Anzahl der Ahnen.

5.4 Effektive Populationsgröße N_e

Die effektive Populationsgröße ist definiert als Anzahl der Zuchtindividuen in einer Population.

Nach Künzi und Stranzinger (1993) hängt die Auswahl der Gene, die in kleinen Generationen selektiert werden, stark vom Zufall ab. Ein weiterer auffälliger Punkt ist, dass bei kleinen Generationen die Selektion schnell zu Homozygotie und daher zum Verlust der genetischen Variabilität führt, wodurch Selektionsgrenzen schnell erreicht sein können. Die Autoren sind weiters der Meinung, dass in kleinen Populationen der Zuchterfolg geringer ist und Selektionslimits rascher erreicht werden.

Die effektive Populationsgröße kann über die Inzuchtsteigerung von einer Generation zur nächsten mit folgender Formel berechnet werden:

$$N_e = \frac{1}{2\Delta f_i}$$

Hierbei ist mit f der Inzuchtkoeffizient gemeint. (Falconer 1984)

Da diese Analyse wie alle Berechnungen, die auf dem Inzuchtkoeffizienten basieren, sehr sensibel auf fehlende oder falsche Pedigreedaten reagiert, ist diese Zahl in starkem Maße von der Vollständigkeit und Richtigkeit der zugrunde liegenden Abstammungsdaten abhängig. Je länger ein Pedigree ist, also je mehr Vorfahrgenerationen vorhanden sind, desto eher findet man einen gemeinsamen Ahnen, was wiederum den Inzuchtkoeffizienten beeinflusst.

Weniger anfällig für unvollständige Pedigreedaten ist die Berechnung der effektiven Anzahl an Gründergenomen, die als alternative Methode verwendet werden kann und in der vorliegenden Arbeit für das Waldviertler Blondvieh auch verwendet wird.

Ein weiterer Weg, um die effektive Populationsgröße zu berechnen, ist die Verwendung folgender Formel:

$$N_e = \frac{4 * Nm * Nw}{Nm + Nw}$$

Hierbei entspricht N_m der Anzahl der männlichen Tiere in der Zuchtpopulation und N_w der Anzahl der weiblichen Tiere in der Zuchtpopulation. Im Verlauf der vorliegenden Arbeit wird auf diese Kennzahl nicht mehr eingegangen.

5.5 Effektive Anzahl der Gründergenome N_g

Die effektive Anzahl von Gründergenomen wird von Lacy (1989) auch Gründergenomäquivalent genannt. Hat jedes Gründertier zwei Gene, so ist die effektive Anzahl an Gründergenomen in der Studienpopulation die Hälfte der effektiven Anzahl der Gründergene.

Die Anzahl der Gründergenome ist jene Zahl an Tieren, die man brauchen würde, um die gleiche genetische Diversität herbeizuführen, die die Population der Studie hat. Zufällige Verluste von Gründergenomen werden bei der Anzahl der Gründergenome nicht berücksichtigt. Es ist die Anzahl von in der Wildnis gefangenen Tieren, die man brauchen würde, um dieselbe genetische Diversität zu erzeugen, wie die Studienpopulation hat (Lacy 1989).

Die effektive Anzahl an Gründertieren ist eine hypothetische Zahl an Gründertieren, die die gleiche genetische Verteilung innerhalb einer Population hervorbringt wie jene Verteilung, die in der aktuellen Population besteht. Voraussetzung ist, dass alle Gründertiere gleichen Anteil an der Population hätten. Man geht davon aus, dass jedem Gründertier zwei Allele zugewiesen werden. Dadurch gibt es die doppelte Anzahl an Allelen wie an Gründertieren. Diese Allele werden dann durch die Vererbung zufällig an die Nachkommen verteilt. Jeder Nachkomme erhält ein Allel vom Vater und eines von der Mutter.

Stellt man eine Liste mit den wichtigsten Ahnen auf, verwendet man den marginalen Genanteil, da dieser um den Genanteil vorhergehender Vorfahren, die ebenfalls wichtige Ahnen sind, bereinigt ist. Welches Allel vom Elterntier auf den Nachkommen weitergegeben wird, entscheidet der Zufall. Führt man diesen Vorgang mit allen Tieren im Pedigreedatensatz durch, so bekommt man am Ende die relativen Anteile aller Gründertiere im Genbestand der aktuellen Zuchtpopulation als Ergebnis.

Durch die unterschiedliche Vermehrung der Gründertiere sind die Anteile der Gründertiere sehr unterschiedlich in der Population verteilt. Hat ein Gründertier viele männliche Nachkommen, so hat dieses Gründertier eine höhere

Verteilungshäufigkeit. Dieser Fall tritt besonders bei Vorfahren von Besamungsstieren auf. Genanteile von Gründertieren, die nur weibliche Nachfahren haben, können komplett verloren gehen.

Berechnet wurde die Anzahl der effektiven Gründergenome (N_g) von Lacy (1989) mit folgender Formel:

$$N_g = \frac{N_a}{2} = \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{\sum_{k=1}^{2f} f_k^2}$$

In dieser Formel entspricht f der Anzahl der Gründertiere und somit $2f$ der Anzahl der Gründerallele. q_i entspricht dem relativen Anteil des Gründerallels i in der aktuellen Population. (Sölkner 1998)

Folgt man Boichard, Maignel und Verrier (1997), so kann man folgende Formel für die Berechnung der Gründerallele verwenden, die den doppelten Wert der Gründergenome haben:

$$N_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{2f} f_k^2}$$

In dieser Formel entspricht k dem Ahnen und f seinem Inzuchtkoeffizienten. Daraus kann man folgerichtig schließen, dass Folgendes zutrifft (Boichard et al. 1997):

$$N_g = \frac{N_a}{2}$$

Der genetische Verlust aufgrund von Flaschenhälsen und die genetische Drift werden bei der Berechnung der effektiven Anzahl an Gründergenomen berücksichtigt.

5.6 Durchschnittliches komplettes Generationsäquivalent g_e

Das Generationsäquivalent gibt an, in wie vielen Generationen durchschnittlich alle Tiere bekannt sind. Es entspricht der Anzahl an Generationen, die in einem

vergleichbaren kompletten Pedigree vorhanden sind. Dadurch beschreibt es die Vollständigkeit und Qualität der Pedigrees sehr gut (Baumung & Sölkner 2003).

Im weiteren Verlauf der vorliegenden Arbeit wird das durchschnittliche komplette Generationsäquivalent der Einfachheit halber auch nur Generationsäquivalent genannt.

5.7 Genanteile wichtiger Ahnen

Auch das Ausmaß der Genanteile der wichtigsten Ahnen kann als beschreibende Größe für die genetische Variabilität dienen. Das Ergebnis der Genanteile kann zur Berechnung der effektiven Anzahl von Ahnen verwendet werden. Die Ahnen können anhand ihrer Genanteile rangiert werden bzw. kann berechnet werden, wie viele wichtige Ahnen beispielsweise 50 % der genetischen Verteilung in der heutigen Population erklären.

Stellt man eine Liste mit den wichtigsten Ahnen auf, verwendet man den marginalen Genanteil, da dieser um den Genanteil vorhergehender Vorfahren, die ebenfalls wichtige Ahnen sind, bereinigt ist.

Das Computerprogramm berücksichtigt die Möglichkeit, dass die Genanteile eines wichtigen Ahnen zum Beispiel schon durch einen seiner Vorfahren erklärt werden konnten, und verhindert so, dass bestimmte Gene doppelt gezählt werden. Der Nachteil dieses Prinzips ist, dass dadurch die Genanteile im Endergebnis nicht mit dem tatsächlichen Genanteil gleichzusetzen sind (Sölkner 1998).

6 Material und Methoden

6.1 Verwendete Methoden

Um die genetische Variabilität des Waldviertler Blondviehs zu analysieren und die Inzuchtkoeffizienten zu berechnen sowie die Inzuchtdepression zu bestimmen, wurden alle verfügbaren Pedigrees der Rasse Waldviertler Blondvieh verwendet. Alle Ergebnisse sind dadurch in hohem Maße von der Qualität und Vollständigkeit der verwendeten Pedigreedateien abhängig.

6.2 Struktur der untersuchten Daten

Die Daten aus dem österreichischen Rinderdatenverbund (RDV) wurden von der ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH zur Verfügung gestellt. Über die AMA (Agrarmarketing Austria) müssen alle in Österreich lebenden Rinder registriert werden. Jedes Rind wird durch eine eigene Ohrmarkennummer eindeutig gekennzeichnet und registriert. Jeder Rinderbesitzer erhält eine Betriebsnummer. Jeder Abgang eines Rindes vom Hof, jede Geburt eines Rindes und jeder Tod muss bei der AMA gemeldet werden. Dadurch ist jedes Rind in der Datenbank seinem aktuellen Besitzer, seinem Züchter und seinen Vorbesitzern zuzuordnen. Für diese Masterarbeit wurden die Daten in codierter Form zur Verfügung gestellt, um den Datenschutz sicherzustellen.

Da kein wesentlicher Austausch mit Züchtern aus dem Ausland stattfindet, kann die Referenzpopulation als weitgehend vollständig betrachtet werden. Da die Rasse des Waldviertler Blondviehs in ihrer Historik bereits mehrmals vom Aussterben bedroht war und als nicht leistungsfähig genug erachtet wurde, reichen die Aufzeichnungen über frühere Generationen nicht sehr weit zurück. Dadurch leiden die Qualität des Pedigrees und natürlich auch die Qualität der Analysen.

Soweit vorhanden, wurden für die einzelnen Tiere folgende Informationen zur Verfügung gestellt:

- codierte Lebensnummer (= Ohrmarkennummer) des Tieres
- codierte Lebensnummer des Vaters
- codierte Lebensnummer der Mutter
- Name des Tieres
- Betriebsnummer des Besitzers
- Biobetrieb oder nicht
- Geburtsdatum
- Geschlecht
- Rassezugehörigkeit
- aktuelle Nutzungsart (Mast, Aufzucht, Milch)
- lebend oder tot,
- lebend oder tot geboren
- Kalbeverlauf
- Nummer des Kontrollassistenten
- Kontrollmethode (Bauer oder Kontrollassistent)
- Geburtsgewicht
- Lebendgewicht (mit Altersangabe)
- zuständiger Landeskontrollverband
- Fremdrassenanteil
- Fremdrasse
- Region
- Laktationszahl

Nach Einschränkung auf Tiere mit einem maximalen Fremdgenanteil von 25% waren 14.361 Tiere im Datensatz enthalten.

Die Referenzpopulation umfasst 2.474 Tiere. Nur jene Tiere, die aktuell als lebend im Datensatz aufschienen, wurden für die Referenzpopulation ausgewählt. Bei der Analyse der Referenzpopulation zeigte sich, dass dies Tiere aus den Geburtsjahren 1985 bis 2010 sind. Aus den Geburtsjahren 1986, 1988 und 1989 gibt es keine Tiere in der Referenzpopulation, aus den

Geburtsjahren 1985 und 1987 nur jeweils eines und aus den Geburtsjahren 1990 und 1991 nur jeweils zwei Tiere. Inwieweit diese Angaben tatsächlich richtig sind, ist unbekannt.

6.2.1 Der Datensatz Gewicht

Die Erhebung der Gewichtsdaten ist in Kapitel 2.2. genauer beschrieben.

Im Datensatz Gewicht ging es einerseits um das Geburtsgewicht, andererseits um das Lebendgewicht (200-Tage-Gewicht und 365-Tage-Gewicht). Bei allen drei Datensätzen wurde eine Einschränkung vorgenommen, die alle Tiere umfasste, die einen Fremdgenanteil von maximal 25 % aufwiesen.

Daten aus den Geburtsjahren vor 2001 wurden zum Jahr 2001 zusammengefasst. Dadurch scheinen in den Daten nur die Geburtsjahre 2001 bis 2010 auf, abgesehen vom Datensatz für das 365-Tage-Gewicht, wo die Daten nur bis 2009 vorhanden waren. Generell lässt sich eine Tendenz feststellen, dass in den letzten Jahren immer mehr Gewichte bestimmt wurden.

Die Tiere wurden gemäß ihrem Inzuchtkoeffizienten in Inzuchtklassen eingeteilt, wobei Klasse 1 Tiere mit einem Inzuchtkoeffizient von 0 beinhaltete. Klasse 2 umfasste Tiere mit einem Inzuchtkoeffizienten größer als 0 bis 0,05, Klasse 3 größer als 0,05 bis 0,10, Klasse 4 größer als 0,10 bis 0,15, Klasse 5 größer als 0,15 bis 0,20, Klasse 6 größer als 0,20 bis 0,25 und Klasse 7 größer als 0,25 bis 0,30.

Geburtsgewicht

Für das Geburtsgewicht waren nach der Einschränkung 2.591 Beobachtungen vorhanden. Das durchschnittliche Gewicht eines weiblichen Tieres aus diesem Datensatz lag bei 35,6 kg, das durchschnittliche Gewicht eines männlichen Tieres bei 38,3 kg.

Die Verteilung der Daten bezüglich des Geschlechts war mit 49 % männliche Tiere zu 51 % weibliche Tiere relativ ausgewogen. Circa 25 % aller Daten stammen aus dem Jahr 2009.

Die am meisten eingekreuzte Rasse ist das Kärntner Blondvieh mit 69 %, gefolgt vom Gelbvieh mit 15 % und dem Roten Höhenvieh (alte Angler) mit 13 %. Insgesamt hatten 1.652 Tiere einen Fremdgenanteil von bis zu 25 %, das sind fast 64 %.

Tab. 1: Verteilung der Tiere im Datensatz Geburtsgewicht auf Inzuchtclassen

Inzuchtklasse	Häufigkeit in %	Absolute Häufigkeit
1	20,84	540
2	56,54	1465
3	18,14	470
4	3,24	84
5	0,66	17
6	0,15	4
7	0,42	11

Tabelle 1 zeigt, dass der Großteil der Tiere (57 %) im Datensatz Geburtsgewicht der Inzuchtklasse 2 zuzuteilen war, während nur sehr wenige Tiere Inzuchtkoeffizienten über 0,20 aufwiesen.

200-Tage-Gewicht

Für das 200-Tage-Gewicht waren 1.783 Daten vorhanden. Weibliche Tiere hatten ein durchschnittliches 200-Tage-Gewicht von 205 kg, männliche Tiere lagen im Durchschnitt bei 226 kg.

47 % aller Tiere im Datensatz waren männlich, 53 % der Tiere gehörten dem weiblichen Geschlecht an. 2009 wurden 30 % aller 200-Tage-Gewichte in diesem Datensatz erhoben.

1.070 Tiere im Datensatz enthielten einen Fremdgenanteil von bis zu 25 %. Das sind 60 % der Tiere im Datensatz. Beim Fremdgenanteil herrschte das Kärntner

Blondvieh mit 66 % vor, gefolgt vom Gelbvieh mit 17 % und vom Roten Höhenvieh (alte Angler) mit 16 %.

Tab. 2: Verteilung der Tiere im Datensatz 200-Tage-Gewicht auf Inzuchtklassen

Inzuchtklasse	Häufigkeit in %	Absolute Häufigkeit
1	24	424
2	55	979
3	16	291
4	3	62
5	1	14
6	0,28	5
7	0,45	8

424 Tiere wurden der Inzuchtklasse 1 zugeteilt, wie in Tabelle 2 zu sehen ist. 979 Tiere, also 55 % konnten der Inzuchtklasse 2 zugeordnet werden. In den höheren Klassen sind hingegen nur mehr sehr wenige Beobachtungen vorhanden.

365-Tage-Gewicht

1.235 Daten waren im Datensatz 365-Tage-Gewicht zu finden. Das durchschnittliche 365-Tage-Gewicht der Tiere dieses Datensatzes betrug 382 kg für männliche Tiere und 331 kg für weibliche Tiere. 539 Daten mussten ausgeschlossen werden, da nur Daten von Tieren mit einem Fremdgenanteil von maximal 25 % akzeptiert wurden. Mit knapp 26 % war der Anteil an Daten für das 365-Tage-Gewicht im Jahr 2008 am höchsten.

Auffällig war, dass nur 32 % der Tiere (entspricht 390 Tieren) dem Geschlecht männlich zugeordnet wurden, während 68 % (845 Tiere) weiblich waren. Dies liegt vermutlich daran, dass männliche Tiere oft schon vor der zweiten Wiegung als Einsteller verkauft bzw. geschlachtet wurden, während weibliche Tiere als kommende Zuchtgeneration aufgezogen wurden.

696 Tiere von 1.235, dies entspricht circa 56 %, enthielten einen Fremdgenanteil von bis zu 25 %. 61 % dieser 696 Tiere entstammten aus

Kreuzungen mit der Rasse Kärntner Blondvieh, 19 % enthielten Gelbviehanteile und 18 % enthielten Anteile vom alten Angler (Rotes Höhenvieh). Weiters waren die Rassen Fleckvieh und Hochlandrind enthalten.

