

Institut für Tierhaltung und Tierzucht der Universität Hohenheim
Fachgebiet Genetik und Züchtung landwirtschaftlicher Nutztiere
Prof. Dr. Jörn Bennewitz

**Pedigreeanalysen zur Beschreibung der populations- und quantitativgenetischen
Situation von baden-württembergischen Lokalrinderrassen**



DISSERTATION

zur Erlangung des Grades eines Doktors
der Agrarwissenschaften

vorgelegt

der Fakultät Agrarwissenschaften

von

SONJA HARTWIG

M. Sc. (Agr)

aus Edertal-Böhne

Hessen

Hohenheim 2014

Institut für Tierhaltung und Tierzucht der Universität Hohenheim
Fachgebiet Genetik und Züchtung landwirtschaftlicher Nutztiere
Prof. Dr. Jörn Bennewitz

**Pedigreeanalysen zur Beschreibung der populations- und quantitativgenetischen
Situation von baden-württembergischen Lokalrinderrassen**

DISSERTATION

zur Erlangung des Grades eines Doktors
der Agrarwissenschaften

vorgelegt

der Fakultät Agrarwissenschaften

von

SONJA HARTWIG

M. Sc. (Agr)
aus Edertal-Böhne
Hessen

Hohenheim 2014

Dekanin:	Prof. Dr. Martina Brockmeier
Prüfungsvorsitzender:	Prof. Dr. Dr. h.c. Rainer Mosentin
1. Prüfer, Berichterstatter	Prof. Dr. Jörn Bennewitz
2. Prüfer, Mitberichterstatter	Dr. PD habil. Dirk Hinrichs
3. Prüfer	apl. Prof. Dr. habil. Michael Grashorn
Tag der mündlichen Prüfung	28.11.2014

Inhaltsverzeichnis

Einleitung	2
Kapitel 1	5
Kapitel 2	14
Kapitel 3	40
Kapitel 4	58
Allgemeine Diskussion	72
Allgemeine Zusammenfassung	82
General Summary	85
Danksagung	87
Curriculum Vitae	88
Eidesstattliche Erklärung	89

Einleitung

Lange Zeit waren die deutsche und damit auch die baden-württembergische Rinderzucht durch viele verschiedene Schläge mit spezieller Standorteignung geprägt (Sambraus, 2010). Allerdings wurden spezialisierte Hochleistungsrassen auf Grund von technischem Fortschritt, veränderten Marktsituationen und Konsumgewohnheiten immer populärer. Diese Rassen wurden im Gegensatz zu den kleinen Lokalpopulationen intensiv züchterisch bearbeitet. Auf Grund der Überlegenheit in der Leistung wurden Lokalrassen durch Hochleistungsrassen ersetzt und verdrängt. Anzahl und Größe der traditionellen Schläge ging stetig zurück (Oldenbroek, 2007). Erhaltungszuchtprogramme sollen heute den Fortbestand der verbliebenen Lokalrassen, ihren Beitrag zur Agrobiodiversität und den Erhalt von Tradition und Kultur sichern (Sambraus, 2010).

Möglichkeiten zur Konsolidierung und Weiterentwicklung lokaler Rinderpopulationen werden in **Kapitel 1** beleuchtet. Zuchtprogramme zur Erhaltung und Weiterentwicklung von Traditionsrassen stehen vor der Herausforderung eines Zielkonflikts. Die Wettbewerbsfähigkeit der kleinen Rassen soll nicht weiter beeinträchtigt werden. Daher sollte ein gewisser Zuchtfortschritt realisiert werden können. Daneben sollen aber auch genetische Variabilität und genetische Eigenständigkeit erhalten werden, was nach der Reduktion von Inzucht und Fremdrassenbeiträgen verlangt. Die Anwendung geeigneter Züchtungsmethoden nach Wellmann et al. (2012) wird zur Lösung des Konfliktes empfohlen. Weiterhin werden Möglichkeiten und Bedeutung der genomischen Selektion erörtert (z.B De Roos et al., 2009). Schließlich sollten Leistungsprüfungen etabliert werden, die rassenspezifische Produkte und Leistungen berücksichtigen.

In **Kapitel 2** wird die genetische Variabilität von Vorderwälder, Hinterwälder und Limpurger Rindern analysiert. Dazu wurden jeweils zwei Referenzpopulationen definiert und zensus- und pedigreebasierte Methoden angewandt (Cervantes et al., 2011; Gutiérrez et al., 2009; Hill, 1979). Neben der effektiven Populationsgröße wurden die effektive Anzahl Founder und die effektive Anzahl Ancestors berechnet (Boichard et al., 1997; Lacy, 1989). An Hand dieser Parameter wurde unter Berücksichtigung der jeweiligen Zuchthistorie die Entwicklung und das Zuchtmanagement der drei Rassen beurteilt. Während die Werte der Wälderrassen auf ausreichend genetische Diversität für den Fortbestand der Rassen hindeuten, sind die Werte der Limpurger bisher noch zu gering.

Hochleistungsrassen wurden häufig in Lokalrassen eingekreuzt. Zum einem sollte die Gefahr von Inzuchtdepressionen reduziert, zum anderen die Leistung gesteigert werden (Sambraus, 2010). In **Kapitel 3** wird der Zuchtfortschritt für Mastleistungsmerkmale von Vorder- und Hinterwäldern bewertet. Zusätzlich wird untersucht, welchen Einfluss Fremdrassen auf die Entwicklung dieser Merkmale haben. Für beide Rassen ergeben sich nennenswerte Beiträge fremder Rassen. Wird der genetische Trend um die Migranteneinflüsse korrigiert, so ist kaum eine Entwicklung zu beobachten. Während die Zuchtarbeit für Hochleistungsrassen sehr intensiv vorangetrieben wurde, war sie für die Lokalrassen weniger zielorientiert. Zusätzlich waren Erhaltungszuchtprogramme lange auf den Erhalt der genetischen Variabilität und den Bestand rassespezifischer Eigenschaften und weniger auf Zuchtfortschritt ausgelegt (DGfZ, 2013). Eine gewisse Wirtschaftlichkeit der zu erhaltenden Rassen ist aber Voraussetzung für den erfolgreichen Erhalt der jeweiligen Population (Meuwissen, 2009).