Tab. 3: Verteilung der Tiere im Datensatz 365-Tage-Gewicht auf Inzuchtklassen

Inzuchtklasse	Häufigkeit in %	Absolute Häufigkeit
1	24	297
2	52	646
3	18	225
4	4	50
5	1	11
6	0,16	2
7	0,32	4

Die Mehrheit der Tiere (52 %) konnten der Klasse 2 zugeordnet werden und 18 % der Klasse 3. Wiederum waren nur sehr wenige Beobachtungen in den Klassen mit höherer Inzucht vorhanden, wie Tabelle 3 zeigt.

6.2.2 Der Datensatz Reproduktion

Die Tiere im Datensatz Reproduktion leben in vier verschiedenen Regionen. 3.672 Tiere mit bekanntem Kalbeverlauf stammten aus Niederösterreich, das entspricht 90,44%. 381 Tiere bzw. 9,38% kamen aus Oberösterreich, sechs Tiere aus der Steiermark und eines aus Vorarlberg.

Die Tiere der Population im Datensatz Reproduktion wurden in den Jahren 1990 bis 2010 geboren. Die meisten Tiere (746 bzw. 18,37%), von denen der Kalbeverlauf und die Totgeburtenrate bekannt sind, wurden 2009 geboren. Aufgrund der wenigen Daten wurden die Jahre 1990 bis 1996 zusammengefasst und gemeinschaftlich als Jahr 1996 behandelt. Dadurch gab es 15 verschiedene Jahrgänge (1996 bis 2010).

Die Tiere im Datensatz Reproduktion hatten ein Erstkalbealter von 19 bis 45 Monaten. Die meisten Tiere (356 Tiere bzw. 12,96 %) kalbten im 28. Lebensmonat das erste Mal ab, gefolgt von den Monaten 29 (314 Tiere bzw. 11,43%) und 30 (281 Tiere bzw. 10,23%). Von 1.314 Tieren fehlte das Erstkalbealter.

Fünf verschiedene Laktationen wurden für den Kalbeverlauf gewertet, alle Laktationen über 5 wurden zu Laktation 5 gezählt, da in höheren Laktationen zu wenige Daten vorhanden waren. Alle Laktationen über 20 wurden nicht mehr berücksichtigt. In Abbildung 1 sieht man, dass etwa 21% aller Daten im Datensatz Reproduktion aus der ersten Laktation stammen, etwa 19% aus der zweiten Laktation, etwa 15% aus der dritten Laktation, etwa 13% aus der vierten Laktation und etwa 32% aus der fünften bzw. höheren Laktationen.

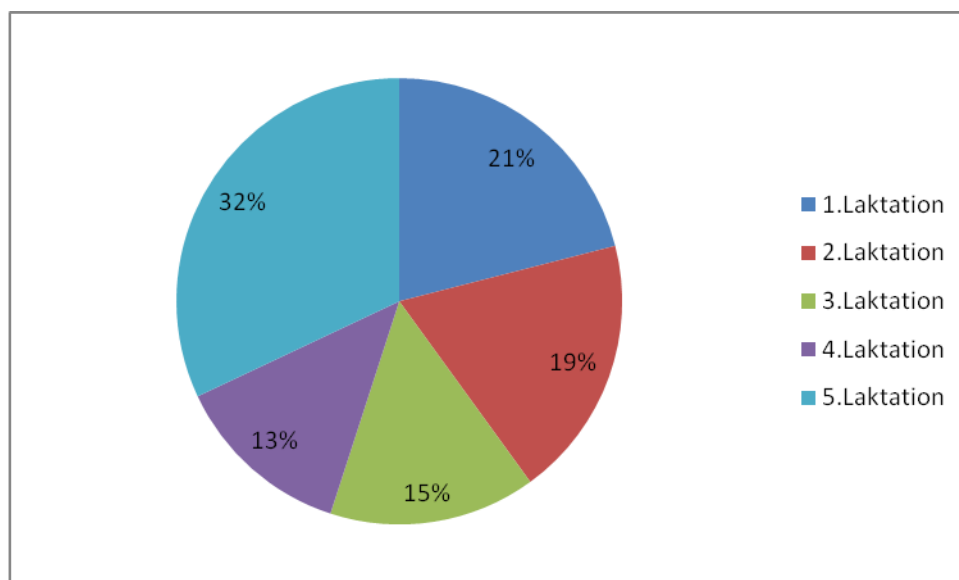


Abb. 1: Anteil der Laktationen

Nach Ausschluss der unplausiblen Datensätze (mehr als 20 Laktationen) umfasste der Datensatz 4.055 Tiere.

Etwa 64% aller im Datensatz erfassten Eingaben für das Merkmal Kalbeverlauf waren der Kalbeverlaufsklasse 1 zugehörig, etwa 33% der Klasse 2 und etwa 3% der Klasse 3, wie in Abbildung 2 zu sehen ist.

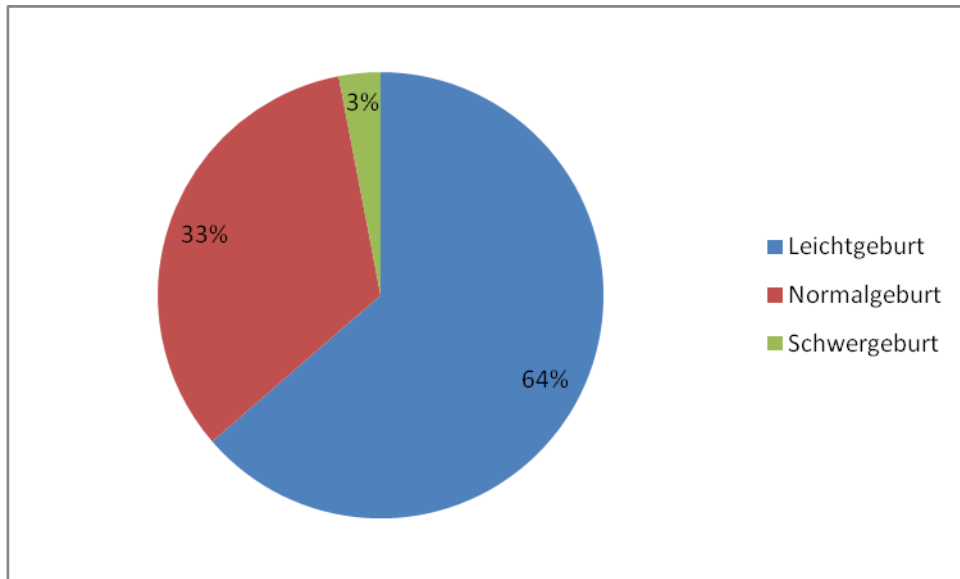


Abb. 2: Kalbeverlaufsklassen

Die Totgeburtenrate wurde als Nein/Ja- bzw. 0/1-Merkmal erfasst, wobei 0 bzw. Nein für lebend geboren und Ja bzw. 1 für tot geboren bzw. innerhalb von 48 Stunden nach der Geburt verendet steht. Etwa 3% der Tiere im Datensatz Reproduktion wurden tot geboren bzw. verendeten innerhalb von 48 Stunden nach der Geburt.

6.3 Verwendete Software

Die Aufbereitung und teilweise auch die Analyse der Daten wurde mit dem Programm SAS 9.2 (SAS 2008) durchgeführt.

Zur weiteren Analyse der Daten wurde das Programmpaket PEDIG von Boichard aus dem Jahr 2002 verwendet. PEDIG ist ein Programmpaket, das auf die Analyse von langen Pedigrees spezialisiert ist und in Fortran geschrieben wurde.

Insbesondere wurden die Kennzahlen der Diversität, also die effektive Anzahl der Gründer, die effektive Anzahl der Ahnen, die effektive Anzahl der Gründergenome, die Gesamtzahl der Gründertiere, das durchschnittliche Generationsäquivalent und die Anteile der wichtigsten Ahnen mit PEDIG

berechnet. Verwendet wurden die Programme `ped_util`, `ngen.f`, `meuw.f`, `prob_obig.f` und `segreg.f`.

`ped_util` wird verwendet, um die Tiere und deren Vorfahren auszuwählen, die von Interesse sind. Das Programm kann die Vorfahren der selektierten Tiere verfolgen. Es ist möglich, auch nur eine bestimmte Anzahl an Vorfahrgenerationen auszuwählen oder unwichtige Information aus den Pedigreedaten zu entfernen. Es codiert die selektierten Pedigreedaten neu und beginnt dabei mit der Nummer 1. Im vorliegenden Fall waren die durch die Neucodierung erstellten Nummern wesentlich kürzer und daher einfacher zu handhaben als die originalen Nummern. Außerdem ist es möglich, Geburtsdatum und/oder Geschlecht der Individuen speichern zu lassen, was dann für andere Programme benötigt wird (Boichard 2007).

`ngen.f` berechnet die durchschnittliche Anzahl der bekannten Vorfahren, die Prozentzahl an bekannten Vorfahren pro Generation und die Anzahl des kompletten Generationsäquivalents. Durchgeführt wird dieses Programm nur für Individuen, von denen mindestens ein Elternteil bekannt ist. Dieses Programm verwendet Informationen über Geschlecht und Geburtsdatum (Boichard 2007).

`meuw.f` wurde in Kombination mit dem Programm SAS verwendet, um den durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten über alle Tiere einer Population zu berechnen. Das Programm basiert auf dem Ansatz von Meuwissen und Luo (1992) (Boichard 2007).

Das Programm `prob_obig.f` berechnet die Wahrscheinlichkeit der Genherkunft für eine definierte Referenzpopulation. Auch dieses Programm verwendet Informationen über Geschlecht und Geburtsdatum, so dass es auch möglich ist, Berechnungen nur für eine durch das Geschlecht oder das Geburtsdatum definierte Gruppe abzurufen. Es berechnet die effektive Anzahl der Gründertiere, die Anzahl der Gründertiere sowie die marginalen Genanteile der wichtigsten Ahnen aus, woraus sich die effektive Anzahl der Ahnen ergibt (Boichard 2007).

`segreg.f` simuliert die Verteilung der Gründerallele in der Population, schätzt die Frequenzen der Gründergene in der definierten Referenzpopulation und liefert

als Ergebnis aus den Frequenzen die effektive Anzahl der Gründergenome (Boichard 2007).

6.4 Verwendete Modelle

In allen Modellen wurde der Inzuchtkoeffizient in Abhängigkeit vom Geschlecht getestet und anschließend wieder verworfen, da er nicht signifikant war.

Mit dem Programm SAS (SAS 2008) wurde mit der *procedure mixed* der Einfluss von Inzucht auf das Geburtsgewicht, das 200-Tage-Gewicht und das 365-Tage-Gewicht berechnet.

Geburtsgewicht

Das verwendete Modell beinhaltete den fixen Wechselwirkungseffekt Geburtsjahr * Betrieb (Geburtsjahre 2001 – 2010 bzw. 127 Betriebe), sowie die fixen Effekte Geschlecht, Geburtssaison (1= Jänner, Februar, März, 2= April, Mai, Juni, 3= Juli, August, September, 4= Oktober, November, Dezember) und den kontinuierlichen Effekt des individuellen Inzuchtkoeffizienten (linear und quadratisch). Wieder verworfen wurde der Inzuchtkoeffizient in Abhängigkeit vom Geschlecht, da dieser Effekt nicht signifikant war. Weiters wurde der zufällige Effekt der Mutter innerhalb des Betriebs berücksichtigt.

200-Tage-Gewicht

Beim 200-Tage-Gewicht wurden als fixer Wechselwirkungseffekt Geburtsjahr * Betrieb (Geburtsjahre 2001 – 2010 bzw. 133 Betriebe), sowie als weitere fixe Effekte das Geschlecht, das Alter (90 – 280 Tage) in Abhängigkeit vom Geschlecht sowie das quadratische Alter in Abhängigkeit vom Geschlecht ins

Modell genommen. Die Geburtssaison (1= Jänner, Februar, März, 2= April, Mai, Juni, 3= Juli, August, September, 4= Oktober, November, Dezember), das Geschlecht und die Kontrollmethode (SA = Kontrollassistent, SB = Bauer) sowie der Inzuchtkoeffizient in Abhängigkeit vom Geschlecht wurden als fixe Effekte wieder verworfen, da sie keinen signifikanten Einfluss hatten. Als kontinuierlicher Effekt wurde der lineare, individuelle Inzuchtkoeffizient verwendet. Der quadratische Effekt wurde aufgrund fehlender Signifikanz wieder aus dem Modell entfernt.

Ebenso wurde der zufällige Effekt der Mutter innerhalb des Betriebs berücksichtigt.

365-Tage-Gewicht

Im Modell für das 365-Tage-Gewicht wurde als fixer Wechselwirkungseffekt Geburtsjahr * Betrieb (Geburtsjahre 2001 – 2009 bzw. 114 Betriebe), sowie als fixe Effekte das Geschlecht und das Alter (281 – 500 Tage) in Abhängigkeit vom Geschlecht verwendet. Die Messmethode (SA = Kontrollassistent, SB = Bauer), das quadratische Alter in Abhängigkeit vom Geschlecht und die Geburtssaison (1= Jänner, Februar, März, 2= April, Mai, Juni, 3= Juli, August, September, 4= Oktober, November, Dezember) zeigten keinen signifikanten Einfluss und wurden daher wieder verworfen, ebenso wie der Inzuchtkoeffizient in Abhängigkeit vom Geschlecht. Kontinuierlicher Effekt war hier nur der lineare individuelle Inzuchtkoeffizient. Der quadratische Inzuchtkoeffizient wurde getestet und wieder aus dem Modell entfernt, da er nicht signifikant war.

Als zufälliger Effekt wurde der Effekt der Mutter innerhalb des Betriebes verwendet.

Kalbeverlauf

Im Modell für den Kalbeverlauf wurden der fixe Wechselwirkungseffekt Geburtsjahr * Betrieb (Geburtsjahre 1996 – 2010 bzw. 158 Betriebe) sowie die

fixen Effekte Geschlecht, die Saison (1= Jänner, Februar, März, 2= April, Mai, Juni, 3= Juli, August, September, 4= Oktober, November, Dezember), eine Kombination aus Kalbealterklasse (Erstkalbealter 19 – 45 Monate) und Kalbenummer (1 – 5) wie es auch in der Routinezuchtwertschätzung der ZAR verwendet wird (Fürst 1996), sowie der individuelle Inzuchtkoeffizient verwendet. Getestet und wieder verworfen wurden die Effekte quadratischer Inzuchtkoeffizient, der lineare und quadratische Inzuchtkoeffizient des Muttertieres sowie der lineare und quadratische Inzuchtkoeffizient des Vaters und der Inzuchtkoeffizient in Abhängigkeit vom Geschlecht.

Als zufälliger Effekt wurde der Einfluss des Tieres innerhalb des Betriebes ins Modell genommen.

Totgeburtenrate

Im Modell für die Totgeburtenrate wurden der fixe Wechselwirkungseffekt Geburtsjahr * Betrieb (Geburtsjahre 1996 – 2010 bzw. 158 Betriebe) sowie die fixen Effekte Geschlecht, die Saison (1= Jänner, Februar, März, 2= April, Mai, Juni, 3= Juli, August, September, 4= Oktober, November, Dezember), eine Kombination aus Kalbealterklasse (Erstkalbealter 19 – 45 Monate) und Kalbenummer (1 – 5) wie es auch in der Routinezuchtwertschätzung der ZAR verwendet wird (Fürst 1996), sowie der individuelle Inzuchtkoeffizient verwendet. Getestet und wieder verworfen wurden die Effekte quadratischer Inzuchtkoeffizient, der lineare und quadratische Inzuchtkoeffizient des Muttertieres sowie der lineare und quadratische Inzuchtkoeffizient des Vaters und der Inzuchtkoeffizient in Abhängigkeit vom Geschlecht.

Als zufälliger Effekt wurde der Einfluss des Tieres innerhalb des Betriebes ins Modell genommen.

7 Ergebnisse und Diskussion

Im Folgenden werden die Ergebnisse der Datenanalyse mit den Ergebnissen aus der Literatur verglichen. Die Ergebnisse müssen dabei immer unter Berücksichtigung der verwendeten Pedigreedaten gesehen werden, da diese die Qualität der Ergebnisse relevant beeinflussen.

7.1 Inzuchtkoeffizient

7.1.1 Ergebnisse

Tab. 4: Inzuchtkoeffizient des Waldviertler Blondviehs

	Referenz- population	Inzucht- koeffizient	Standard- abweichung	Höchster Inzuchtkoeffizient
Waldviertler Blondvieh	2.474 Tiere	2,70%	3,72	30,08%

Die Ergebnisse der Berechnung des Inzuchtkoeffizienten des Waldviertler Blondviehs finden sich in Tabelle 4.

Die Referenzpopulation, die alle aktuell lebenden Tiere der Rasse Waldviertler Blondvieh beinhaltet, besteht aus 2.474 Tieren. Die nachfolgenden Ergebnisse beziehen sich auf die Referenzpopulation.

Der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient beträgt 2,70 %.

Der höchste Inzuchtkoeffizient beträgt 30,08 % bei einem im Jahr 2010 geborenen weiblichen Tier, das sich momentan in Aufzucht befindet. Dies kam dadurch zustande, dass man drei Generationen vor dem Tier in der Mutterlinie Halbgeschwister väterlicherseits paarte und den Vater der Halbgeschwister, GS Wasch, als Vater des Tieres einsetzte.

50 % der Tiere weisen einen Inzuchtkoeffizient von 1,56 % oder mehr auf.

Die Standardabweichung des durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten beträgt 3,72.

7.1.2 Diskussion

Um die Ergebnisse der vorliegenden Studie mit anderen Studien zu vergleichen, müssen immer der verwendete Datensatz sowie die populationsgenetischen Hintergründe (z.B. Zuwanderung aus anderen Zuchtpopulationen) berücksichtigt werden. Unvollständige Datensätze, wie sie auch für das Waldviertler Blondvieh vorliegen, führen zwangsläufig zu verzerrten Ergebnissen. In dieser Studie wurde der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient durch die Unvollständigkeit der Daten bzw. die geringe Tiefe der Pedigrees vermutlich unterschätzt.

Inzuchtkoeffizienten anderer Rinderrassen

Tab. 5: Inzuchtkoeffizienten bei verschiedenen Rinderrassen

Inzuchtkoeffizienten bei Rindern	Geburtsjahre der Referenzpopulation	Referenzpopulation	durchschnittlicher Inzuchtkoeffizient in %
Waldviertler Blondvieh	1985 - 2010	2474	2,70
Hinterwäldler Rind ^{*1}	alle 2002 lebenden Tiere	1.294	1,20-1,30
Vorderwäldler Rind ^{*2}	alle 2003 lebenden Tiere	5.452	2,55
Tux Zillertal ^{*3}	alle damals lebenden Tiere	471	2,80
Kärntner Blondvieh ^{*3}	alle damals lebenden Tiere	230	1,00
Original Pinzgauer ^{*3}	1993 - 1997	9.760	2,10
Simmentaler ^{*4}	1988 - 1993	293198	0,38
Pinzgauer ^{*4}	1988 - 1993	19.644	1,20
Braunvieh ^{*4}	1988 - 1993	90.484	0,82
Grauvieh ^{*4}	1988 - 1993	4.521	1,97
Costeno con Cuernos ^{*5}	2000 - 2004	2.339	1,30
Sanmartinero ^{*5}	2000 - 2004	3.610	1,40
Blanco Orejinegro ^{*5}	2000 - 2004	1.625	0,50
Romosinuano ^{*5}	2000 - 2004	4.844	3,10

^{*1} Biedermann et al. (2003)

^{*2} Biedermann et al. (2004)

^{*3} Baumung und Sölkner (2003)

^{*4} Sölkner et al (1998)

^{*5} Martínez et al. (2007)

Biedermann et al. (2003) analysierten beim Hinterwäldler Rind einen Inzuchtkoeffizienten von 1,2–1,3 % (siehe Tabelle 5), der unter dem Wert liegt, der für das Waldviertler Blondvieh geschätzt wurde ($f = 2,7 \%$). 37 % der Bullen, 53 % der Milchkühe und 74 % der Mutterkühe wiesen keine Inzucht auf. Die Autoren sehen aufgrund dieser Werte keine akuten Gefahren seitens der Inzucht für diese Population.

Die Struktur der Population des Vorderwäldler Rindes untersuchten Biedermann et al. (2004). Hier schätzten sie Inzuchtkoeffizienten von 2,7 % bei den Bullen und 2,4 % bei den Kühen. 28,6 % der Bullen und 36,6 % der Kühe waren nicht

ingezüchtet. In der letzten Generation der Gesamtpopulation schätzten sie eine Inzuchtrate von 0,9 %, was die Autoren dazu veranlasste, den Einsatz eines gezielten Paarungsprogramms in der Zukunft zu empfehlen.

Da das Hinterwälder (Biedermann et al. 2003) und das Vorderwälder Rind (Biedermann et al. 2004) ebenfalls sehr kleine Rassen sind, können die Ergebnisse in etwa mit denen des Waldviertler Blondviehs verglichen werden. Der Inzuchtkoeffizient des Vorderwälder Rindes ist in etwa gleich hoch wie der des Waldviertler Blondviehs. Das von den Autoren empfohlene Paarungsprogramm wird beim Waldviertler Blondvieh bereits in Form der Anpaarungsempfehlungen, bei dem nahe Verwandtenpaarungen vermieden werden und der Inzuchtkoeffizient des Kalbes unter 6% gehalten werden soll, durchgeführt.

Baumung und Sölkner (2002a) analysierten die Pedigrees der österreichischen Rinderrassen Tux-Zillertal, Kärntner Blondvieh und Original Pinzgauer. Sie schätzten einen durchschnittlichen Inzuchtkoeffizient von 2,1% für das Original Pinzgauer Rind, 2,8 % für das Tux-Zillertaler Rind, sowie knapp 1 % für das Kärntner Blondvieh. Alle drei Rassen haben eine relativ geringe Populationsgröße. Mit 9.706 Tieren in der Referenzpopulation des Original Pinzgauers ist diese etwa dreimal größer als die Referenzpopulation des Waldviertler Blondviehs. Tux-Zillertal und Kärntner Blondvieh haben weit kleinere Referenzpopulationen. Mit knapp 1 % liegt der Inzuchtkoeffizient des Kärntner Blondviehs deutlich unter dem Inzuchtkoeffizient von 2,7 % beim Waldviertler Blondvieh (siehe auch Tabelle 5).

Sölkner et al. (1998) analysierten die Pedigrees der österreichischen Rinderrassen Fleckvieh, Pinzgauer, Braunvieh und Grauvieh. Das Fleckvieh ist mit dem Waldviertler Blondvieh kaum zu vergleichen, da die Referenzpopulation mit 293.198 Tieren wesentlich größer ist. Hinzu kommt, dass beim Fleckvieh im Gegensatz zum Waldviertler Blondvieh immer wieder Tiere aus anderen Populationen importiert wurden, von denen dann meist nur zwei Ahnengenerationen verfügbar waren, was auch die genetische Diversität erhöht und den sehr niedrigen Inzuchtkoeffizient von 0,38 % erklärt.

Beim Braunvieh verhält sich die Sachlage ähnlich. Die Referenzpopulation von 90.484 Tieren ist deutlich größer als die des Waldviertler Blondviehs und der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient durch Importe mit 0,82 % deutlich geringer. Die Datengrundlage für das Pinzgauer Rind war mit 19.644 Tieren in der Referenzpopulation in dieser Studie deutlich höher als die Datengrundlage für das Waldviertler Blondvieh. Das Grauvieh ist mit 4.521 Tieren in der Referenzpopulation einigermaßen vergleichbar mit dem Waldviertler Blondvieh und auch der Inzuchtkoeffizient ist mit 1,97 % ähnlich. Die Anzahl der ingezüchteten Tiere war beim Simmentaler mit 38 % am niedrigsten und beim Grauvieh mit 94 % am höchsten.

Gemäß Fürst & Fürst-Waltl (2009) stiegen die Inzuchtkoeffizienten der fünf größten Rassen in Österreich (Fleckvieh, Braunvieh, Holstein, Grauvieh, Pinzgauer) in den letzten Jahren fast linear an. 2007 erreicht das Braunvieh einen Höchstwert von ca. 4 %. Der Inzuchtkoeffizient der gefährdeten Rassen stabilisierte sich hingegen. So erreichte das Waldviertler Blondvieh 2007 einen Wert von etwa 4 %, während das Tuxer Rind 2007 einen traurigen Rekord von etwa 5 % hielt. Das Kärntner Blondvieh stand zu dieser Zeit bei 2,5 % und das Murbodner Rind bei etwa 1,7 %.

Fürst-Waltl (1998) interpretierte die Ergebnisse der Studie zur Analyse der genetischen Variabilität von Sölkner et al. (1998) für das Seminar des genetischen Ausschusses der ZAR. Der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient der fünf größten österreichischen Rinderrassen Braunvieh, Grauvieh, Pinzgauer, Fleckvieh (= Simmentaler) und Holstein-Friesian (= Holstein oder Schwarzbunte) lag zwischen 0,38 % und 1,87 % (siehe Tabelle 5). Der Inzuchtkoeffizient der Schwarzbunten muss jedoch mit Vorbehalt interpretiert werden, da bei Importen aus dem Ausland die Abstammungsdaten nur von zwei Generationen mitgenommen wurden. Und gerade die österreichische Population von Schwarzbunten enthält viele Importiere. Der maximale Inzuchtwert wurde bei einem Fleckvieh-Tier gefunden und beträgt 38,3 %. Die durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten der fünf Rassen bewertet Fürst-Waltl dennoch als eher niedrig, was bedeutet, dass enge Inzucht durch gezielte Vermeidung enger Verwandtenpaarungen vermieden wird.

Der Inzuchtkoeffizient des Waldviertler Blondviehs liegt trotz der geringen Datenmenge und der unvollständigen Pedigrees deutlich über den von Fürst-Waltl (1998) geschätzten Werten, woraus geschlossen werden kann, dass enge Paarungen beim Waldviertler Blondvieh bereits vorkamen und von den Züchtern dringendst vermieden werden sollten.

Der Inzuchtkoeffizient von vier kolumbianischen Rinderrassen wurde von Martínez et al. (2008) analysiert. Die Autoren kamen auf Inzuchtkoeffizienten von 1,3 %, 1,4 %, 0,5 % und 3,1 % innerhalb der Referenzpopulation der Rassen Costeño con Cuernos, Sanmartinero, Blanco Orejinegro und Romosinuano (siehe auch Tabelle 5). Abgesehen vom Romosinuano liegen die Inzuchtkoeffizienten unter dem für das Waldviertler Blondvieh berechneten Inzuchtkoeffizienten. Die Autoren führen ihre Ergebnisse ebenfalls darauf zurück, dass die Qualität der verwendeten Pedigrees nicht besonders gut ist. Beim Romosinuano waren vollständigere Pedigrees vorhanden, was auch den höheren Inzuchtkoeffizient erklärt.

Inzuchtkoeffizienten von Ziegenrassen

Tab. 6: Inzuchtkoeffizient bei Ziegen

Ziegenrasse	Inzuchtkoeffizient (in %)
Tauernschecken-Ziege ¹	5,10
Markhor ²	18,00

¹ Wokac (2003)

² Hunt (2009)

Der Inzuchtkoeffizient wurde bereits bei vielen Tierarten und -rassen ermittelt, unter anderem auch bei der österreichischen Tauernschecken-Ziege, die wie das Waldviertler Blondvieh im Generhaltungsprogramm ist. Dargestellt werden die Inzuchtkoeffizienten bei Ziegenrassen in Tabelle 6.

1.749 Tiere aus den Geburtsjahren 1962 bis 2002 wurden in der Studie berücksichtigt. Im Jahre 2002 lag der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient bei 5,9%. In den vergangenen 40 Jahren erreichte der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient maximal 7,6 %, und zwar im Jahre 1978, stieg aber nie über die 10 %-Grenze (Wokac 2003). Im Durchschnitt der letzten 40 Jahre betrug der Inzuchtkoeffizient auf fünf Generationen gerechnet 5,1 %, was deutlich höher ist als der Inzuchtkoeffizient des Waldviertler Blondviehs.

Hunt (2009) schätzte den durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten der Markhor-Ziege auf 18 %, 24,3 % der Tiere im Datensatz Markhor wiesen keine Inzucht auf. Dieser Inzuchtkoeffizient ist sehr hoch, da die Rasse stark gefährdet ist und nur mehr wenige Tiere in der Zuchtpopulation vorhanden sind.

Inzuchtkoeffizienten von Pferderassen

Tab. 7: Inzuchtkoeffizienten bei Pferden

Pferderassen	Inzuchtkoeffizient (in %)
Lipizzaner ¹	10,80
Noriker ²	5,00
Shagya-Araber ³	3,20
Haflinger ⁴	4,10
Paint Horse ⁵	0,49

¹ Zechner et al. (2002)

² Druml (2006)

³ Glaeser (2008)

⁴ Preinerstorfer (2009)

⁵ Siderits (2011)

Der direkte Vergleich von Inzuchtkoeffizienten bei Rinder- und Pferderassen ist schwierig, da bei den meisten Pferderassen viel mehr Wert auf vollständige Pedigrees bzw. bekannte Abstammungen gelegt wurde und daher meist sehr

vollständige Pedigrees vorhanden sind. Ein Extrembeispiel hierfür ist der Lipizzaner (siehe auch Tabelle 7).

Der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient beim Lipizzaner wurde von Zechner et al. (2002) auf 10,8 % geschätzt. Der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient der einzelnen Individuen variierte in dieser Studie von 8,6 % bis 14,4 %. Für die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten wurden die Tiere der letzten zehn Generationen ausgewählt. Die Autoren machen für den relativ hohen Inzuchtkoeffizienten die gute Qualität und Vollständigkeit der Pedigrees verantwortlich. Aufgrund der sehr unterschiedlichen Qualität der zugrunde liegenden Pedigrees sind diese Daten mit den Ergebnissen des Waldviertler Blondviehs kaum vergleichbar.

Druml (2006) schätzte unter anderem den Inzuchtkoeffizienten der Zuchtpopulation des Norikers. Er schätzte einen durchschnittlichen Inzuchtkoeffizient von 5 %, der deutlich über dem Inzuchtkoeffizient des Waldviertler Blondviehs ($f = 2,7 \%$) liegt.

Glaeser (2008) beschäftigte sich mit der Pedigreeanalyse beim Shagya-Araber in Österreich. Für die Referenzpopulation der in den Jahren 2000 bis 2006 geborenen Tiere schätzte sie den durchschnittlichen Inzuchtkoeffizient auf 3,2 %.

Preinerstorfer (2009) untersuchte die Datenstruktur des österreichischen Haflingers. Der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient der gesamten aktuellen Haflingerpopulation Österreichs beträgt 4,1 % und liegt mit diesem Wert über dem Inzuchtkoeffizient des Waldviertler Blondviehs ($f = 2,7 \%$). Das weibliche Tier „Melanie“ hatte mit 28,5 % den höchsten Inzuchtkoeffizienten und liegt damit sehr nahe beim Tier mit dem höchsten Inzuchtkoeffizienten (30,1 %) in der Population des Waldviertler Blondviehs.

Siderits (2011) analysierte die Pedigrees der deutschen Paint-Horse-Population. Für die Referenzpopulation 2 vervollständigte sie die Pedigrees von 1.661 Tieren. In dieser Referenzpopulation betrug der Inzuchtkoeffizient 0,49 %. Er liegt damit deutlich unter dem Wert von 2,7 %, der für das Waldviertler Blondvieh bestimmt werden konnte. Siderits (2011) weist darauf hin, dass mit

der Vollständigkeit der Pedigrees auch der Inzuchtkoeffizient steigt. Dies ist ein Hinweis dafür, dass der Inzuchtkoeffizient beim Waldviertler Blondvieh durch die Unvollständigkeit der verwendeten Pedigreedaten in dieser Studie unterschätzt werden könnte.

Inzuchtkoeffizienten von Schweinerassen

Tab. 8: Inzuchtkoeffizient bei Schweinen (nach Köck, 2008)

Schweinerassen	Inzuchtkoeffizient (in %)
Edelschwein	1,55
Landrasse	1,17

Schweine haben ein wesentlich kürzeres Generationsintervall als Rinder und aufgrund ihrer zahlreichen Nachkommen ist es auch einfacher, an gute Pedigreedaten zu kommen. Unter diesen Aspekten sollte der folgende Vergleich der Ergebnisse der Schweinerassen mit den Ergebnissen der vorliegenden Arbeit interpretiert werden.

Köck (2008) beschrieb die Inzuchtdepression für Fruchtbarkeitsmerkmale bei Edelschwein und Landrasse, die in Tabelle 8 dargestellt sind. Für die Referenzpopulation der Geburtsjahrgänge 2003-2006 (11.982 Tiere der Rasse Edelschwein, 5.472 Tiere der Landrasse) lagen die durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten bei 1,55 % für die Edelschweine und 1,17 % für Tiere der Landrasse und sind daher geringer als der Inzuchtkoeffizient des Waldviertler Blondviehs. Der Grund ist wahrscheinlich in der größeren Schweinepopulation und der höheren genetischen Diversität zu suchen.