Da es sich bei Vorder- und Hinterwälder Rind um Doppelnutzungsrassen handelt ergänzt **Kapitel 4** die Untersuchungen aus **Kapitel 3** um die Betrachtung der Entwicklung der Milchleistungen. Neben dem Zuchtfortschritt wird auch in **Kapitel 4** der Einfluss von Fremdrassen auf die Leistungsentwicklung untersucht. Das Einkreuzen von Hochleistungsrassen in Lokalpopulationen wird unter den verschiedenen Interessensvertretern in einem Erhaltungsprogramm kontrovers diskutiert. Auf der einen Seite sollen Leistungen und damit die Wirtschaftlichkeit der Tierhaltung optimiert werden, auf der anderen Seite steht die Beeinträchtigung der Agrobiodiversität (Lauvie et al., 2008).

Die Dissertationsschrift endet mit einer kapitelübergreifenden Diskussion und Zusammenfassung.

Literatur

- 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.
- Cervantes, I., Goyache, F., Molina, A., Valera, M., & Gutiérrez, J. P. (2011). Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. *J. Anim. Breed. Genet.*, **128**, 56-63.
- De Roos, A. P. W., Hayes, B. J., & Goddard, M. E. (2009). Reliability of Genomic Predictions Across Multiple Populations. *Genetics*, **183**, 1545–1553.

- DGfZ (2013). Empfehlung des Fachbeirats Tiergenetischer Ressourcen - Stand, Probleme und Handlungsbedarf bei Erhaltungszuchtprogrammen für einheimische vom Aussterben bedrohte Nutzierrassen. *Züchtungskunde*, **85**, 85–95.
- Gutiérrez, J., Cervantes, I., & Goyache, F. (2009). Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *J. Anim. Breed. Genet.*, **122**, 172–176.
- Hill, W. G. (1979). A Note on Effective Population Size with Overlapping Generations. *Genetics*, **92**, 317–322.
- Lacy, R. C. (1989). Analysis of founder representation in pedigrees - founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biol.*, **8**, 111–123.
- Lauvie, A., Danchin-Burge, C., Audiot, A., Brives, H., Casabianca, F., & Verrier, E. (2008). A controversy about crossbreeding in a conservation programme: The case study of the Flemish Red cattle breed. *Livest. Sci.*, **118**, 113–122.
- Meuwissen, T. (2009). Genetic management of small populations: A review. *Acta Agric. Scand. A Anim. Sci.*, **59**, 71–79.
- Oldenbroek, K. (2007). *Utilisation and conservation of farm animal genetic resources*. (K. Oldenbroek, Ed.). Wageningen: Wageningen Academic Publishers.
- Sambraus, H. H. (2010). *Gefährdete Nutzierrassen: ihre Zuchtgeschichte, Nutzung und Bewahrung* (3rd ed., pp. 10–21; 155–183). Stuttgart: Ulmer Verlag.
- Wellmann, R., Hartwig, S., & Bennewitz, J. (2012). Optimum contribution selection for conserved populations with historic migration. *Genet. Sel. Evol.*, **44**, 34.

Kapitel 1

Züchterische Aspekte zur Konsolidierung und Weiterentwicklung bedrohter lokaler Rinderpopulationen

Sonja Hartwig¹, J. Bennewitz¹

¹ Institut für Tierhaltung und Tierzucht, Universität Hohenheim, Garbenstraße 17,
70599 Stuttgart

Veröffentlicht in:

Züchtungskunde 1/ 2014; 86: 19-24

Züchterische Aspekte zur Konsolidierung und Weiterentwicklung lokaler Rinderpopulationen

Sonja Hartwig¹, J. Bennewitz¹

¹ Institut für Tierhaltung und Tierzucht, Universität Hohenheim, Garbenstraße 17, 70599
Email: Sonja Hartwig – shartwig@uni-hohenheim.de; Jörn Bennewitz – j.bennewitz@uni-hohenheim.de

Zusammenfassung

Lokale Rassen haben es schwer und zunehmend schwerer, sich gegen Hochleistungsrassen zu behaupten. Der Verlust von lokalen Rassen bedeutet einen Verlust von Kulturgut und genetischer Diversität. Die Herausforderungen an Zuchtprogramme zur Erhaltung und Weiterentwicklung lokaler Rassen sind vielseitig. Einerseits muss Zuchtfortschritt realisiert werden, um die Wettbewerbsfähigkeit nicht weiter einzuschränken. Sind die Lokalrassen nicht profitabel, verlieren die Tierhalter ihre Motivation und es entstehen artifizielle Zoopopulationen. Andererseits müssen aber auch genetische Eigenständigkeit und genetische Diversität erhalten bleiben. Das bedeutet, dass Fremdrassenbeiträge und Inzucht minimiert werden müssen. Für lokale Rinderpopulationen besteht somit ein Zielkonflikt zwischen dem Zuchtfortschritt, der genetischen Diversität und der genetischen Eigenständigkeit. Dieser Zielkonflikt kann systematisch durch geeignete Züchtungsmethoden gelöst werden. Die genomische Selektion in kleinen Populationen ist derzeit nicht praxisreif. Jedoch sollten in den kleinen Populationen gewisse Vorarbeiten getroffen werden, um abschätzen zu können, ob dieses Zuchtinstrument auch eine Alternative für sie darstellen könnte. Die zusätzliche Berücksichtigung spezifischer Merkmale (Nischenmerkmale) im Zuchtziel verlangt die Etablierung von Leistungsprüfungen für diese Merkmale, ohne die eine Zuchtarbeit nicht möglich ist.

Schlüsselwörter: lokale Rinderrassen, Wettbewerbsfähigkeit, Zuchtmethoden, Zielkonflikt

Summary

Future trends in conservation breeding programs of local cattle populations

While high yielding breeds become more and more popular, local breeds become less important. But the loss of their genetics means simultaneously loss of cultural values and loss

of genetic diversity. The challenge of a conservation breeding program is to realise genetic progress and keep genetic diversity and genetic autonomy. This conflict of goals can be solved by the systematic implementation of adapted breeding methods. Genomic selection is not an option at the moment, but might become an interesting tool in the future. Preparation and further analyses are of importance. Additionally, the implementation of special alternative traits might be helpful for conservation of local breeds.