Der maximale Inzuchtkoeffizient der Edelschweine betrug 31,16 %, die Tiere der Landrasse kamen auf einen maximalen Inzuchtkoeffizient von 26,10 %. Dies entspricht den maximalen Werten beim Waldviertler Blondvieh.

7.2 Inzuchtdepression

7.2.1 Ergebnisse

Nachfolgend werden die Ergebnisse für den Einfluss von Inzucht auf die Gewichtsmerkmale Geburtsgewicht, 200-Tage-Gewicht und 365-Tage-Gewicht sowie auf die Totgeburtenrate und auf den Kalbeverlauf beschrieben. Tabelle 9 stellt dar, welche der getesteten Effekte für die einzelnen Merkmale signifikant waren.

Tab. 9: Übersicht über die Signifikanz getesteter Effekte innerhalb der Modelle für die einzelnen Merkmale

	Geburts- jahr	Betrieb* Geburts- jahr	Geschlecht	Alter (Ge- schlecht)	Alter*Alter (Geschlecht)	Saison	Betriebs- nummer	Kontroll- methode	Inzucht- koeffizient	Quadratischer Inzuchtkoeffizient	EKALAKT * ¹	f (Ge- schlecht) * ²
Geburts- gewicht	n.s.	**	**	n.s.	n.s.	n.s.	**	n.s.	**	*	n.g.	n.s.
200- Tage- Gewicht	n.s.	**	n.s.	**	n.s.	n.s.	**	n.s.	**	n.s.	n.g.	n.s.
365- Tage- Gewicht	n.s.	**	n.s.	**	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	**	n.s.	n.g.	n.s.
Kalbe- verlauf	n.s.	**	**	n.s.	n.s.	**	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	*	n.s.
Totge- burten- rate	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.

** = $P < 0,001$

* = $P < 0,05$

n.s. = nicht signifikant

n.g. = nicht getestet

*¹ Kombination aus Kalbealterklasse und Laktationszahl (in Anlehnung an Routinezuchtwertschätzung der ZAR, Fürst 1996)

*² Inzuchtkoeffizient innerhalb des Geschlechts

7.2.1.1 Einfluss von Inzucht auf Gewichtsmerkmale

Inzuchtdepression beim Merkmal Geburtsgewicht

Auf das Geburtsgewicht hatten das Geschlecht und der Inzuchtkoeffizient des Individuums hoch signifikanten ($P < 0,0001$) und der quadratische Inzuchtkoeffizient des Individuums signifikanten Einfluss ($P < 0,05$). Die Saison war nicht signifikant ($P > 0,05$), wie auch in Tabelle 9 zu sehen ist. Der Wechselwirkungseffekt Betrieb*Geburtsjahr erwies sich als hoch signifikant.

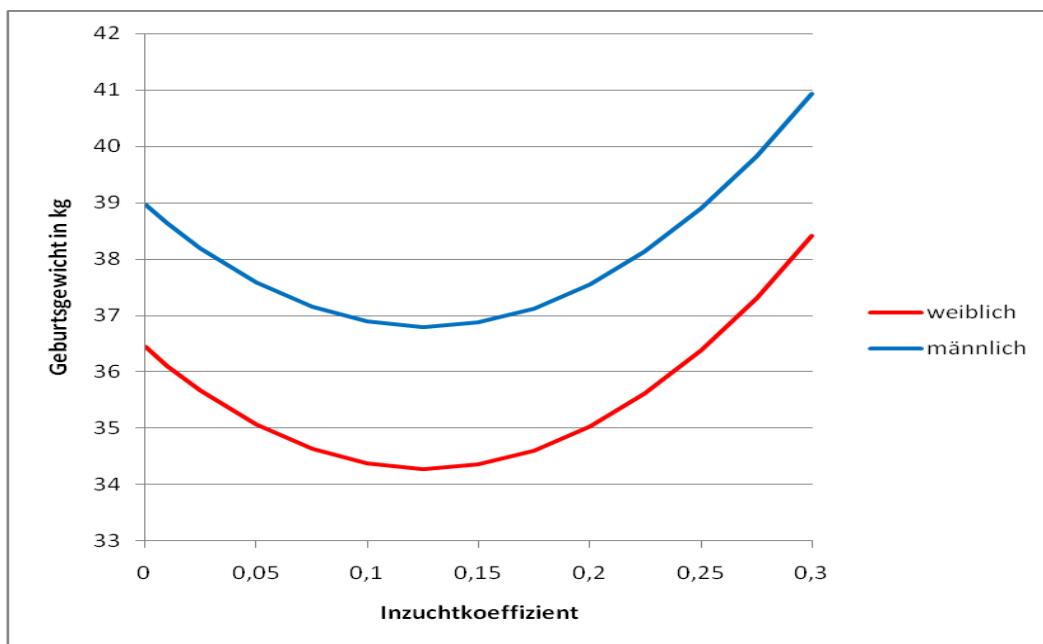


Abb. 3: Entwicklung des Geburtsgewichts

Abbildung 3 zeigt, wie sich das Geburtsgewicht eines durchschnittlichen weiblichen bzw. männlichen Tieres entwickelt, wenn der Inzuchtkoeffizient steigt. Hat ein Tier egal welchen Geschlechts einen Inzuchtkoeffizient von 10 %, so hat es gegenüber einem Tier mit einem Inzuchtkoeffizient von 0 % ein um etwa 2,1kg verringertes Geburtsgewicht. Da auch der quadratische Inzuchtkoeffizient signifikant ist, ergibt sich im Diagramm eine Kurve. Der Anstieg der Kurve zum Ende hin wird durch die geringe Anzahl der Tiere mit höheren Inzuchtkoeffizienten verzerrt. Nur knapp 0,4% der Beobachtungen

konnten einem Inzuchtkoeffizienten über 25 % zugeordnet werden, während 57% der Tiere einen Inzuchtkoeffizienten größer als 0 % und kleiner als 5 % haben.

Inzuchtdepression beim Merkmal 200-Tage-Gewicht

Beim Merkmal 200-Tage-Gewicht waren das Alter in Abhängigkeit vom Geschlecht und Betriebsnummer * Geburtsjahr hoch signifikant beeinflussend auf das Lebendgewicht im Alter von 90 bis 280 Tagen. Der Inzuchtkoeffizient war mit einem $P < 0,001$ signifikant. Das Geschlecht selbst war nicht signifikant, ebenso wenig wie das quadratische Alter in Abhängigkeit vom Geschlecht.

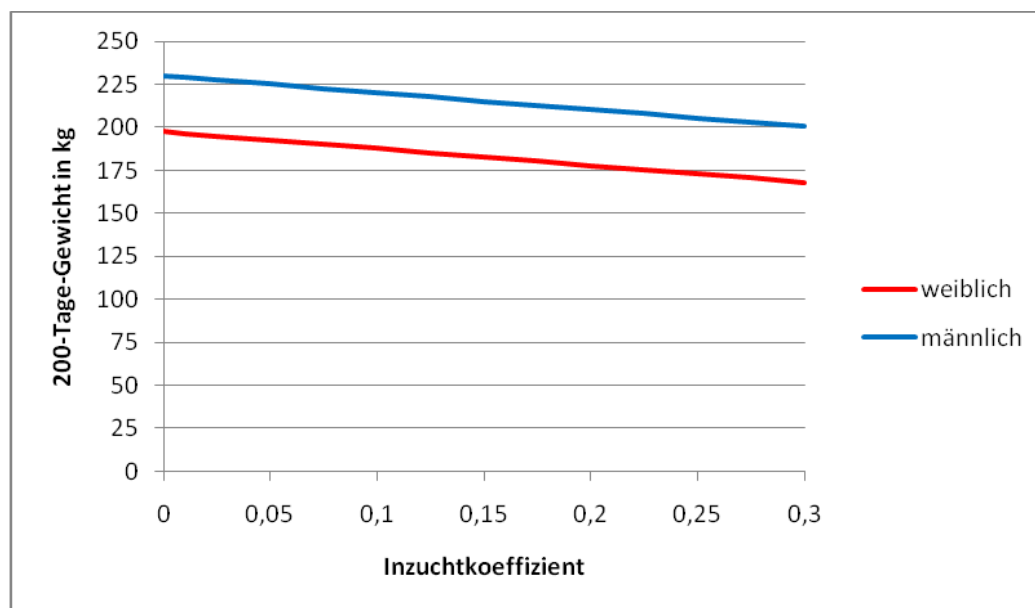


Abb. 4: Entwicklung des 200-Tage-Gewichts

In Abbildung 4 sieht man, dass mit steigendem Inzuchtkoeffizienten das Lebendgewicht laufend sinkt. Ein durchschnittliches weibliches Tier, das 200 Tage alt ist, hat bei einem Inzuchtkoeffizient von 5 % ein Gewicht von ca. 193 kg. Ein männliches Tier im Alter von 200 Tagen hat ca. 225 kg. Steigt der Inzuchtkoeffizient um einen Prozentpunkt, so hat das Tier durchschnittlich 0,98 kg weniger. Steigt der Inzuchtkoeffizient um 5 Prozentpunkte, so vermindert

sich das Gewicht bereits um 4,9 kg. Es konnten nur knapp 0,5 % der Beobachtungen der Inzuchtklassen über 25 % zugeordnet werden.

Inzuchtdepression beim Merkmal 365-Tage-Gewicht

Als hoch signifikant erwiesen sich beim 365-Tage-Gewicht die Effekte Betrieb* Geburtsjahr, das Alter in Abhängigkeit vom Geschlecht und der lineare Inzuchtkoeffizient. Das Geschlecht wies signifikanten Einfluss auf (siehe auch Tabelle 9).

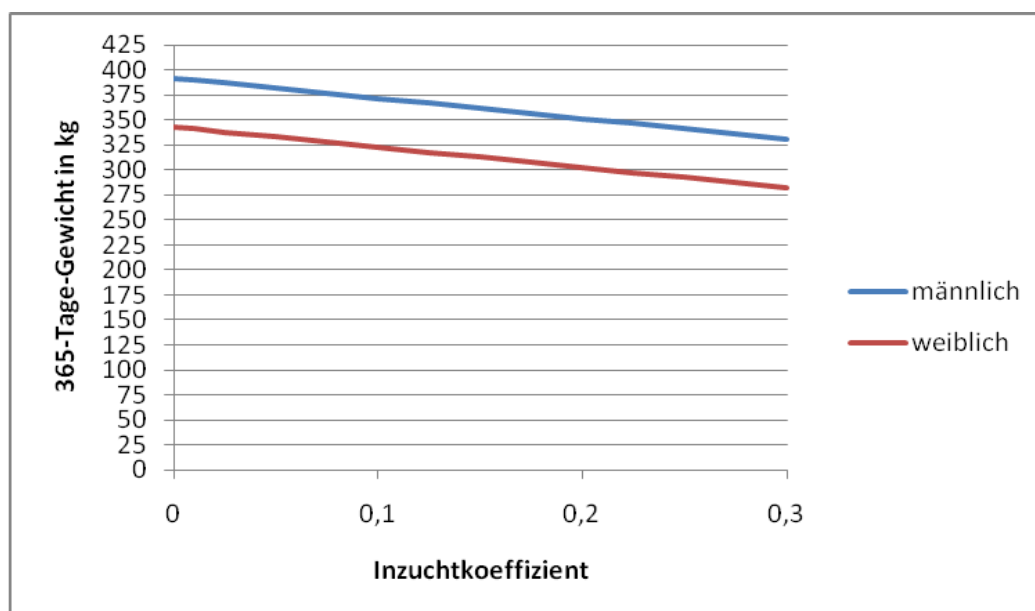


Abb. 5: Entwicklung des 365-Tage-Gewichts

Abbildung 5 zeigt, dass ein durchschnittliches weibliches Tier dieser Population mit einem Alter von 365 Tagen und einem Inzuchtkoeffizient von 5 % 333 kg und ein durchschnittliches männliches Tier mit einem Inzuchtkoeffizient von 5 % 382 kg hat. Wie auch beim Lebendgewicht im Alter von 200 Tagen fällt hier das Lebendgewicht im Alter von 365 Tagen mit steigendem Inzuchtkoeffizienten. Nimmt der Inzuchtkoeffizient um 5 Prozentpunkte zu, so hat das Tier bereits ein um 10 kg geringeres Lebendgewicht. Hier wird der Einfluss der gestiegenen Inzucht besonders deutlich. Ungefähr 0,5% der Beobachtungen zum 365-Tage-Gewicht konnten einem Inzuchtkoeffizienten über 20 % zugeordnet werden.

7.2.1.2 Einfluss von Inzucht auf die funktionalen Merkmale

Inzuchtdepression beim Merkmal Kalbeverlauf

Hoch signifikanten Einfluss auf den Kalbeverlauf hatten die Merkmale Betrieb * Jahr, Geschlecht und Saison, wie auch Tabelle 9 zeigt. Die Kombination aus Erstkalbealter und Laktationszahl hatte signifikanten Einfluss. Der Inzuchtkoeffizient des Kalbes zeigte keinen Einfluss.

Inzuchtdepression beim Merkmal Totgeburtenrate

Es konnte kein Einfluss festgestellt werden, weder ein Einfluss der Inzuchtkoeffizienten, des Wechselwirkungseffektes von Betrieb*Jahr, des Geschlechts, der Laktation in Kombination mit dem Erstkalbealter oder Saison bzw. noch des Inzuchtkoeffizienten des Kalbes (siehe auch Tabelle 9). Zu sehen war jedoch ein Trend, der zeigt, dass gesteigerte Inzucht mit erhöhter Totgeburtenrate einhergeht.

7.2.2 Diskussion

Inzuchtdepression bei Rindern

Mc Parland et al. (2007) untersuchten bei der irischen Population der Fleischrinderrassen Charolais, Limousin, Simmental, Hereford und Angus, wie Inzucht die Qualität des Schlachtkörpers, die Wachstumsrate und die Abkalbung beeinflusst.

Die Autoren fanden heraus, dass ingezüchtete Tiere ein geringeres Schlachtgewicht und einen geringeren Fettanteil im Fleisch hatten. Die

Inzuchteffekte waren bei den britischen Fleischrassen deutlicher ausgeprägt. Bei einem Inzuchtanstieg von 1 % reichten die Effekte auf das Schlachtgewicht von – 0,87 kg beim Charolais bis zu – 1,90 kg beim Hereford. Auch beim Waldviertler Blondvieh konnten Gewichtsverluste durch gesteigerte Inzucht gefunden werden. Die ingezüchteten Tiere in der Studie von Mc Parland et al. (2007) waren kleiner und schmaler mit schlechterer Muskelentwicklung.

Der Inzuchtkoeffizient des Kalbs beeinträchtigte in der Studie von Mc Parland, et al. (2007) signifikant die perinatale Sterblichkeit bei Charolais, Simmental und Hereford. Die Effekte hingen von der Kalbezahl der Mutter und dem Geschlecht des Kalbes ab, aber sie waren signifikant und ungünstig. Der Inzuchtkoeffizient des Muttertieres beeinflusste signifikant die perinatale Sterblichkeit bei Limousin und Hereford. Die Effekte unterschieden sich in Bezug auf die Kalbezahl der Mutter bei Limousin. Ingezüchtete erstkalbende Angus-Kühe zeigten eine höhere Häufigkeit bei Schweregeburten. In der vorliegenden Studie zum Waldviertler Blondvieh konnte keine Signifikanz von Inzucht in Bezug auf die Totgeburtenrate gefunden werden.

Die Konsequenzen der über lange Zeit durchgeführten Inzucht in Bezug auf die Zeit vor dem Absetzen in einer geschlossenen Angus Nukleus-Population wurden von Carrillo und Siewerdt (2010) untersucht. Die untersuchte Population wurde bereits 70 Jahre lang als geschlossene Population geführt. Die durchschnittlichen individuellen und maternalen Inzuchtkoeffizienten waren 0,068 und 0,066. Die Autoren verwendeten neben weiteren Modellen auch ein quadratisches und ein lineares. Beim linearen Modell war unter anderem der Einfluss der individuellen Inzucht sowie der maternalen Inzucht auf das Geburtsgewicht, das Absetzgewicht, das 200-Tage-Gewicht und die durchschnittliche Tageszunahme signifikant ($P < 0,01$). Beim Waldviertler Blondvieh war jeweils nur die individuelle Inzucht hoch signifikant in Bezug auf das Geburtsgewicht, das 200-Tage-Gewicht und das 365-Tage-Gewicht. Die Auswirkungen der maternalen Inzucht beim Angus waren kleiner als die Effekte der individuellen Inzucht in Bezug auf Geburtsgewicht, Absetzgewicht, 200-Tage-Gewicht und durchschnittliche Tageszunahme. Beim quadratischen Modell erwiesen sich nur das Absetzgewicht und die Tageszunahme als von der individuellen Inzucht hoch signifikant beeinflusst ($P < 0,01$). Der Einfluss der

maternalen Inzucht auf das Geburtsgewicht und das 200-Tage-Gewicht war signifikant ($P < 0,05$). Beim Waldviertler Blondvieh konnte nur beim Geburtsgewicht der quadratische Effekt der individuellen Inzucht als hoch signifikant gewertet werden.

Bereits in den 50ern gab es Untersuchungen und Studien, die das Ziel verfolgten, die Auswirkungen der Inzucht auf Wachstum und Entwicklung von Fleischrindern zu erforschen. Bei 860 reinrassig gezüchteten Rindern der Rasse Hereford wurde ab 1952 von Dinkel et al. (1968) eine derartige Untersuchung vorgenommen. Der quadratische Effekt der Inzucht des Kalbes war hoch signifikant in Bezug auf die Körperkonformation der männlichen Tiere zum Zeitpunkt des Absetzens und signifikant in Bezug auf das Absetzgewicht der männlichen Tiere. Die linearen Effekte waren, wenn sie alleine geschätzt wurden, hoch signifikant für die Körperkonformation beim Absetzen und signifikant für das Absetzgewicht. Bei der Inzucht der Mutter konnte keine Signifikanz gefunden werden. Die quadratischen Inzuchteffekte der Mutter waren signifikant in Bezug auf das Absetzgewicht und das Endgewicht mit 196 Tagen der weiblichen Nachkommen und hochsignifikant in Bezug auf das Absetzgewicht. Stieg der Inzuchtkoeffizient um 1 %, so stieg das Endgewicht um 0,08 kg. Die Kombination der linearen und quadratischen Inzucht des Kalbes war ebenfalls hoch signifikant in Bezug auf das Endgewicht und auch auf die Körperkonformation. Der lineare Inzuchteffekt der Mutter in Bezug auf das Endgewicht bei weiblichen Tieren war ebenfalls signifikant. Bei einem Inzuchtanstieg der Mutter um 1 % hatte das weibliche Kalb ein um 2,65 kg höheres Endgewicht. Stieg die lineare Inzucht des Kalbes um 1 %, so war das Kalb im Durchschnitt um 0,21 kg schwerer, bei der quadratischen Inzucht war das Kalb um 0,02 kg im Endgewicht leichter. Die Autoren kamen zu dem Ergebnis, dass Inzuchtdepression eher das Gewicht als die Körperkonformation betrifft und sich ernsthafte Inzuchtdepression bei weiblichen Tieren nach dem Absetzzeitpunkt relativiert.

González-Recio et al. (2007) beschäftigten sich ebenfalls mit der Inzuchtdepression bei Rindern. Das komplette Pedigree beinhaltete 564.317 Tiere. Aus wirtschaftlicher Sicht kommt bei Milchkühen den Merkmalen Fruchtbarkeit und Kalbeverlauf eine hohe ökonomische Bedeutung zu. Hier

besteht ein Unterschied zu Fleischrindern wie dem Waldviertler Blondvieh, aber es gibt auch einige Gemeinsamkeiten. Auch beim Fleischrind sind gute Fruchtbarkeits- und Reproduktionsleistungen sehr wichtig, aber eben auch die Gewichtsentwicklung des zukünftigen Schlachtproduktes.

Der maximale Inzuchtkoeffizient lag bei 39 %. Der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient lag bei 3 %. Um die Auswirkungen von Inzucht auf die Fruchtbarkeit zu testen, wurden die Tiere gemäß ihrem Inzuchtkoeffizient in fünf Klassen eingeteilt. Die erste Klasse beinhaltete Kühe mit einem Inzuchtkoeffizienten unter 3,125 % und die dritte Klasse beinhaltete Tiere mit einem Inzuchtkoeffizienten von 6,25 % bis 12,5 %. Beim Waldviertler Blondvieh wäre eine Einteilung in Klassen in der vorliegenden Studie nicht möglich gewesen, da zu wenige Daten zur Verfügung stehen. González-Recio et al. (2007) kamen zu dem Ergebnis, dass vermehrt ingezüchtete Kühe eine verringerte Fruchtbarkeit zeigten und dazu tendierten, mehr Probleme beim Abkalben zu haben. Bei einem Inzuchtkoeffizient von 6,25 % bis 12,5 % war kein vermehrtes Auftreten von Schweregeburten nachzuweisen. Die Inzuchtdepression trat stärker bei Kühen mit einem Inzuchtkoeffizient über 12,5 % auf. Bei Kühen mit einem Inzuchtkoeffizient von über 25 % wurde ein erhöhtes Vorkommen an Schweregeburten (um 1,67 %) gegenüber nur leicht oder gar nicht ingezüchteten Tieren nachgewiesen. Obwohl keine Signifikanz nachgewiesen werden konnte, vermuten die Autoren, dass vermehrte Inzucht mit Problemen beim Abkalben einhergeht. Auch sind die Autoren der Auffassung, dass mit der Berechnung des traditionellen Inzuchtkoeffizienten wahrscheinlich die Beeinträchtigung der Reproduktionsleistung unterschätzt wird. Beim Waldviertler Blondvieh konnte eine erhöhte Totgeburtenrate nicht nachgewiesen werden. Die Autoren González-Recio et al. (2007) schlossen aus den Ergebnissen, dass es besser ist, Paarungen von nahen Verwandten zu vermeiden, da aus solchen Paarungen finanzielle Einbußen aufgrund der verminderten Fruchtbarkeit für den Farmer entstehen können, was auch für das Waldviertler Blondvieh gilt.

Inzuchtdepression bei Schafen

Bei Schafen wurde ebenfalls die Auswirkung der Inzucht auf Reproduktionsmerkmale und Körpergewicht erforscht.

Rzewuska et al. (2005) untersuchten die Auswirkungen von Inzucht beim Booroola-Schaf anhand einer Population, die bereits vierzehn Jahre zuvor in einer geschlossenen Population gehalten wurde. 2002 erreichte der Inzuchtkoeffizient ein Niveau von 9,81 % bei einem Maximum von 31,7 %. Die Referenzpopulation umfasste 742 Lämmer, die von 52 Böcken und 128 Muttertieren abstammten. Die Tiere wurden in Inzuchtklassen eingeteilt. Fünf Klassen gab es bei den Lämmern und drei bei den Muttertieren. Es konnte kein Effekt von Inzucht auf Totgeburtenrate und Anzahl der bis vier Wochen überlebenden Lämmer nachgewiesen werden. Negative Effekte hatte Inzucht auf Geburtsgewicht und auf das Gewicht der Lämmer im Alter von vier und acht Wochen. Wenig ingezüchtete Tiere hatten ein um 0,32 kg höheres Geburtsgewicht als der Durchschnitt aller Tiere, während Tiere der Klasse 5 mit der höchsten Inzuchtrate 0,61 kg bei der Geburt leichter waren als der Durchschnitt aller Tiere.

Beim Waldivertler Blondvieh ließ sich in der vorliegenden Studie nachweisen, dass pro 1 % Inzuchtsteigerung 0,37 kg weniger an Geburtsgewicht vorhanden ist. Aufgrund der unterschiedlichen Körpergröße sind die Zahlen aber nicht direkt miteinander vergleichbar. Im Alter von vier und acht Wochen war in der Studie von Rzewuska et al. (2005) der Effekt der Inzucht auf das Gewicht immer noch hoch signifikant, was sich besonders bei Tieren der höchsten Inzuchtklasse 5 zeigt, die im Alter von 4 Wochen 1,3 kg und im Alter von 8 Wochen um 2,01 kg leichter waren als der Durchschnitt der Tiere. Im Alter von zwölf Wochen war der Inzuchteffekt in Bezug auf das Gewicht nicht mehr signifikant. Dies resultiert daraus, dass eine Selektion vor diesem Zeitpunkt stattfand. Diese Ergebnisse lassen sich wiederum nicht mit denen des Waldivertler Blondviehs vergleichen, da die Gewichte in den einzelnen Lebenswochen beim Rind nicht erfasst werden und die Entwicklung der unterschiedlichen Arten in verschiedenen Geschwindigkeiten erfolgt. Rzewuska

et al. (2005) sind der Meinung, dass gut geplante Paarungen das Inzuchtlevel jedoch wieder reduzieren. Weiters stellten die Autoren fest, dass sich Inzucht in kleinen Populationen nicht vermeiden lässt. Beides gilt auch für das Waldviertler Blondvieh.

Inzuchtdepression bei Ziegen

Wokac (2003) analysierte die Population der gefährdeten Tauernschecken-Ziege. Sie fand keine Inzuchtdepression. Als Grund dafür sieht sie die Zuchtstrategien des Generhaltungsprogramms und die Naturschutzbiologie dieser Rasse und erachtet eine Änderung der Zuchtstrategie als nicht notwendig. Wokac (2003) testete auf den Zusammenhang von Exterieur, Langlebigkeit und Fruchtbarkeit sowie Lebensfähigkeit der Kitze mit dem Inzuchtkoeffizient. Ein solches Ergebnis wäre auch für das Waldviertler Blondvieh wünschenswert.

Inzuchtdepression bei Schweinen

Wie beim Inzuchtkoeffizienten muss auch hier vorangestellt werden, dass der Vergleich zwischen Schwein und Rind nur sehr eingeschränkt möglich ist, da die Tiere eine sehr unterschiedliche Anzahl an Nachkommen aufweisen und Schweine ein kürzeres Generationsintervall haben.

Köck (2008) analysierte unter anderem Wurfdaten von 17.784 Sauen der Rasse Edelschwein und von 7.568 Sauen der Landrasse auf Inzuchtdepression bei Fruchtbarkeitsmerkmalen. Berücksichtigt wurden alle Effekte, die auch bei der Zuchtwertschätzung der Schweine in Österreich berücksichtigt werden. Unter Verwendung der linearen Regression wirkten sich bei Köck (2008) die maternalen Inzuchtkoeffizienten und die Inzuchtkoeffizienten der Ferkel negativ auf die untersuchten Merkmale aus. So wurden beim Edelschwein 0,10 Ferkel weniger lebend geboren pro 10 % Ferkelinzucht und 0,20 Ferkel weniger pro

10 % Saueninzucht. Bei der Landrasse wirkte sich nur die Ferkelinzucht mit 0,25 weniger lebend geborene Ferkel pro 10 % Ferkelinzucht negativ aus. Bei der vorliegenden Studie zum Waldviertler Blondvieh war der Einfluss von Inzucht auf die Totgeburtenrate nicht signifikant und kann aufgrund der geringen Datenmenge nicht mit den Ergebnissen der Studie von Köck verglichen werden. In der Aufzuchtzeit ist die Überlebensfähigkeit der ingezüchteten Ferkel gemäß Köck (2008) bei beiden Rassen signifikant geringer. Interessant ist, dass auch positive Effekte von Inzucht festgestellt werden konnten. So hatten Eber mit einem Inzuchtkoeffizienten von 10 % durchschnittlich 0,45 mehr geborene Ferkel bzw. 0,43 mehr lebend geborene Ferkel im Vergleich zu nicht ingezüchteten Ebern. Unter der Verwendung des quadratischen Regressionsterms wirkte sich beim Edelschwein nur der Inzuchtkoeffizient der Sau signifikant aus. Bei höheren Inzuchtkoeffizienten nahm die Inzuchtdepression leicht ab. Bis 10 % ist die Differenz zwischen dem linearen und dem quadratischen Inzuchtkoeffizienten gering. Der Inzuchtkoeffizient des Ebers hatte in diesem Modell keine Auswirkung. Bei der Landrasse konnte kein signifikanter Einfluss des quadratischen Terms festgestellt werden. Beim Waldviertler Blondvieh konnte in der vorliegenden Studie kein entsprechender Effekt gefunden werden.

7.3 Genetische Variabilität

7.3.1 Ergebnisse

Welche Programme verwendet wurden, um die Kennzahlen zur genetischen Variabilität zu berechnen, wurde bereits in Kapitel 6. beschrieben.

Wichtigste Ahnen

Dargestellt werden die zehn wichtigsten Ahnen der aktuellen Waldviertler Blondvieh Population in Tabelle 10.

Tab. 10: Wichtigste Ahnen der aktuellen Waldviertler Blondvieh Population

Rang	Name	Geburtsjahr	Geschlecht	marginaler Genanteil (in %)
1	Blondl	1975	männlich	16
2	GS Polte	1988	männlich	12
3	GS Weiss	1988	männlich	11
4	Scharsch	1992	männlich	8
5	GS Fritz	1989	männlich	5
6	GS Bartl	1990	männlich	5
7	Lengenfe	1986	weiblich	3
8	Feikl*8	1985	weiblich	3
9	Rundl*7	1979	weiblich	3
10	Isidor	1996	männlich	3
wichtigste 10 Ahnen				69
wichtigste 14 Ahnen				75
wichtigste 58 Ahnen				90

Die zehn wichtigsten Ahnen der aktuellen Waldviertler Blondvieh Population erklären 69 % der genetischen Herkunft. 75 % der genetischen Herkunft werden durch die 14 wichtigsten Ahnen erklärt, 90 % durch die 58 wichtigsten Ahnen. Hier handelt es sich um marginale Genanteile, das heißt, jene Genanteile, welche bereits durch einen anderen Ahnen erklärt wurden, werden nicht mehr berücksichtigt.

Der wichtigste Ahne ist Blondl, geboren 1975. Er erklärt ca. 16 % der genetischen Variabilität. Vater und Mutter des Stieres sind unbekannt, da dieser aus einem Nichtzuchtbetrieb stammt. 55 Nachkommen von Blondl sind im Datensatz verzeichnet.

Ein männliches Tier mit unbekanntem Vater und einem marginalen Genanteil von ca. 12% ist der zweitwichtigste Ahne, GS Polte, geboren 1988. 273 Tiere im Datensatz sind seine Nachkommen.

Der drittwichtigste Ahne ist GS Weiss, geboren 1988. Er erklärt ca. 11% der genetischen Variabilität und hat 166 Nachkommen im Datensatz. Seine Eltern sind nicht bekannt.

Scharsch ist der viertwichtigste Ahne und wurde 1992 geboren. Sein marginaler Genanteil beträgt ca. 8%. Sein Vater ist Prinz*8, seine Mutter Weibi*7. 39 Nachkommen von Scharsch sind im Datensatz zu finden.

1989 wurde GS Fritz, der fünftwichtigste Ahne geboren. Der Stier erklärt ca. 5% der genetischen Variabilität. Seine Eltern sind nicht bekannt. 62 Tiere im Datensatz sind seine Nachkommen.

Circa 4,6 % der genetischen Herkunft werden durch den sechstwichtigsten Ahnen GS Bartl, einen 1990 geborenen Stier, erklärt. Sein Inzuchtkoeffizient ist 12,5 %, da sein Großvater mütterlicherseits und väterlicherseits Blondl, der wichtigste Ahne, ist. Im Datensatz sind 299 direkte Nachkommen zu finden.

Der wichtigste weibliche Ahne, Lengenfe, ist der siebent wichtigste Ahne. Die Kuh wurde 1986 geboren. Circa 3,5 % der genetischen Herkunft werden durch sie erklärt. Sie hatte vier direkte Nachkommen, die im Datensatz zu finden sind. Ihre Eltern sind unbekannt.

1985 geboren wurde der achtwichtigste Ahne Feikl*8. Durch diese Kuh werden ca. 3,3 % der genetischen Herkunft erklärt. Nur ein Nachkomme von Feikl*8 ist im Datensatz verzeichnet, der Sohn GS PoltB. Die Abstammung von Feikl*8 ist unbekannt.

Der neuntwichtigste Ahne ist die Kuh Rundl*7, geboren 1979. Ihr marginaler Genanteil beträgt ca. 3 %. Die Eltern sind unbekannt. Sechs Tiere im Datensatz sind ihre direkten Nachkommen.

Der Stier Isidor ist der zehntwichtigste Ahne und wurde 1996 geboren. Sein marginaler Genanteil beträgt ca. 2,6 %. Sein Vater ist Igor (geboren 1979) und seine Mutter Biene. Alle drei Tiere gehören der Rasse Rotes Höhenvieh (alte

Angler) an. Zehn Tiere im Datensatz sind seine direkten Nachkommen. Ein Nachkomme von Isidor ist Igor (geboren 2000, vermutlich benannt nach seinem Großvater), der 2010 als Besamungstier zur Verfügung stand.

Mit 16% spielt der wichtigste Ahne eine große Rolle in der heutigen Population des Waldviertler Blondviehs. Aus diesem Ergebnis kann man schließen, dass jede heute lebende Kuh der Population Waldviertler Blondvieh in Österreich 16% ihrer Gene vom wichtigsten Ahnen Blondl indirekt (z.B. über dessen männliche Nachkommen) erhalten hat. Derart hohe marginale Genanteile kommen eher selten vor.