Keywords: Local cattle breeds, profitability, breeding tools, conflict of interest

Einleitung

Mit der Intensivierung der Landwirtschaft haben über Jahrzehnte besonders leistungsstarke Rinderrassen und Produktionssysteme an Bedeutung gewonnen. Zeitgleich wurde eine große Zahl von Lokalrassen, die häufig durch eine spezielle Standortanpassung gekennzeichnet waren, verdrängt. In der zweiten Hälfte des 20. Jahrhunderts besannen sich staatliche Institutionen auf den Erhalt der Agrobiodiversität. Es wurden verschiedene Förderprogramme ins Leben gerufen. Heute zeichnet sich die deutsche Rinderhaltung durch wenige große und viele kleine Rassen aus. Doch die Bedeutung der kleinen Rassen wird stetig geringer. Diese Entwicklung wird durch die genomische Selektion zusätzlich verstärkt. Es ist zu erwarten, dass diese Technologie den Zuchtfortschritt in den großen Rassen wie Holstein und Fleckvieh nochmals deutlich beschleunigen wird. Kernstück dieser Zuchtmethode ist eine ausreichend große Referenzstichprobe, in der die Tiere an massiven Markern genotypisiert und in irgendeiner Form auch leistungsgeprüft sind. Für kleine Rassen ist es sehr schwer, eine eigene Referenzstichprobe aufzustellen und diese Technologie in ihrem Zuchtprogramm zu etablieren.

Lokalrassen erfahren staatliche Zuwendung. Unterstützungen zum Erhalt bedrohter Lokalrassen werden mit ökonomischen und soziokulturellen Werten begründet und sind weitgehend akzeptiert (Oldenbroek, 2007). Dennoch sollten Erhaltungszuchtprogramme effizient, individuell und organisiert aufgestellt sein. Auch wenn Lokalrassen kaum mit den intensiven Rassen in den Wettbewerb treten können, ist die Steigerung der tierischen Leistung wichtig. Nur so kann das Einkommen aus der Tierhaltung gesichert und damit die Motivation, diese Rassen zu halten auch langfristig aufrechterhalten werden. Erhaltungsmaßnahmen können aber nicht ausschließlich auf Zuchtfortschritt ausgelegt sein. Zusätzlich müssen genetische Variabilität innerhalb der Rassen und besonders die genetische Eigenständigkeit der Rassen erhalten bleiben. Das Vernachlässigen eines dieser drei Zielaspekte würde entweder zur Verfremdung oder zu immer weiteren Benachteiligungen hinsichtlich der

Leistungsmerkmale der Lokalrassen führen. Die Berücksichtigung aller drei Aspekte stellt die Züchter und Halter vor eine große Herausforderung, für die es die passenden Kompromisse zu schließen gilt. In diesen Rahmen stehen verschiedene Praktiken und Techniken zur Verfügung, über deren sinnvollen Einsatz diskutiert werden sollte. Zusätzlich sollte über eine alternative, marktunabhängige Bewertung der Lokalrassen nachgedacht werden. Immerhin wird ihre Erhaltung auch mit einem Versicherungsaspekt für die Zukunft und als Beitrag zum Erhalt von Tradition und Kultur begründet. Dafür sollte ein greifbarer Gegenwert zur Verfügung stehen. Nachfolgend wird zunächst die aktuelle Situation vieler Lokalrassen exemplarisch dargestellt. Im Anschluss daran sollen züchterische Methoden zur Konsolidierung und Weiterentwicklung der Populationen vorgestellt und der Handlungsbedarf skizziert werden.

Situationsanalyse

Im Laufe der Jahrzehnte haben sich einige wenige besonders leistungsstarke Rinderrassen etabliert. Innerhalb dieser Rassen wurde intensiv auf Leistung selektiert. Die Zucht dieser Tiere wurde staatlich propagiert und unterstützt. Robustere, aber auch leistungsschwächere Genetik verlor an Bedeutung. Um dem hiesigen Trend der Leistungssteigerung standzuhalten, wurden die Lokalrassen mit verschiedenen leistungstärkeren Rassen verpaart. Diese Taktik hat den Zuchtfortschritt gefördert und auch die genetische Variabilität in lokalen Rassen verbessert. Allerdings wurde dabei die genetische Eigenständigkeit der Lokalrassen stark eingeschränkt, teilweise wurden Rassen ganz verdrängt.

Hartwig et al. (2013) haben untersucht, wie es um die genetische Variabilität von Vorderwälder-, Hinterwälder- und Limpurger Rind steht. Alle drei Rassen werden über das baden-württembergische Agrarumweltprogramm MEKA (Marktentlastungs- und Kulturlandschaftsausgleich) gefördert. Der Förderumfang durch MEKA ist mit 70 € für jede im Herdbuch eingetragene Vorderwälder Kuh geringer als die Förderung der anderen beiden Rassen, die jeweils 120 € beträgt. Die Ergebnisse der Untersuchungen zeigen für beide Wälderrassen mit inzuchteffektiven Populationsgrößen von jeweils über 120 langfristig ausreichend genetische Variabilität (Hartwig et al., 2013). Zudem ist nicht damit zu rechnen, dass die beiden Rassen in den nächsten Jahren aussterben werden (Bennewitz & Meuwissen, 2005). Die ehemals schon für ausgestorben erklärte und sich im Wiederaufbau befindliche Rasse der Limpurger dagegen befindet sich mit einer inzuchteffektiven Populationsgröße von knapp 40 noch im bedenklichen Bereich (Hartwig et al., 2013).

Neben der genetischen Variabilität der reinrassigen Tiere haben Einkreuzungen fremder Rassen über die Jahre Einfluss auf Erscheinungsbild und Leistungsvermögen der Lokalrassen genommen. Beispielsweise hat sich der Phänotyp der Vorderwälder Rinder durch den Einfluss von Fleckvieh, Ayrshire, Montbéliard und Red Holstein über die Jahre zusehends verändert. Um 1900 wurden Vorderwälder noch häufig als Rückenschecken beschrieben, was bedeutet, dass sie ähnlich wie Pinzgauer oft weiße Rücken, Köpfe, Bäuche und Unterbeine zeigten. Durch die Einkreuzung von Fleckvieh ging diese Fellzeichnung fast vollständig verloren. Aber auch der Körperbau veränderte sich. Der Rahmen und das Gewicht wurden größer. Die Bemuskelung wurde schwächer, was auch zu schlechteren Schlachtleistungen von Masttieren geführt hat. Der häufig angepriesene harmonische Körperbau ging nahezu komplett verloren. Ende der 60er Jahre war die Vorderwälder Population so klein, dass kaum selektiert und Zuchtfortschritt realisiert werden konnte. Zusätzlich standen nur noch wenige Bullen zur Verfügung. Die Einkreuzung einer fremden Rasse sollte Abhilfe schaffen. Die Wahl fiel auf das Ayrshire Rind. Durch die Einkreuzung wurden Euteraufhängung und Eutertextur verbessert. Auch die Milchleistung konnte gesteigert werden. Allerdings vererbte die fremde Genetik auch Nachteile wie kurze Striche und Mängel in den Fundamenten. Die Kreuzungen waren weniger Zweinutzungstypen als milchtypisch, was negativ für die Masteigenschaften war. Außerdem wurde die Scheckung der Ayrshire häufig sichtbar. Ende der 70er Jahre wurde dann Red Holstein Genetik eingekreuzt. Damit sollte die Milchleistung weiter verbessert werden und das Überhandnehmen einiger Ayrshire-Linien reduziert werden (Sambraus, 2010). Untersuchungen von Hartwig et. al (2014) zeigen zudem, dass der Zuchtfortschritt für Mastleistungsmerkmale von Vorderwälder- und Hinterwälder Rindern in großen Teilen durch nennenswerte Fremdrassenbeiträge hervorgerufen wurde. Der um Fremdrassenbeiträge korrigierte Trend der Zuchtwerte zeigte dagegen kaum Entwicklung. Zusätzlich haben veränderte Produktions- und Marktbedingungen zu alternativen Nutzungsrichtungen geführt. So wird beispielsweise das ehemals milchbetonte Hinterwälder Rind vermehrt in der Mutterkuhhaltung eingesetzt. Alternative Nutzungsrichtungen können durch Nischenfindung die Wettbewerbsfähigkeit der Lokalrassen steigern und damit auch die Tierhalter motivieren, wenn sie angemessen entlohnt werden können.