Kennzahlen der genetischen Variabilität

Tab. 11: Kennzahlen der genetischen Variabilität der aktuellen Waldviertler Blondvieh Population

	Gründertiere	f_e	f_a	N_g	g_e
Waldviertler Blondvieh	970	17,7	14,68	9,52	3,41

f_e = effektive Anzahl Gründertiere

f_a = effektive Anzahl Ahnen

N_g = effektive Anzahl Gründergenome

g_e = durchschnittliches komplettes Generationsäquivalent

Tabelle 11 zeigt, dass die totale Anzahl der Gründertiere 970, die effektive Anzahl der Gründertiere 17,7 und die effektive Anzahl der Ahnen 14,66 beträgt. $9,52 \pm 1,37$ ist das Ergebnis für die effektive Anzahl der Gründergenome.

Das durchschnittliche komplette Generationsäquivalent in der Referenzpopulation von 2.474 Tieren beträgt $3,41 \pm 0,75$. Ab der fünften Generation hatte kein Tier in der Referenzpopulation eine vollständige Abstammung vorzuweisen. In der fünfzehnten Generation betrug das Maximum des Generationsäquivalents immerhin noch 0,0034. Bei einigen Tieren war bereits in der zweiten Generation die Abstammung nicht mehr vollkommen.

Das höchste Generationsintervall hat das 2007 geborene Tier Dorinka mit einem Generationsäquivalent von 0,0034 in der 15. Generation. Dorinka befindet sich momentan in Aufzucht und ist ein Kreuzungsprodukt, da der Vater der Rasse Waldviertler Blondvieh angehört und die Mutter der Rasse Hochlandrind.

Dass die effektive Anzahl der Gründertiere größer ist als die effektive Anzahl an Ahnen zeigt, dass bereits eine Flaschenhalssituation stattgefunden hat, bei der einige Gründerlinien ausgestorben sind. Es weist auf die Unterschiede beim Gründereinsatz hin. Vermutlich geschah dies in den 80ern, als die Rasse beinahe ausgestorben war. Wie auch in der Diskussion in Kapitel 7.3.2 zu sehen ist, ist das Auftreten von Flaschenhalssituationen und der ungleiche Einsatz der Gründertiere bei kleinen Populationen durchaus nichts Ungewöhnliches.

7.3.2 Diskussion

Manatrion et al. führten 2008 eine genetische Charakterisierung einiger österreichischer und ungarischer Rinderrassen durch, um die genetische Variabilität zu bestimmen. Dabei wurden pro Rasse 60 Tiere für 25 Mikrosatelliten-Loci typisiert. 213 Allele wurden dabei entdeckt. Die drei untersuchten Rassen Waldviertler Blondvieh, Kärntner Blondvieh und eine ungarische Rinderrasse ließen sich klar differenzieren und Einzeltiere konnten zu 90 % richtig ihrer Rasse zugeordnet werden. Ein genetischer Flaschenhals wurde nicht gefunden. Die engste genetische Beziehung wurde zwischen dem Waldviertler und dem Kärntner Blondvieh gefunden, da hier die Distanz am geringsten war. Diese Verwandtschaft lässt sich auch durch die Historik belegen.

Beim Kärntner Blondvieh wurde eine höhere durchschnittliche Anzahl an Allelen pro Locus, eine höhere Zahl privater Allele und eine höhere erwartete Heterozygotie als beim Waldviertler Blondvieh festgestellt. Die erwartete Heterozygotie beim Waldviertler Blondvieh war von allen getesteten Rassen am

geringsten, ebenso die beobachtete Heterozygotie. Die höchste Anzahl an Migrationen wurde zwischen Kärntner und Waldviertler Blondvieh geschätzt.

Daraus wurde geschlossen, dass die Rasse Waldviertler Blondvieh die geringste genetische Diversität der getesteten Rassen zeigt und ein reger Genaustausch zwischen Waldviertler und Kärntner Blondvieh stattfindet.

Genetische Variabilität bei Rindern

Tab. 12: Kennzahlen der genetischen Variabilität bei verschiedenen Rinderrassen

Rinderrasse	Referenz- population	Anzahl Gründertiere	f_e	f_a	N_g	g_e
Waldviertler Blondvieh	2.474	970	17,7	14,68	9,52	3,41
Tux Zillertal*3	471	112	210	14	9,7	2,52
Kärntner Blondvieh *3	230	305	30	29	22,6	1,73
Original Pinzgauer*3	9.760	6.495	65	32	19,5	5,33
Simmentaler *4	293.198	85.201		114	94,3	4,13
Pinzgauer *4	19.644	10.244		47	32	4,66
Braunvieh *4	90.484	29.465		52	41	4,16
Grauvieh *4	4.521	1.675		39	20,8	6,18
Abondance *7	9.971	6.109	69	25	17	3,84
Normande *7	301.402	138.291	132	40	22	5,02
Limousin *7	919.561	26.656	97	360	206	4,87
Costeno con Cuernos *8	2.339		50	33		3,7
Sanmartinero *8	3610		92	49		3,8
Blanco Orejinegro *8	1625		89	58		3,1
Romosinuano *8	4844		67	23		4,8

f_e = effektive Anzahl Gründertiere

f_a = effektive Anzahl Ahnen

N_g = effektive Anzahl Gründergenome

g_e = durchschnittliches komplettes Generationsäquivalent

In Tabelle 12 sind die Kennzahlen der genetischen Variabilität bei verschiedenen Rinderrassen dargestellt, die im folgenden Teil zum Vergleich und zur Diskussion verwendet werden.

Baumung und Sölkner (2002a) untersuchten Pedigrees der Rinderrassen Tux-Zillertal, Kärntner Blondvieh und Original Pinzgauer. Die Ergebnisse im Vergleich mit denen für das Waldiviertel Blondvieh sind in Tabelle 12 zu finden. Die Größen der Referenzpopulationen betrugen 9.706, 471 und 230 für die Rassen Original Pinzgauer, Tux-Zillertal und Kärntner Blondvieh. Vor allem die Referenzpopulationen des Tux-Zillertalers und des Kärntner Blondviehs sind damit deutlich kleiner als die Referenzpopulation des Waldiviertel Blondviehs für die Berechnungen der Kennzahlen der genetischen Variabilität, die 2.474 Tiere umfasste.

Sölkner, Filipčič und Hampshire (1998) analysierten die genetische Variabilität der vier österreichischen Rinderrassen Grauvieh, Braunvieh, Simmentaler und Pinzgauer. Als Referenzpopulation nahmen sie alle Tiere an, die weiblich waren und zwischen 1988 und 1993 geboren wurden und bei denen beide Eltern bekannt waren. Das ergibt jeweils eine Referenzpopulation von 293.198 Tieren der Rasse Fleckvieh, 90.484 Tieren der Rasse Braunvieh, 19.644 Tieren der Rasse Pinzgauer und 4.521 Tieren der Rasse Grauvieh. Selbst die kleinste Referenzpopulation in der Studie von Sölkner, Filipčič und Hampshire (1998) ist nahezu doppelt so groß wie die Referenzpopulation des Waldiviertel Blondviehs, die in der vorliegenden Studie verwendet wurde. Sölkner, Filipčič und Hampshire (1998) weisen darauf hin, dass es aufgrund unvollständiger Pedigrees problematisch sein kann, den Inzuchtkoeffizienten als Maß für die genetische Drift zu verwenden.

Die Qualität der Pedigreedaten aus der Studie von Sölkner (1998) war beim Grauvieh am besten, was auf die lange Zuchtgeschichte und -tradition zurückzuführen ist. Am schlechtesten war die Qualität der Abstammungsdaten bei der Rasse Holstein-Friesian, was auch logisch erscheint, da viele Tiere aus dem Ausland importiert wurden und dabei nur zwei Vorfahrgenerationen in den österreichischen Datensatz übertragen wurden. Die genetische Vielfalt wird in diesem Fall bei der österreichischen Population dieser Rasse überschätzt.

Die relativ hohe genetische Variabilität beim österreichischen Fleckvieh lässt sich durch die Unterteilung der österreichischen Fleckviehpopulation in einzelne Zuchtverbände erklären, die mehr oder weniger unabhängig voneinander

agieren. Belegt wurde dies durch Sölkner und Filipčič (1997) und Sölkner, Filipčič und Hampshire (1998).

In der Arbeit von Baumung und Sölkner (2002a) ist die Gesamtanzahl der Gründertiere sehr unterschiedlich, wie man auch in Tabelle 12 sehen kann. Während beim Original Pinzgauer 6.495 Tiere als Gründertiere eruiert werden konnten, waren es beim Tux-Zillertal nur 112 und beim Kärntner Blondvieh 305. Die letzten beiden Rassen liegen mit den Ergebnissen für die Gesamtanzahl der Gründertiere deutlich unter denen für das Waldviertler Blondvieh.

Auch für die fünf größten österreichischen Rinderrassen wurde die Anzahl an Gründertieren veröffentlicht. Für alle Rassen lag diese Kennzahl deutlich über der in dieser Studie für das Waldviertler Blondvieh präsentierten Zahlen (Sölkner 1998). Das gilt auch für eine Untersuchung französischer Rinderrassen (Boichard et al. 1997).

Die effektive Anzahl der Gründertiere betrug in der Studie von Baumung und Sölkner (2002a) 65,4, 21 und 29,9 für die österreichischen Rassen Original Pinzgauer, Tux-Zillertal und Kärntner Blondvieh. Für die französischen Rinderrassen Abondance, Normande und Limousin wurden ebenfalls höhere Werte von 69, 132 und 97 berechnet. Die effektive Anzahl an Gründertieren für die kolumbianischen Rinderrassen Costeño con Cuernos, Sanmartinero, Blanco Orejinegro und Romosinuano lag bei 50, 91,9, 89,4 und 67,1 Martínez et al. (2008).

Alle genannten Werte anderer Rassen liegen deutlich über dem Ergebnis von 17,7 für das Waldviertler Blondvieh, was auf die geringe genetische Vielfalt des Waldviertler Blondviehs hinweist.

Bei der effektiven Anzahl Ahnen, die ebenfalls in Tabelle 12 dargestellt ist, lag in der Studie von Baumung und Sölkner (2002a) nur die Rasse Tux-Zillertal mit einem Wert von 14,2 knapp unter dem Wert für das Waldviertler Blondvieh ($f_a =$

14,68). Das Original Pinzgauer Rind und das Kärntner Blondvieh lagen mit Werten von 32,1 bzw. 29 deutlich darüber.

In einer älteren Studie (Sölkner et al. (1998)) belief sich die effektive Anzahl der Ahnen beim Simmentaler auf 114, beim Braunvieh auf 52, beim Pinzgauer auf 47 und beim Grauvieh auf 39. Sie liegt bei allen vier Rassen wesentlich höher als beim Waldviertler Blondvieh. Die effektive Anzahl der Ahnen ist beim Simmentaler extrem hoch, da in die österreichische Population oft Tiere aus anderen Populationen eingekreuzt wurden.

Boichard et al. (1997) kamen auf 25, 40 und 360 effektive Ahnen für die Rassen Abondance, Normande und Limousin.

Die kolumbianischen Rinderrassen Costeño con Cuernos, Sanmartinero, Blanco Orejinegro und Romosinuano kamen in der Studie von Martínez et al. (2008) auf eine effektive Anzahl Ahnen von 33, 49, 58 und 23.

Alle Werte sind geringer als jene für das Waldviertler Blondvieh, bei dem die effektive Anzahl an Ahnen nur 14,68 beträgt; ein weiterer Beweis für die geringe genetische Diversität des Waldviertler Blondviehs.

Bei fast allen Rassen, deren Werte in Tabelle 12 dargestellt sind, ist die effektive Anzahl der Gründertiere höher als die effektive Anzahl der Ahnen, was auf Flaschenhalssituationen und das Aussterben einiger Gründerlinien hindeutet. Eine Ausnahme bildet die Rasse Limousin, bei der keine Flaschenhalssituation nachgewiesen wurde. Auch beim Waldviertler Blondvieh konnte eine Flaschenhalssituation beobachtet werden.

Auch die effektive Anzahl der Gründergenome (siehe Tabelle 12) lag in der Studie von Baumung und Sölkner (2002a) beim Tux-Zillertal-Rind ($N_g = 9,7$) im Bereich des Waldviertler Blondviehs ($N_g = 9,52$), während Original Pinzgauer ($N_g = 19,5$) und Kärntner Blondvieh ($N_g = 22,6$) eine etwa doppelt so hohe effektive Anzahl an Gründergenomen aufweisen konnten.

Sölkner (1998) bezifferte die effektive Anzahl der Gründergenome für die Rasse Fleckvieh mit 94,3, für die Rasse Braunvieh mit 41,0, für die Rasse Holstein-Friesian mit 71,6, mit 32 beim Pinzgauer und mit 20,8 beim Grauvieh. Die effektive Anzahl der Gründergenome ist für alle fünf Rassen größer als für das Waldviertler Blondvieh.

Für die Rassen Abondance, Normande und Limousin aus der Studie von Boichard et al. (1997) ist die effektive Anzahl der Gründergenome 17, 22 und 206 und damit ebenfalls höher als für das Waldviertler Blondvieh.

Sölkner et al. (1998) fanden ein Generationsäquivalent von 4,13 bei der Rinderrasse Simmental, 4,16 beim Braunvieh, 4,66 beim Pinzgauer und 6,18 beim Grauvieh. Diese Generationsäquivalente liegen wesentlich höher als das Generationsäquivalent beim Waldviertler Blondvieh.

Baumung und Sölkner (2002a) kamen auf Werte von 5,33, 2,52 und 1,73 für die Rassen Original Pinzgauer, Tux-Zillertal und Kärntner Blondvieh.

Boichard et al. (1997) errechneten für die Rinderrassen Abondance, Normande und Limousin Generationsäquivalente von 3,84, 5,02 und 4,87.

Abgesehen vom Kärntner Blondvieh und vom Tux-Zillertal liegen die Werte von allen anderen Rassen mehr oder weniger deutlich über den Werten des Waldviertler Blondviehs ($g_e = 3,41$), was aussagt, dass die verwendeten Pedigrees der vorliegenden Studie nicht besonders tief sind, da viele der Gründertiere aus Nichtzuchtbetrieben stammen und Abstammungsinformationen aus dieser Zeit nicht vorhanden sind.

Die Generationsäquivalente, die Martínez et al. (2008) für die kolumbianischen Rinderrassen berechnen konnten, liegen im Bereich der Werte für das Waldviertler Blondvieh. Costeño con Cuernos, Sanmartinero, Blanco Orejinegro und Romosinuano kamen auf ein durchschnittliches Generationsäquivalent von 3,7, 3,8, 3,1 und 4,8. Sie liegen geringfügig höher als die Werte für das Waldviertler Blondvieh, ausgenommen der des Romosinuano-Rinds, das bessere Pedigrees aufweisen kann.

Wichtigste Ahnen

Tab. 13: Marginale Genanteile bei verschiedenen Rinderrassen

Marginale Genanteile	Referenzpopulation	1. Ahne	2. Ahne	3. Ahne	10 Ahnen
Waldviertler Blondvieh	2.474	16%	12%	11%	69%
Tux Zillertal*3	471	15%	13%	13%	66%
Kärntner Blondvieh *3	230	14%	8%	4%	53%
Original Pinzgauer*3	9.760	12%	5%	4%	46%
Simmentaler *4	293.198	4%	3%	3%	24%
Pinzgauer *4	19.644	9%	5%	4%	32%
Braunvieh *4	90.484	10%	5%	3%	32%
Grauvieh *4	4.521	9%	6%	6%	41%

*3 Baumung und Sölkner (2003)

*4 Sölkner et al (1998)

Die Ergebnisse der marginalen Genanteile der wichtigsten Ahnen im Vergleich mit den Werten aus der Literatur sind in Tabelle 13 dargestellt.

Beim Original Pinzgauer in der Studie von Baumung und Sölkner (2002a) erklärte der wichtigste Ahne ca. 12 % der genetischen Herkunft, 50 % wurden durch die 13 wichtigsten Ahnen erklärt, 80 % der genetischen Herkunft durch die 92 wichtigsten Ahnen. Mit diesen Werten liegen die Pinzgauer unter den Werten vom Waldviertler Blondvieh. Beim Tux-Zillertal in der Studie von Baumung und Sölkner (2002a) deckte der wichtigste Ahne einen Genanteil von 15 % ab, die ersten 5 Ahnen erklärten 50 % und 26 Ahnen waren notwendig, um 80 % des Genpools zu erklären. Die effektive Anzahl an Ahnen war 21. Die Werte der wichtigsten drei Ahnen beim Tux-Zillertal sind denen für das Waldviertler Blondvieh sehr ähnlich. Beim Kärntner Blondvieh erklärten die wichtigsten 16 Ahnen 50 % und die wichtigsten 80 Ahnen 80 % des Genanteils. Diese Ergebnisse zeigen, dass es um die genetische Variabilität des Kärntner Blondviehs besser bestellt ist als um die des Waldviertler Blondviehs (Baumung und Sölkner 2002a).

Beim Simmentaler hatte in der Studie von Sölkner et al. (1998) der wichtigste Ahne einen marginalen Genanteil von 4,3 %, 50 % konnten durch die 55

wichtigsten Ahnen erklärt werden und 80 % durch die 565 wichtigsten Ahnen. Auch diese Zahlen sind ein Hinweis auf die außerordentlich große genetische Variabilität beim Simmentaler, vor allem wenn man es mit dem Waldviertler Blondvieh vergleicht, wo die ersten 10 Ahnen bereits etwa dreimal so viel des Genpools erklären wie beim Simmentaler.

Sölkner et al. (1998) berechneten die Genanteile beim Braunvieh, wo der wichtigste Ahne auf einen marginalen Genanteil von 10 % kam. 50 % wurden durch die 28 wichtigsten Ahnen erklärt und 80 % durch 239 Ahnen. Beim Pinzgauer in der Studie von Sölkner et al. (1998) kamen die wichtigsten 10 Ahnen auf einen marginalen Genanteil von 32 %. 50 % des marginalen Genanteils wurden durch die 21 wichtigsten Ahnen erklärt, 80 % durch 219 Ahnen.

Beim Braunvieh und beim Pinzgauer Rind in der Arbeit von Sölkner et al. (1998) verhalten sich die Kennzahlen sehr ähnlich. Sie sind deutlich höher als beim Waldviertler Blondvieh, was einmal mehr die geringe genetische Variabilität des Letzteren zeigt. Die ersten 10 Ahnen erklären beim Waldviertler Blondvieh etwa doppelt so viel der genetischen Vielfalt als beim Braunvieh und beim Pinzgauer. Beim Grauvieh erklärte der wichtigste Ahne 9 % der genetischen Herkunft, 50 % wurden durch die 16 wichtigsten Ahnen erklärt, 80 % durch die 69 wichtigsten Ahnen (Sölkner et al. 1998). Selbst diese Population, die als eher klein zu bewerten ist, hat eine höhere genetische Variabilität als das Waldviertler Blondvieh, wie man an den Kennzahlen gut ablesen kann.

Anhand dieser Ergebnisse von Sölkner et al. (1998) sieht man, dass die Rassen Braunvieh, Grauvieh und Pinzgauer jeweils einen herausragenden Vererber haben, genau wie das Waldviertler Blondvieh. Da bei allen drei Rassen der wichtigste Ahne auf einen marginalen Genanteil von knapp 10 % kommt, kann man daraus schließen, dass jede heute lebende Kuh aus diesen drei Rassen jeweils 10 % ihrer Gene von ihrem wichtigsten Vererber bzw. dessen Söhne hat. Die Population der Simmentaler verfügt über eine größere genetische Diversität als die anderen drei Rassen in der Studie von Sölkner et al. (1998). Der wichtigste weibliche Ahne der Rasse Simmentaler lag an 32. Stelle. Bei der Rasse Braunvieh lag der wichtigste weibliche Ahne an 4. Stelle,

bei der Rasse Pinzgauer an 3. Position und bei der Rasse Grauvieh an 10. Stelle.

Der wichtigste Ahne in der Veröffentlichung von Sölkner (1998) beim Holstein-Friesian kam auf einen marginalen Genanteil von 4,4 %. 45 Tiere erklären 50 % des Genpools, 455 Tiere erklären 80 % des Genpools bei Holstein-Friesian. In der Referenzpopulation Holstein-Friesian waren 21.256 Kühe aus den Geburtsjahren 1988 bis 1993 enthalten.

Genetische Variabilität bei Pferden

Die Pedigreedaten von Pferden zeichnen sich meist durch sehr tiefe Pedigrees und sehr vollständige Daten aus, da die Abstammung eines Pferdes meist schon sehr früh eine Rolle spielte. Dies muss beim Vergleich mit einer Rinderrasse wie dem Waldviertler Blondvieh immer beachtet werden.

Druml (2006) untersuchte die Diversitätskennzahlen bei der österreichischen Norikerpopulation. Die Anzahl der effektiven Ahnen betrug hier 29,3 und ist damit fast doppelt so groß wie die effektive Anzahl Ahnen beim Waldviertler Blondvieh. Durch den wichtigsten Ahnen konnten 12 % des marginalen Genanteils erklärt werden, durch den zweitwichtigsten 7,9 % und durch den drittwichtigsten 6,7 %.

Preinerstorfer (2009) schätzte die marginalen Genanteile wichtiger Ahnen beim österreichischen Haflinger. Sie fand heraus, dass der wichtigste Ahne (Stromer) der österreichischen Haflingerpopulation einen marginalen Genanteil von knapp 12 % hatte. Der zweitwichtigste Ahne (Stürmer) hatte einen marginalen Genanteil von etwa 8 %, der drittwichtigste (Willi) kam ebenfalls auf etwa 8 %. Die ersten 10 Ahnen erklärten 43,16 % der genetischen Variabilität der Referenzpopulation. 25 % der genetischen Herkunft wurden durch die ersten 3 Ahnen erklärt, 50 % durch die ersten 13 Ahnen und 75 % durch die ersten 75 Ahnen. Die genetische Variabilität des österreichischen Haflingers ist also höher als die des Waldviertler Blondviehs.

Zechner et al. (2002) untersuchten die Populationsstruktur und die Diversität beim Lipizzaner. Auch ihre Untersuchungen basierten auf den Informationen aus Pedigrees. 565 Pferde aus acht europäischen Gestüten wurden in die Studie mit einbezogen. Das durchschnittliche Generationsäquivalent lag bei 15,2 Generationen, das maximale Generationsäquivalent bei 32 Generationen.

Der wichtigste und der zweitwichtigste Gründer erklärte je 6 % der genetischen Herkunft. Die 10 wichtigsten Ahnen der Lipizzaner beschrieben 58,6 % der genetischen Variation. 19 Gründertiere erklären 50 % der genetischen Herkunft des Lipizzaners. Die effektive Anzahl der Gründer belief sich auf 48,2. Die effektive Anzahl der Ahnen war 26,2 und die effektive Anzahl der Gründergenome 6,0 (Zechner et al 2002).

Der wichtigste Ahne der Lipizzanerpopulation kam auf einen marginalen Genanteil von 10,74 %, der zweitwichtigste Ahne auf 8,67 % und der drittwichtigste erklärte immerhin noch 6,73 % des Genpools (Zechner et al. 2002).

Beim Lipizzaner sind die verwendeten Pedigrees besonders gut und vollständig, was man beispielsweise an dem sehr hohen Generationsäquivalent von 15,2 Generationen erkennt (Zechner et al. 2002). Interessant ist, dass die effektive Anzahl der Gründergenome noch geringer ist als beim Waldviertler Blondvieh.

Glaeser (2008) befasste sich mit der Pedigreeanalyse beim Shagya-Araber in Österreich. Sie teilte die Pferde in ihrer Arbeit in drei Referenzpopulationen ein. Das durchschnittliche komplette Generationsäquivalent lag in der Referenzpopulation der Geburtsjahre 2000 bis 2006 (2.162 Tiere) bei 7,94. Die Anzahl der Gründertiere in dieser Arbeit betrug 521 in dieser Referenzpopulation und liegt damit unter den 970 Gründertieren des Waldviertler Blondviehs. Die effektive Anzahl der Gründertiere betrug 150 für diese Referenzpopulationen und liegt damit wesentlich über der effektiven Anzahl an Gründertieren für das Waldviertler Blondvieh. Die effektive Anzahl Ahnen betrug 41 und die effektive Anzahl der Gründergenome 16 für diese Referenzpopulationen. Beide Kennzahlen weisen darauf hin, dass die genetische Variation beim Shagya-Araber wesentlich höher ist als beim

Waldviertler Blondvieh. Glaeser (2008) berechnete auch die Genanteile der wichtigsten Ahnen. In der Referenzpopulation der Geburtsjahre 2000 bis 2006 betrug der Genanteil für den wichtigsten Ahnen 7,42 %, 5,15 % für den zweitwichtigsten Ahnen und 5,02 % für den drittwichtigsten Ahnen. 15 Ahnen erklärten 50 % des Genanteils in dieser Referenzpopulation.

Siderits (2011) errechnete bei der deutschen Paint-Horse-Population ein durchschnittliches Generationsäquivalent von 4,77 in der zweiten Referenzpopulation (Geburtsjahre 2000 bis 2009 nach Aufbau der Pedigrees). In dieser Referenzpopulationen liegt das durchschnittliche Generationsäquivalent über dem durchschnittlichen Generationsäquivalent beim Waldviertler Blondvieh ($g_e = 3,41$). Alle Kennzahlen der Diversität beim Paint Horse liegen jedoch deutlich über den Werten für das Waldviertler Blondvieh. Umgekehrt liegen die Genanteile der wichtigsten Ahnen für das Paint Horse unter denen des Genanteils für das Waldviertler Blondvieh, was auf eine höhere genetische Diversität beim Paint Horse hinweist.

Genetische Variabilität bei Schweinen

Für die österreichischen Schweinerassen Edelschwein und Landrasse wurde ebenfalls eine Pedigreeanalyse durchgeführt (Köck 2008). Die Referenzpopulation bestehend aus den Geburtsjahren 2003 bis 2006 umfasste 11.982 Edelschweine bzw. 5.473 Tiere der Landrasse. Die Referenzpopulationen der beiden Schweinerassen sind somit deutlich größer als die Referenzpopulation des Waldviertler Blondviehs. In der Referenzpopulation der Geburtsjahre 2003 bis 2006 der Edelschweine war die Anzahl der Gründertiere 2.119, die effektive Anzahl der Gründer 467,8, die effektive Anzahl der Ahnen 90,20 und die effektive Anzahl Gründergenome 30,06. Die Referenzpopulation der Tiere der Landrasse hatte 2.754 Gründertiere. Die effektive Anzahl der Gründertiere war 481,5, die effektive Anzahl der Ahnen war 87,76 und die effektive Anzahl der Gründergenome lag bei 40,02. Die genetische Diversität dieser Rassen ist in Österreich relativ hoch,

da immer wieder Tiere aus dem Ausland importiert werden. Durch die zahlreichen Importe hat auch die Anzahl an Gründertieren bei beiden Rassen zugenommen. Daher ist es logisch, dass alle Kennzahlen für die genetische Diversität bei Edelschwein und Landrasse wesentlich größer sind als beim Waldviertler Blondvieh. In der Referenzpopulation 2003 bis 2006 kam der wichtigste Vererber beim Edelschwein auf einen Genanteil von 4,6 %, bei der Landrasse auf 3,7 %. Sehr ähnlich sind die kumulierten Werte für Landrasse und Edelschwein. 50 % des Genpools werden durch 34 Ahnen beim Edelschwein und 32 Ahnen bei der Landrasse erklärt (Köck 2008).

8 Zusammenfassung

Mit Hilfe der Pedigreedaten wurde in dieser Arbeit die Populationsstruktur des Waldviertler Blondviehs untersucht. Um die genetische Zusammensetzung der Population zu beschreiben, wurden anhand der Abstammungsdaten einige Diversitätskennzahlen bestimmt und die Ergebnisse mit anderen Arbeiten zu anderen Tierarten verglichen.

Mit Hilfe der individuellen Inzuchtkoeffizienten wurden die Auswirkungen von Inzucht auf das Geburtsgewicht, das 200-Tage-Gewicht und das 365-Tage-Gewicht sowie den Kalbeverlauf und die Totgeburtenrate bestimmt.

Insgesamt enthielt der verwendete Datensatz 14.261 Abstammungsdaten von Rindern. Die Referenzpopulation umfasste 2.474 Tiere und enthielt all jene Individuen, die zum Zeitpunkt der Datenlieferung als lebend gekennzeichnet waren.

Für die Ermittlung der genetischen Diversität wurden Diversitätskennzahlen gemäß Boichard et al. (1997) verwendet. Da die Qualität der Ergebnisse stark von der Qualität und Quantität der Abstammungsdaten abhängt, muss die eher geringe Größe des Datensatzes bei der Interpretation der Ergebnisse immer mit berücksichtigt werden. Die Qualität der vorhandenen Pedigreedaten beim Waldviertler Blondvieh ist leider als eher gering einzustufen.

Der Inzuchtkoeffizient beim Waldviertler Blondvieh beträgt durchschnittlich 2,7 %. Negative Auswirkungen von vermehrter Inzucht auf das Geburtsgewicht, das 200-Tage-Gewicht und das 365-Tage-Gewicht konnten nachgewiesen werden, nicht jedoch auf die Totgeburtenrate und den Kalbeverlauf. Die Anzahl der Gründertiere ist mit 970 als sehr gering einzustufen, ebenso wie die effektive Anzahl an Gründertieren, die sich auf 17,7 beläuft. Dass die effektive Anzahl der Gründertiere größer ist als die effektive Anzahl der Ahnen ($f_e = 17,7 > 14,68 = f_a$), weist auf eine Flaschenhalssituation hin.

9 Schlussfolgerung

Der eher niedrige Inzuchtkoeffizient von 2,7 % ist vermutlich mit der geringen Qualität der Abstammungsdaten zu begründen sowie durch die Anpaarungsempfehlungen und das maximal angestrebte Inzuchtniveau durch das Förderungsprogramm ÖPUL.

Die Berechnungen zum Einfluss von Inzucht auf das Geburtsgewicht zeigen, dass es beim Waldviertler Blondvieh eine nachweisbare Inzuchtdepression gibt.

An den Ergebnissen der Berechnung der Auswirkungen von Inzucht auf das 200-Tage-Gewicht erkennt man, dass der Inzuchtkoeffizient immer noch starke Auswirkungen hat. Dies wiederum kann zu merkbaren finanziellen Einbußen für die Züchter führen. Auch beim 365-Tage-Gewicht lässt sich der Einfluss von Inzucht auf das Gewicht als hoch signifikant feststellen.

Dass der Inzuchtkoeffizient keinen Einfluss auf die Fruchtbarkeitsmerkmale zeigt, kann vielleicht auf die geringe Anzahl der vorhandenen Daten zurückgeführt werden. Ein weiterer Grund hierfür könnte sein, dass die Kälber durch das geringere Geburtsgewicht sogar leichter geboren werden können. Allgemein wird in der Literatur aber meist vordergründig ein Einfluss des Inzuchtkoeffizienten gerade auf die Fruchtbarkeitsmerkmale erwähnt.

Die genetische Diversität beim Waldviertler Blondvieh ist als sehr gering einzustufen. Sölkner (1998) führt eine geringe genetische Vielfalt auf den Einsatz der künstlichen Besamung zurück. Beim Waldviertler Blondvieh wird jedoch auch der Natursprung noch häufig verwendet. Hier ist die Ursache für die geringe genetische Vielfalt wohl eher in der Geschichte des Waldviertler Blondviehs zu suchen. Die Rasse wurde mit sehr wenigen Tieren vor dem Aussterben bewahrt, was wohl dazu geführt hat, dass sich im Laufe der letzten Jahre erst gar keine große genetische Vielfalt entwickeln konnte. Sölkner (1998) führt an, dass die Verminderung der genetischen Vielfalt durchaus auch im Sinne der Züchter sein kann, wenn zum Beispiel leistungsschwächere Tiere von der Zucht ausgeschlossen werden und somit nur Tiere mit guten Leistungen ihre Gene weitergeben können. Da das Waldviertler Blondvieh als

hochgefährdete Rasse gilt, sollte hier bei jedem Züchter der Leistungsgedanke hinter dem Erhalt der genetischen Diversität rangiert werden.

Da ein Verlust der genetischen Variabilität immer auch mit gesteigerter Inzucht einhergeht, können dadurch zahlreiche Probleme auftreten, wie auch die vorliegende Arbeit bewiesen hat. Gerade das Gewicht ist bei Fleischleistungstieren ein wesentlicher Einkommensfaktor. Deswegen muss streng darauf geachtet werden, hier jegliche Inzuchtdepression schon von vornherein durch gut durchdachte Paarungen zu vermeiden. Nur dadurch kann eine Leistungsreduktion durch Inzuchtdepression vermieden werden.

Weitere Probleme, die aus dem Verlust der genetischen Diversität resultieren können, erwähnt Sölkner (1998). So kann es etwa dazu kommen, dass Erbfehler verstärkt auftreten. Josef Fleischhacker, Zuständiger des Zuchtverbandes des Waldviertler Blondviehs, konnte beispielsweise von Problemen mit Zwergwuchs berichten, was eventuell ein auftretender Erbfehler sein könnte.