Zielkonflikte und Optimum Contribution Selection als Lösungsansatz

Wie eingangs beschrieben, befinden sich kleine Populationen in einem komplexen Spannungsfeld. Der bestehende Zielkonflikt in den Erhaltungszuchtprogrammen dieser Populationen wird in Abbildung 1 dargestellt.

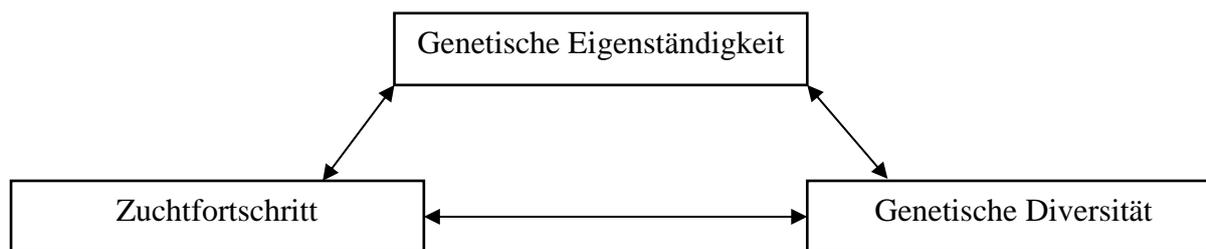


Abbildung 1: Zielkonflikt bei der züchterischen Bearbeitung kleiner Rassen

Der Konflikt zwischen Zuchtfortschritt und genetischer Diversität ist bei allen Rassen zu finden. Dabei wird angenommen, dass ausreichend genetische Diversität vorhanden ist, wenn die effektive Populationsgröße zwischen 50-100 liegt. Das wird erreicht, wenn möglichst viele Tiere selektiert werden. Zusätzlich sollte mit jedem Tier die gleiche Anzahl Nachkommen erzeugt werden. Zuchtfortschritt wird dagegen realisiert, wenn nur wenige und besonders leistungsstarke Tiere als Eltern selektiert und intensiv eingesetzt werden. Eine methodische Herangehensweise ist die Nutzung von Optimum Contribution Selection (Meuwissen, 1997). Diese Methode erlaubt die Kontrolle der Verwandtschaft der selektierten Eltern bei simultaner Maximierung ihrer durchschnittlichen geschätzten Zuchtwerte. Als Ergebnis schlägt sie für jedes mögliche Elterntier eine optimale Einsatzfrequenz (engl. optimum contribution) vor (welche natürlich auch null sein kann). Werden die Tiere entsprechend dieser vorgeschlagenen Frequenz auch tatsächlich eingesetzt, so wird (i) der Zuchtfortschritt maximiert und (ii) der Inzuchtanstieg auf einen voreingestellten Wert (z.B. 0,05 bis 1% pro Generation, was eine effektive Populationsgröße zwischen 50 und 100 bedeutet) restriktiert. Diese Methode trägt so zur Lösung des Zielkonfliktes zwischen dem Zuchtfortschritt und der genetischen Diversität bei. Sie schlägt eine hohe Einsatzfrequenz für die Tiere vor, die einen hohen geschätzten Zuchtwert und wenig Verwandtschaft zum Rest der Population haben. In lokalen Populationen mit Fremdgeneinkreuzungen von Hochleistungsrassen werden dies jedoch hauptsächlich solche Tiere sein, die viel Fremdgene in sich tragen. Daher wird die Nutzung dieser Methode zwar den ersten Zielkonflikt lösen, jedoch dazu beitragen, dass der Fremdgenanteil in der Population weiter zunehmen und dadurch die genetische Eigenständigkeit weiter abnehmen wird.

Wellmann et al. (2012) haben eine alternative Optimum Contribution Selection Methode entwickelt, die den Zielkonflikt zwischen der genetischen Eigenständigkeit und der genetischen Diversität löst. In der Methode wird die optimale Einsatzfrequenz der Elterntiere so bestimmt, dass die genetische Diversität maximiert und der Fremdgenanteil restriktiert wird.

In einer Anwendung an den Vorder- und Hinterwäldern konnten sie zeigen, dass es mit dieser Methode möglich ist, die Fremgenbeiträge deutlich zu reduzieren, ohne dass die genetische Diversität zu stark abnimmt. Die Autoren planen, diese Methode weiterzuentwickeln und als zusätzliche Restriktion die geschätzten Zuchtwerte der Elterntiere mit zu berücksichtigen (Wellmann et al., unveröffentlicht). Somit stellt diese Methode ein Werkzeug dar, welches in der Lage ist, die in Abbildung 1 dargestellten Zielkonflikte simultan zu lösen. Es müssen dann exemplarische Umsetzungsprojekte folgen, in denen gezeigt wird, welche Konsequenzen die Nutzung dieser Methode für die Züchterschaft hat und mit welchen Ergebnissen in den einzelnen Populationen gerechnet werden kann.

Genomische Selektion auch in kleinen Populationen?

Wie eingangs beschrieben, stellt die genomische Selektion in den großen Rassen derzeit eine Bedrohung für kleine Rassen dar, da hier diese Technik nicht ohne weiteres implementiert werden kann. Das Hauptproblem (neben organisatorischen Problemen und dem oftmals nicht optimalen Organisationsgrad der Züchterschaft) ist die Etablierung einer eigenen und ausreichend großen Referenzstichprobe. Eine Idee ist die Etablierung einer rassenübergreifenden Referenzstichprobe. Dazu müssten für die kleinen Rassen jeweils eine große Partnerrasse mit einer bestehenden großen Lernstichprobe identifiziert werden. Diese Lernstichprobe müsste dann mit Tieren aus der kleinen Population ergänzt werden. Simulationsstudien haben gezeigt, dass diese Strategie erfolgreich für die kleinen Populationen sein kann, wenn (i) die Markerdichte hoch ist, (ii) die große Partnerrasse mit der kleinen Rasse phylogenetisch nicht zu weit auseinander liegt und (iii) die kleine Rasse auch einen gewissen Anteil zur Referenzstichprobe beisteuert (de Roos et al., 2009). Die hohe Markerdichte ist notwendig, da ein rassenübergreifendes Kopplungsungleichgewicht genutzt werden muss. Eine enge phylogenetische Beziehung fördert zudem ein rassenübergreifendes stabiles Kopplungsungleichgewicht. Der Beitrag der kleinen Rasse zur gemeinsamen Referenzstichprobe sollte in etwa bei 500-1000 Tieren liegen. Diese Zahl ist mit nachkommengeprüften Bullen in den meisten kleinen Populationen nicht zu erreichen und es müssten Kühe mittypisiert werden. Sollten die obigen drei Punkte erfüllt sein, so könnte die genomische Selektion auch in kleinen Rassen für die klassischen Merkmale (nicht für die rassenspezifischen Nischenmerkmale, siehe unten) eine erfolgversprechende Strategie werden. Derzeit ist es zu früh, die Umsetzung solcher Programme für kleine Rassen vorzuschlagen. Jedoch sollten für kleine Rassen, für die es prinzipiell eine Alternative darstellt, gewisse Vorarbeiten in die Wege geleitet werden. Dazu gehört eine umfangreiche

Bestandsaufnahme für die Auswahl der Tiere, die für die Referenzstichprobe in Betracht kämen. Weiterhin sollte eine Stichprobe von möglichst unverwandten Tieren mit einem sehr dichten SNP-Chip genotypisiert oder resequenziert werden. Die gewonnenen Genotypen könnten zur Abschätzung der verwandtschaftlichen Beziehungen mit den großen Rassen und somit bei der Identifizierung einer großen Partnerrasse genutzt werden. Zudem könnten die Genotypen zur Abschätzung der genetischen Eigenständigkeit der lokalen Rasse genutzt werden. Diese zentralen nicht sehr kostenintensiven Vorarbeiten trügen dazu bei, eine Abschätzung der Erfolgsaussichten der genomischen Selektion vorzunehmen, um dann, bei positivem Ergebnis, zügig mit der Erprobungsphase beginnen zu können.

Abschließend zu diesem Punkt sei erwähnt, dass die Nutzung einer gemeinsamen Referenzstichprobe für kleine Rassen mit der Gefahr einhergeht, dass die Gene der großen Rasse in der kleinen Rasse angereichert werden, da diese wahrscheinlich einen größeren Effekt auf die Merkmale haben und zudem diese Effekte mit einer höheren Genauigkeit geschätzt werden können. Daher sollte die Technik der genomischen Selektion mit der Optimum Contribution Selection Methode von Wellmann et al. (2012) auf genomischer Ebene kombiniert werden.

Rassenspezifische Zuchtrichtungen

Eine weitere Möglichkeit zur Einkommenserweiterung wären rassenspezifische Produkte, die im Hochpreissegment vermarktet werden können. Dazu müssen allerdings Erzeugungsrichtlinien und entsprechende Absatzmärkte geschaffen werden (Oldenbroek, 2007). Mit dem Ziel zukunftsfähige Zuchtziele zu formulieren, schlagen Rössler et al. (2013) vor, die Tierhalter direkt nach Selektionskriterien zu befragen, die für sie wichtig sind. Als wichtigste Merkmale von Hinterwälder Rindern wurden hier Charaktereigenschaften, Bemuskelung und Fleischleistung genannt. Der aktuelle Schwerpunkt von Zuchtziel und Leistungsprüfung liegt jedoch auf der Milchleistung. Bei der Befragung von Tierhaltern muss allerdings berücksichtigt werden, dass der einzelne Tierhalter selten das optimale Zuchtziel für die gesamte Population berücksichtigen wird. Außerdem sind Merkmale wie Charaktereigenschaften schwerlich objektiv zu erfassen. Dennoch bietet die direkte Befragung der Praktiker Einblick in die wahren praktischen Bedürfnisse. Hinzu kommt die Motivation der Tierhalter durch direkte Einbeziehung in Entscheidungen (Rössler et al., 2013). Die Leistungsprüfung für die genannten Merkmale ist jedoch von zentraler Bedeutung, da ohne sie naturgegeben keine Zuchtarbeit möglich ist.

Schlussfolgerung

Lokale Rassen haben es schwer und zunehmend schwerer, sich gegen Hochleistungsrassen zu behaupten. Für sie besteht der dreifache Zielkonflikt zwischen dem Zuchtfortschritt, der genetischen Diversität und der genetischen Eigenständigkeit. Dieser Zielkonflikt kann systematisch durch geeignete Züchtungsmethoden gelöst werden. Die genomische Selektion in kleinen Populationen ist derzeit nicht praxisreif. Jedoch sollten in den kleinen Populationen gewisse Vorarbeiten getroffen werden, um abschätzen zu können, ob dieses Zuchtinstrument auch eine Alternative für sie darstellen könnte. Die Berücksichtigung spezifischer Merkmale (Nischenmerkmale) im Zuchtziel verlangt die Etablierung von Leistungsprüfungen für diese Merkmale, ohne die eine Zuchtarbeit nicht möglich ist.