Ein weiterer Punkt ist der Verlust von wertvollen Genen. Durch genetische Drift können Gene völlig aus der Population verloren gehen, die aber zu einem späteren Zeitpunkt vielleicht sehr wichtig gewesen sein könnten. Um dies zu verhindern, müsste man heute schon wissen, welche Gene in Zukunft von großer Bedeutung sein könnten. Daraus resultiert, dass jetzt aktive Züchter bzw. Zuchtorganisationen eine gute Balance zwischen heutigem und zukünftigem Nutzen finden sollten bzw. die Genetik auch von aus heutiger Sicht nicht besonders wirtschaftlichen Tieren erhalten werden sollte.

An allen Kennzahlen sieht man sehr deutlich, dass das Waldviertler Blondvieh eine sehr kleine Rasse ist, dessen genetische Diversität nach wie vor stark gefährdet ist. Durch Inzucht wird die genetische Diversität noch weiter gefährdet und die Gefahr einer Inzuchtdepression ist vorhanden.

10 Summary

In this paper, the population of Waldviertler Blond was analysed by means of pedigree data. To describe the genetic variability of the population, several measures of genetic variability were calculated and compared with the results of other studies.

Additionally the effects of inbreeding on weight at birth, weight at the age of 200 days, weight at the age of 365 days, stillbirth and calving ease were analysed.

In total, 14.261 animals in the pedigree were available for analysis. The reference population included 2.474 animals being alive at the time of data provision. Results of pedigree analysis are strongly related to the quality of the pedigrees used. In this paper, the pedigree was not very deep which needs to be considered for interpretation.

The average inbreeding coefficient of Waldviertler Blond was 2.7%. Apart from the fact that pedigree information was partly incomplete, the low inbreeding coefficient may have also been caused by following the mating suggestions. Those are made within the ÖPUL program in order to avoid a strong increase of inbreeding in this endangered breed.

The calculations showed, that there was a negative effect on birth weight as well as on weight at 200 and 365 days. In praxis, it can come to financial impacts for the breeders.

No inbreeding depression on stillbirth and on calving ease can be shown. It is possible that inbreeding had no effect on calving ease because of lower birth weight on inbred animals. Although inbreeding is likely to have larger effects on functional traits (Lacy 1989), in this study no significant effect on stillbirth and calving ease were found.

The number of founders is 970 and rather small, just like the effective number of founders ($f_e = 17.7$). Artificial insemination may be one reason for low genetic diversity in Waldviertler Blond; however, the natural form of reproduction is also

regularly used. So the reasons for the small genetic diversity may be found in the history of this breed. Years ago, just a small number of animals were used to conserve Waldviertler Blond. A large genetic variability could not be developed.

Although smaller genetic variability could be good for the breeders, if animals with lower milk and beef performance were excluded from the breeding process (Sölkner 1998). However, Waldviertler Blond is a highly endangered breed so performance traits should be less important than genetic diversity.

Loss of genetic diversity is usually related to higher inbreeding coefficients. Apart from other reasons, inbreeding should also be kept to minimum in order to avoid financial losses due to inbreeding depression.

Another negative side effect of inbreeding is the higher possibility of the appearance of inherited diseases. Dwarfism is one example in Waldviertler Blond (Fleischhacker 2010).

The loss of useful genes is another important point. Because of genetic drift genes can get completely lost in the population. This could be genes, which could be very useful in the future. As a result, every breeder should try to find a good balance between earning good benefits and conserving a lot of genes for the future, even if the genes are related to animals, which currently do not seem to be very useful.

As the effective number of founders is smaller than the effective number of ancestors, ($f_e = 17,7$, $f_a = 14,68$), a bottleneck situation must have occurred years ago.

The genetic diversity of this small endangered breed is still at risk, as the different measures show. Inbreeding which occurs to some extent even if matings of close relatives are avoided, may affect genetic variability but also result in inbreeding depression in future. Further monitoring of this breed with regard to genetic variability is thus recommended.

11 Literaturverzeichnis

Baumung, R. & Fürst-Waltl, B. (2002): Vererbung – Inzucht, 1. Fachtagung für Ziegenzüchter und -halter, 12.–13. November 2002, Bundesanstalt für alpenländische Landwirtschaft Gumpenstein, Irdning.

Baumung, R. & Sölkner, J. (2002a): 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. (2003): Pedigree and marker information requirements to monitor genetic variability, *Genet. Sel. Evol.* 35, 369–383.

Baumung, R. (2008): Alte Haustierrassen – eine wichtige Bioressource und Strategien zu ihrer Erhaltung, Präsentation, Universität für Bodenkultur Wien.

Biedermann, G. & Ott, B. & Rübesam, K. & Maus, F- (2004): Genetische Analyse der Population des Vorderwälder Rindes. *Arch. Tierz., Dummerstorf* 47 2, 141–153.

Biedermann, G. & Waldmann, S. & Maus, F. (2003): Genetische Analyse der Population des Hinterwälder Rindes. *Arch. Tierz., Dummerstorf* 46 4, 307–319.

Bijma, P. & Woolliams, J. A. (1999): Prediction of genetic contributions and generation intervals in populations with overlapping generations under selection. *Genetics* 151, 1197–1210.

Bitterlich, M. (1915): Studien über das Rind des niederösterreichischen Waldviertels, Mitteilungen der landwirtschaftlichen Lehrkanzeln der k. k. Hochschule für Bodenkultur in Wien, Herausgeber: Robert und Hugo Hitschmann.

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

Boichard, D. (2007): PEDIG: a Fortran Package for Pedigree Analysis Suited for large populations, Programmbeschreibung, 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier 19.–23. August 2002, 2. Auflage.

Brade, W. (2007): Abstammung, Domestikation, genetisch-züchterische Grundlagen. Brade & Flachowsky (Hrsg.), 22–43.

Brade, W. (2007): Rinderzucht und Rindfleischerzeugung. Empfehlungen für die Praxis, Landbauforschung Völknerode, FAL Agricultural Research, Sonderheft 313, 37.

Carrillo, J. A. & Siewerdt, F. (2010): Consequences of long-term inbreeding accumulation on preweaning traits in a closed nucleus Angus herd. Journal of Animal Science 88, 87–95.

Dinkel, C.A. & Busch, D.A. & Minyard, J.A. & Trevillyan, W.R. (1968): Effects of inbreeding on growth and conformation of beef cattle. Journal of Animal Science 27, 313–322.

Druml, T. (2006): Phänotypische und genetische Beschreibung der Zuchtpopulation des Noriker Pferdes, Dissertation, Universität für Bodenkultur Wien.

Falconer, D. S. (1984): Einführung in die quantitative Genetik, Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.

Fischerleitner, F. & Berger, B. & Attender, V. (2007): Der Beitrag der österreichischen Biobauern zur Erhaltung der alten, seltenen Nutztierassen, 9. Wissenschaftstagung Ökologischer Landbau.

Fleischhacker, J. (2010): Interview geführt von Corina Schäfer am 6.6.2010, Edelhof (Niederösterreich).

Fürst, C. & Fürst-Waltl, B. (2006): Züchterische Aspekte zu Kalbeverlauf, Totgeburtenrate und Nutzungsdauer in der Milchviehzucht, Züchtungskunde 78, 365 – 383.

Fürst, C. & Fürst-Waltl, B. (2009): Inzucht & Co - aktuelle Auswertungen zur genetischen Vielfalt, Kunterbunte Rinderwelt, Genetische Vielfalt – Erhaltung

und Züchtung, Seminar des genetischen Ausschusses der ZAR (Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter), Salzburg, 12. März 2009, 17-34.

Fürst, C. (1996): Zuchtwertschätzung für Fruchtbarkeit und Kalbeverlauf, Zuchtwertschätzung beim Rind, Grundlagen und aktuelle Entwicklungen, Seminar des genetischen Ausschusses der ZAR (Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter), Salzburg, März 1996, 15-22.

Fürst, C. (1998): Das Tiermodell - gefährdet ein Zuchtwertschätzverfahren die genetische Vielfalt? Intensivierung und Internationalisierung der Rinderzucht. Auswirkungen auf die genetische Vielfalt, Seminar des genetischen Ausschusses der ZAR (Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter), Salzburg, 12. März 1998, 30–37.

Fürst-Waltl, B. & Sölkner, J. (2001): Entwicklung eines nationalen Zuchtprogrammes für die Fleischrinderzucht, Forschungsbericht im Auftrag des BM:LFUW, der AG österreichischer Fleischrinderzüchter, der Zentralen AG österreichischer Rinderzüchter (ZAR) und des Verbands Fleischrinderzüchter Steiermark.

Fürst-Waltl, B. (1998): Inzucht – ein Problem in der Rinderzucht? Intensivierung und Internationalisierung der Rinderzucht. Auswirkungen auf die genetische Vielfalt, Seminar des genetischen Ausschusses der ZAR (Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter), Salzburg, 12. März 1998, 18–29.

Gandini, G. C. & Ollivier, L. & Danell, B. & Distl, O. & Georgoudis, A. & Groeneveld, E. & Martyniuk, E. & van Arendonk, J. A. M. & Woolliams, J. A. (2004): Criteria to assess the degree of endangerment of livestock breeds in Europe. *Livest. Prod. Sci.* 91, 173–182.

Glaeser, P. (2008): Pedigreeanalyse des Shagya-Arabers in Österreich, Masterarbeit, Universität für Bodenkultur Wien.

Glodek P. (1994): Genetik quantitativer Merkmale, Kräußlich (Hrsg.), Tierzüchtungslehre, 4. Auflage, Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart, 135.

González-Recio, O. & López de Maturana, E. & Gutiérrez, J. P. (2007): Inbreeding Depression on Female Fertility and Calving Ease in Spanish Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science* 90, 5744–5752.

Groeneveld, E. (2010): Pedigree-basiertes Management und Monitoring genetischer Vielfalt in Zuchtpopulationen. *Züchtungskunde*, 82 (1), 29–39.

Haller, M. (2000): Seltene Haus- und Nutztierassen, Leopold Stocker Verlag, Graz/Stuttgart.

Hansen J. & Hermes A. (1905): Die Rindviehzucht im In- und Auslande, 1. Band, Verlag Richard Carl Schmidt u Co., Leipzig.

Hunt, V. (2009): Assessment of Conservation Breeding Programs Using Pedigree Analysis with Regard to Inbreeding Depression, Masterarbeit, Universität für Bodenkultur Wien.

Köck, A. (2008): Inzuchtdepression für Fruchtbarkeitsmerkmale bei Edelschwein und Landrasse, Diplomarbeit, Universität für Bodenkultur Wien.

Künzi, N. & Stranzinger, G. (1993): Allgemeine Tierzucht, Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.

Lacy, R. C. (1989): Analysis of Founder Representation in Pedigrees: Founder Equivalents and Founder Genome Equivalents. *Zoo Biology* 8/2, 111–123.

Manatrion, S. & Fischerleitner, F. & Baumung, R. (2008): Genetic characterization among some Austrian und Hungarian cattle breeds. *Arch. Tierz., Dummerstorf* 51 5, 426–437.

Martínez, R. A. & García, D. & Gallego, J. L. & Onofre, G. & Pérez, J. & Cañón, J. (2008): Genetic variability in Colombian Creole cattle populations estimated by Pedigree information. *Journal of Animal Science*, 86, 545–552.

Mc Parland, S. & Kearney, J. F. & MacHugh, D. E. & Berry, D. P. (2007): Inbreeding effects on postweaning production traits, conformation, and calving performance in Irish beef cattle. *Journal of Animal Science* 2008.86, 3338–3347.

- Meuwissen, T.H.E. & Luo, Z. (1992): Computing Inbreeding Coefficients in Large Populations. *Genet. Sel. Evol.* 24, 305-313.
- Preinerstorfer, A. (2009): Pedigree Analyse beim österreichischen Haflinger, Diplomarbeit, Universität für Bodenkultur Wien.
- Ranninger, R. (1924): Der Waldviertler Landschlag, seine Verbesserung und Erhaltung, Band IV, Wien.
- Rzewuska, K. & Klewec, J. & Martyniuk, E. (2005): Effect of inbreed on reproduction and body weight of sheep in a closed Booroola flock. *Animal Science Papers and Reports* (4), 237–247.
- Samraus, H. (1999): Gefährdete Nutzierrassen. Ihre Zuchtgeschichte, Nutzung und Bewahrung, 2. Auflage, Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.
- SAS (2008): Version 9.2, SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
- Schlötterer, C. (1998): Molekulare Marker – ein wesentlicher Beitrag zum Verständnis der Geschichte des Rinds und der Erhaltung seiner genetischen Vielfalt, Seminar des genetischen Ausschusses der ZAR (Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter), Salzburg, 12. März 1998, 38–43.
- Siderits, M. (2011): Pedigree-Analyse der deutschen Paint-Horse-Population, Masterarbeit, Universität für Bodenkultur Wien.
- Sölkner, J. & Baumung, R. (2001): Kombination von Pedigree- und Markerinformation für die Erstellung von Anpaarungsplänen zur Erhaltung gefährdeter Haustierrassen, Abschlussbericht, Universität für Bodenkultur Wien.
- Sölkner, J. & Filipčič, L. & Hampshire, N. (1998): Genetic variability of populations and similarity of subpopulations in Austrian cattle breeds determined by analysis of pedigrees. *Journal of Animal Science*, 67, 249–256.
- Sölkner, J. (1998): Schätzung der genetischen Vielfalt mittels Stammbaumanalyse: Ergebnisse für die österreichischen Rinderrassen,

Intensivierung und Internationalisierung der Rinderzucht. Auswirkungen auf die genetische Vielfalt, Seminar des genetischen Ausschusses der ZAR (Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter), Salzburg, 12. März 1998, 44–54.

Sørensen, A. C. & Sørensen, M. & Berg, P. (2004): Inbreeding in Danish dairy cattle breeds, 55th Annual Meeting of European Association for Animal Production, Bled, Slovenia, 5.–8. September 2004.

Wokac, Ruth M. (2003): Bedeutung der Inzucht bei Tauernschecken-Ziegen. Arch. Tierz., Dummerstorf 46 5, 455–469.

Wright, S. & McPhee, H. C. (1925): An approximate method of calculating coefficients of inbreeding and relationship from livestock pedigrees. Journal of Agricultural Research 31, 377–383.

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 horse breed based on pedigree information. Livestock Production Science, 77, 137–146.

Onlinequellen:

AMA (o. J.): ÖPUL 2007 – Seltene Nutztierassen, Version 1.2, URL: http://www.ama.at/Portal.Node/public?genetics.rm=PCP&genetics.pm=gti_full&p.contentid=10008.47329&MEB_SN.pdf [12.2.2010].

Arche Noah (o. J.): Waldviertler Blondvieh, URL: http://www.arche-noah.at/etomite/assets/downloads/Kulturpflanzenvielfalt/Waldviertler_Blondvieh.pdf [30.03.2011].

Fischerleitner, F. & Berger B. (o. J.): Wie können Landwirte seltene Rassen erhalten? ÖPUL – Maßnahmen 2007 – 2013, URL: http://www.arche-austria.at/uploads/media/oepul_massnahmen_2007_-_2013_oegene.pdf [18.01.2011]-

Fischerleitner, F. (2007): Das österreichische Programm zur Erhaltung der genetischen Ressourcen landwirtschaftlicher Nutztiere, URL:
https://www.raumberg-gumpenstein.at/c/index.php?option=com_docman&task=doc_view&gid=2304&Itemid=100014&lang=de [18.01.2010].

Fürst, B. & Jöbstl, C. & Wagner, I. (2004): Das Waldviertel, URL:
http://www.univie.ac.at/karto/lehre/geoinfo/agi04/projekte/team08/gebb_psagi08.pdf [15.10.2010].

Kloiber, Ä. (1952): Die Rinder-Rassen in Oberösterreich von der urgeschichtlichen Zeit bis zur Gegenwart. Jahrbuch des Oberösterreichischen Musealvereines 97, S. 161–180, URL:
http://www.landesmuseum.at/pdf_frei_remote/JOM_97_0161-0180.pdf [30.03.2011].

Lebensministerium (2010): Kühe und Rinder, URL:
<http://duz.lebensministerium.at/duz/duz/theme/view/878821/779055/827/700> [20.01.2011].

Permakultur (o.J.): Das Waldviertler Blondvieh, URL:
http://www.permakultur.at/themen/tiere/rinder/waldviertler_blondvieh.html [20.10.2010].

Slowfood Waldviertel (o. J.): Waldviertler Blondvieh, URL:
<http://www.slowfoodwaldviertel.at/jos/waldviertler-blondvieh> [15.11.2010].

Wright (1950): The genetical structure of populations, URL:
<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1469-1809.1949.tb02451.x/pdf> [6.10.2010].

ZAR (2011): Rinderzucht Austria, Jahresbericht Ausgabe 2011, URL:
<http://www.zuchtdata.at/filemanager/download/22808/> [11.6.2011].

ZAR (o. J.): Zuchtwertschätzung Kalbeverlauf und Totgeburtenrate, URL:
<http://cgi.zar.at/download/ZWS/Kalbeverlauf.pdf> [12.10.2010].