Literatur

- Bennewitz, J., & Meuwissen, T. H. E. (2005). Estimation of extinction probabilities of five german cattle breeds by population viability analysis. *J. Dairy Sci.*, **88**, 2949–2961.
- De Roos, A. P. W., Hayes, B. J., & Goddard, M. E. (2009). Reliability of Genomic Predictions Across Multiple Populations. *Genetics*, **183**, 1545–1553.
- Hartwig, S., Wellmann, R., Hamann, H., & Bennewitz, J. (2013). Pedigreeanalysen zur Beschreibung der genetischen Variabilität bei den baden-württembergischen Rinderrassen Vorderwälder, Hinterwälder und Limpurger. *Züchtungskunde*, **85**, 270–288.
- Meuwissen, T. H. (1997). Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Anim. Sci.*, **75**, 934–940.
- Oldenbroek, K. (2007). *Utilisation and conservation of farm animal genetic resources*. (K. Oldenbroek, Ed.). Wageningen: Wageningen Academic Publishers.
- Rössler, R., Herold, P., Weidele, A., & Valle Zárate, A. (2013). Definition nutzerspezifischer Zuchtziele für Braunvieh und Hinterwälder Rind in Baden-Württemberg. *Züchtungskunde*, **85**, 173–187.
- Sambraus, H. H. (2010). *Gefährdete Nutzierrassen: ihre Zuchtgeschichte, Nutzung und Bewahrung* (3rd ed., pp. 10–21; 155–183). Stuttgart: Ulmer Verlag.
- Wellmann, R., Hartwig, S., & Bennewitz, J. (2012). Optimum contribution selection for conserved populations with historic migration. *Genet. Sel. Evol.*, **44**, 34.

Kapitel 2

Pedigreeanalysen zur Beschreibung der genetischen Variabilität bei Vorderwälder, Hinterwälder und Limpurger

Sonja Hartwig¹, R. Wellmann¹, H. Hamann², J. Bennewitz¹

¹ Institut für Tierhaltung und Tierzucht, Universität Hohenheim, Garbenstraße 17,
70599 Stuttgart

² Landesamt für Geoinformation und Landentwicklung Baden-Württemberg, Stuttgarter
Straße 161, 70806 Kornwestheim

Veröffentlicht in:

Züchtungskunde 4/ 2013; 85: 270-304

Pedigreeanalysen zur Beschreibung der genetischen Variabilität bei Vorderwälder, Hinterwälder und Limpurger

Sonja Hartwig¹, R. Wellmann¹, H. Hamann², J. Bennewitz¹

¹ Institut für Tierhaltung und Tierzucht, Universität Hohenheim, Garbenstraße 17, 70599.

² Landesamt für Geoinformation und Landentwicklung Baden-Württemberg, Stuttgarter Straße 161, 70806 Kornwestheim.

Email: Sonja Hartwig – shartwig@uni-hohenheim.de; Robin Wellmann – r.wellmann@uni-hohenheim.de; Henning Hamann - Henning.Hamann@lgl.bwl.de; Jörn Bennewitz – j.bennewitz@uni-hohenheim.de

Zusammenfassung

Für die baden-württembergischen Rinderrassen Vorderwälder, Hinterwälder und Limpurger wurde zur Beschreibung der genetischen Diversität in jeweils zwei Referenzpopulationen über zensus- und pedigreebasierte Methoden die effektive Populationsgröße geschätzt. Zusätzlich wurden jeweils die effektive Anzahl Founder und Ancestor berechnet. Der Vergleich der Ergebnisse beider Referenzpopulationen ermöglicht einen Einblick in die genetische Entwicklung und das Zuchtmanagement der Populationen. Die Bewertung der Ergebnisse wurde mit Berücksichtigung der Zuchthistorie der Rassen durchgeführt. Die Vorderwälderpopulation ist die größte der drei Populationen. Die Anzahl der Tiere, die zu den Referenzpopulationen gezählt werden und der Verlauf der Ergebnisse zeigen allerdings, dass die Rasse kaum züchterisch bearbeitet wurde. Die Ergebnisse der Hinterwälder deuten dagegen auf häufige Zufallspaarung und ein gutes Zuchtmanagement im Hinblick auf die genetische Variabilität hin. Während in der ersten Referenzpopulation der Limpurger einige Werte wegen der geringen Tierzahl nicht geschätzt werden konnten, zeigen die Ergebnisse der zweiten Referenzpopulation, dass die Population gewachsen ist. Für beide Wälderrassen kann die genetische Diversität mit Werten von 124,2 bis 165,7 für die inzuchteffektive Populationsgröße, bzw. mit Werten 104,8 bis 125,0 für die varianzeffektive Populationsgröße als ausreichend angesehen werden. Die effektive Populationsgröße der Limpurger, die abhängig von der Schätzmethode zwischen 28,6 bis 45,4 rangiert ist noch als zu gering einzustufen.

Schlüsselwörter: genetische Variabilität, effektive Populationsgröße, effektive Anzahl Founder und Ancestor, Zuchthistorie, Weiterentwicklung der Rassen

Summary

Description of genetic variability of Vorderwald, Hinterwald and Limpurg cattle via pedigree analysis

The Vorderwald, Hinterwald and Limpurg cattle are native breeds located in Baden-Württemberg in the southwest of Germany. In this study pedigree data are used to evaluate the genetic variability of these breeds. For each breed two reference populations were defined. For each reference population the effective population size as well as the effective number of founders and of ancestors was estimated. The results for Vorderwald and Hinterwald cattle revealed that the genetic variability is on a solid level, derivate of an effective Population size ranging from 104,8 to 165,7 according to the estimation method. The effective population size of the Limpurg breed with values between 28,6 and 45,4 is quite small. Recommendations for future management are given.

Keywords: genetic variability, effective population size, effective number of founder and ancestor, breeding history, development of breeds

Einleitung

Noch im 19. Jahrhundert war die Rinderzucht durch eine Vielzahl an Rassen und Schlägen mit niedrigem Verbreitungsgrad gekennzeichnet. Allerdings wurde die Rinderzucht mit der Zeit und der Weiterentwicklung der Landwirtschaft immer produktorientierter. Rassen und Schläge, die auf kargen Standorten entwickelt worden waren und daher zwar anspruchslos und robust, allerdings weniger leistungsstark waren, wurden mit intensiven Rassen gekreuzt oder vollständig durch diese ersetzt (Sambraus, 2010). Die Rassenvielfalt wurde eingeschränkt, aber auch die genetische Diversität innerhalb der Rassen nahm durch Selektion und Drift ab (Bennewitz et al., 2008). Gegen Ende des vergangenen Jahrhunderts haben staatliche Institutionen aller Bundesländer die Notwendigkeit der Erhaltung der Rassenvielfalt erkannt. Die finanziellen Aufwendungen für Maßnahmen zum Erhalt und Förderung der bedrohten Rassen sind teilweise enorm (Sambraus, 2010). Über das im Jahr 1992 geschaffene baden-württembergische Agrarumweltprogramm für Marktentlastung und Kulturlandschaftsausgleich (MEKA) werden unter anderem Vorder- und Hinterwälder Rinder sowie Limpurger Rinder staatlich gefördert. Das Programm schafft einen Ausgleich, wenn durch bestimmte Bewirtschaftungsauflagen höhere Kosten oder geringere Erlöse entstehen. Die Ausgleichszahlungen werden über ein Punktesystem ausgeschüttet. Dabei entspricht ein Punkt derzeit 10 €. Aktuell werden die Vorderwälder mit sieben Punkten für jedes im

Herdbuch eingetragene Muttertier unterstützt. Für im Herdbuch eingetragene Muttertiere der Rassen Hinterwälder und Limpurger werden 12 Punkte vergeben (MLR, 2007).

Zur effektiven Erhaltung und Weiterentwicklung der Rassen ist es notwendig, Pedigreeinformationen auszuwerten, da sie Auskunft über die aktuelle Populationsstruktur, aber auch über das Populationsmanagement geben können. Eine wichtige Kenngröße in der Erhaltungszucht ist die Inzuchtrate. Sie erlaubt Schlüsse über die Gefahr des Eintretens von Inzuchtdepressionen zu ziehen (Goyache et al., 2003). Hinzu kommt die genetische Drift. Sie quantifiziert den Verlust der genetischen Variabilität. Dieser Prozess ist zufällig in Richtung und Ausmaß und führt zu einer vergrößerten Diversität zwischen und einer reduzierten Diversität innerhalb Populationen. Außerdem wird durch die Drift die Homozygotie verstärkt, was zur Ausprägung von Defektallelen und schließlich zu einem Verlust an Vitalität und Fruchtbarkeit führen kann. Das Ausmaß der genetischen Drift wird häufig über die effektive Populationsgröße N_e quantifiziert (Falconer & Mackay, 1996). Es existieren unterschiedliche Methoden zur Berechnung dieser Kenngröße, die sich im Wesentlichen in marker- (Meuwissen & Goddard, 2007), zensus- und pedigreebasierte Methoden (z.B. Falconer & Mackay, 1996; Wellmann & Bennewitz, 2011) einteilen lassen. Eine ausreichend große effektive Populationsgröße ist Voraussetzung dafür, eine Population über einen längeren Zeitraum vital zu erhalten. Meuwissen (2009) empfiehlt eine effektive Populationsgröße von 100 langfristig anzustreben. Neben der effektiven Populationsgröße werden häufig noch zusätzliche Parameter zur Beschreibung der genetischen Variabilität genutzt (Boichard et al., 1997). Diese leiten sich von der Wahrscheinlichkeit der Genherkunft (probability of gene origin) ab. Im Wesentlichen sind es die effektive Anzahl Founder und die effektive Anzahl Ancestor.

Das Ziel dieser Arbeit ist die Analyse der genetischen Diversität der im Land Baden-Württemberg beheimateten Rassen Vorderwälder, Hinterwälder und Limpurger. Dazu wurden umfangreiche Pedigree- und Zensusdaten ausgewertet und die verschiedenen Parameter für jeweils zwei definierte Referenzpopulationen geschätzt. Die Ergebnisse liefern wertvolle Hinweise auf die Entwicklung und den aktuellen Stand der genetischen Diversität in den Rassen. Sie werden im Kontext der jeweiligen Zuchthistorie diskutiert.

Material und Methode

Vom Landesamt für Geoinformationen und Landentwicklung Baden-Württemberg wurden Herdbuchdaten der Rassen Vorderwälder, Hinterwälder und Limpurger zur Verfügung gestellt. Jedes Tier und seine Eltern werden über eine laufende Nummer und über die

Lebensohrmarkennummer identifiziert. Zusätzlich werden das Geburtsjahr, das Geschlecht und die Rasse angegeben. Die Daten wurden aufbereitet und mit dem Computerprogramm ENDOG v4.8 (Gutiérrez & Goyache, 2005) untersucht. Im Folgenden werden zunächst die untersuchten Rassen und ihre Entwicklung dargestellt. Daran schließt sich die Beschreibung der Datenaufbereitung und schließlich die Datenverwertung an.

Die untersuchten Rassen

Vorderwälder

Die Vorderwälder Population ist die größte der hier untersuchten Populationen. Die Populationsstruktur ist in Tab. 1 zusammengefasst. Vorderwälder waren einmal die am weitesten verbreitete Rasse in Baden. Im 19. Jahrhundert war sie die führende Rasse im Schwarzwald.

Tab. 1: Die Population des Vorderwälder Rindes
The Vorderwald cattle's population

Anzahl HB-Betriebe	508 ¹
Davon Milchbetriebe	346 ¹
Davon Mutterkuhbetriebe	162 ¹
Anzahl HB-Kühe	8.436 ¹
Davon Milchkühe	6.911 ¹
Davon Mutterkühe	1.525 ¹
Anzahl HB-Bullen für den Milchbereich	220 ¹
Anzahl MLP-Betriebe	365 ²
Davon HB-Betriebe	344 ²
Davon NHB-Betriebe	21 ²
Anzahl Kühe unter MLP	7.078 ²
Davon HB-Kühe	6.875 ²
Davon NHB-Kühe	203 ²
Anteil KB	49,8% ¹

HB=Herdbuch, NHB=Nichtherdbuch, MLP=Milchleistungsprüfung, KB=künstliche Besamung

Quellen:

¹ Statistischer Jahresbericht 2011, Rinderunion Baden-Württemberg e. V.

² Jahresbericht 2011 Landesverband Baden-Württemberg Leistungs- und Qualitätsprüfung in der Tierzucht

Vorderwälder gehören wie die Hinterwälder zum Wäldervieh. Wie die Trennung beider Rassen zustande kam, ist nicht überliefert. Es ist allerdings anzunehmen, dass sich die Vorderwälder in den tieferen Lagen mit besseren Futterverhältnissen zu einer größeren und schwereren Rasse entwickeln konnten. Der Einfluss von Zuchtgenossenschaften und Zuchtverbänden war über die Jahre immer sehr gering. Anfang des 20. Jahrhunderts war beispielsweise gerade einmal 1% der Vorderwälderkühe im Herdbuch eingetragen. Mitte des 20. Jahrhunderts wurde die Zucht stark auf Milchleistung ausgerichtet. Zusätzlich gab es ein Inzuchtproblem. So wurde 1965 knapp die Hälfte der Bullen auf Grund von Inzucht von der Zucht ausgeschlossen. Um dem entgegenzusteuern, aber insbesondere um die Leistung der kommenden Generationen zu steigern, wurden zunächst Ayrshire Bullen, später dann Red Holstein Bullen und danach Montbéliard Bullen eingesetzt. Die Fremdrassenanteile wurden sehr hoch. Um ein Rind im ursprünglichen Vorderwäldertyp zu erhalten, wurden später Rückkreuzungen angestellt. Trotzdem sind noch heute die Fremdrassenanteile relativ hoch (Sambras, 2010). Tab. 2 beschreibt das aktuelle Zuchtziel der Zweinutzungsrasse.

Tab. 2: Zuchtziel Vorderwälder
Breeding goal Vorderwald cattle

Milchleistung	
Mittlere Jahresleistung in kg	6.000
Fett-%	4,00
Eiweiß-%	3,65
Fleischleistung	
Tägliche Zunahme bei Jungbullen in Mastbetrieben in g	≥ 1.100
Tägliche Zunahme bei männlichen Absetzern in g	≥ 1.200
Widerristhöhe	
Ausgewachsene Kühe in cm	135-138
Ausgewachsene Bullen	140-150
Gewicht	
Ausgewachsene Kühe in kg	550-650
Ausgewachsene Bullen	950-1.050
Farbe und Zeichnung	
Körper	Rotscheckig bis rotblank
Kopf	Weiß mit Abzeichen

Quelle: Persönliche Mitteilung Dr. Franz Maus, Zuchtleiter für Wäldervieh

Das Zuchtprogramm der Vorderwälder arbeitet mit gezielter Paarung und Eigenleistungsprüfung auf Station. Die Züchter bevorzugen bestimmte Linien, zusammen mit dem hohen Natursprunganteil sind daher viele Bullen, Bullenmütter und Bullenväter nötig. Eine ausreichend hohe Zahl Bullen wird durch die Akzeptanz einer niedrigen Sicherheit basierend auf 25-30 Töchtern je Bulle ermöglicht (BLE, 2010).

Hinterwälder

Das Hinterwälder Rind ist die kleinste mitteleuropäische Rinderrasse. Tab. 3 beschreibt Aufbau und Organisation der Population. Mit seiner geringen Körpergröße und der nötigen Robustheit war die Rasse seit jeher bestens an die Bedingungen der Höhenlagen im Südschwarzwald angepasst. Allerdings war die absolute Milchleistung der kleinen Kühe schon im 18. Jahrhundert für viele Tierzuchtbeauftragte wenig zufriedenstellend. Das bedeutete auch für die Hinterwälder Einkreuzungen und Dezimierung des Bestandes, denn oft wurden sie durch leistungsstärkere Rassen ersetzt. Ende des 19. Jahrhunderts machte sich aber die Stammzuchtgenossenschaft die Hinterwälderzucht in Reinzucht unter Verfolgung eines klaren Zuchtziels zur Aufgabe. Knapp 100 Jahre später musste jedoch ein drastischer Rückgang der Viehzahlen beobachtet werden. Vom Jahr 1955 bis zum Jahr 1977 sank die Zahl der Herdbuchtiere und -betriebe bedrohlich. Bemühungen des Landes Baden-Württemberg, Hinterwälder als „eigenständige Rasse zur Landschaftspflege der extensiven Hochweiden“ zu erhalten, brachten nicht den nötigen Erfolg; die Anzahl der Tiere verringerte sich stetig. Um den Restbestand beurteilen zu können, wurde 1986 eine Zählung durchgeführt. Es wurden 4.316 Tiere, davon 2.328 Kühe, von denen 165 älter als 12 Jahre waren, registriert (Sambraus, 2010).

Tab. 3: Die Population des Hinterwälder Rindes (Stand 30.09.2011) RBW, LKV
The Hinterwald cattle's population

Anzahl HB-Betriebe	248 ¹
Davon Milchbetriebe	39 ¹
Davon Mutterkuhbetriebe	209 ¹
Anzahl HB-Kühe	2.331 ¹
Davon Milchkühe	541 ¹
Davon Mutterkühe	1.790 ¹
Anzahl HB-Bullen für den Milchbereich	55 ¹
Anzahl MLP-Betriebe	38 ²
Davon HB-Betriebe	38 ²
Davon NHB-Betriebe	0 ²
Anzahl Kühe unter MLP	536 ²
Davon HB-Kühe	536 ²
Davon NHB-Kühe	0 ²
Anteil KB	15,8% ¹

HB=Herdbuch, NHB=Nichtherdbuch, MLP=Milchleistungsprüfung, KB=künstliche Besamung

Quellen:

¹ Statistischer Jahresbericht 2011, Rinderunion Baden-Württemberg e. V.

² Jahresbericht 2011 Landesverband Baden-Württemberg Leistungs- und Qualitätsprüfung in der Tierzucht

Das heutige Zuchtprogramm setzt trotz des hohen Anteils an Natursprung auf gezielte Anpaarung. Das Zuchtziel orientiert sich stark an der Mutterkuhhaltung. Tab. 4 beschreibt die wichtigsten Elemente im Zuchtziel der Hinterwälder. Bullen werden erst nach zwei bis zweieinhalb Jahren Deckeinsatz als Besamungsbullen ausgewählt. Hierbei ist ähnlich wie beim Vorderwälder-Rind die Linienzugehörigkeit wichtiges Auswahlkriterium. Außerdem werden Leistungs- und Exterieurmerkmale beurteilt (BLE, 2010).

Tab. 4: Zuchtziel Hinterwälder
Breeding goal Hinterwald cattle

Milchleistung	
Mittlere Jahresleistung in kg	4.500
Fett-%	4,20
Eiweiß-%	3,50
Fruchtbarkeitsleistung	
Anzahl Kälber	8
Mittlere Zwischenkalbezeit in Tagen	380
Fleischleistung	
Tägliche Zunahme bei Jungbullen in Mastbetrieben in g	900
Tägliche Zunahme bei männlichen Absetzern in g	1.000
Widerristhöhe	
Ausgewachsene Kühe in cm	118-122
Ausgewachsene Bullen	130-135
Gewicht	
Ausgewachsene Kühe in kg	380-420
Ausgewachsene Bullen	700-800
Farbe und Zeichnung	
Körper	Gelb-/ Rotschecken
Kopf	Weiß, eventuell Abzeichen

Quelle: Persönliche Mitteilung Dr. Franz Maus, Zuchtleiter für Wäldervieh

Limpurger

Tab. 5 beschreibt die Population der Limpurger und deren Organisation hinsichtlich Herdbuchzugehörigkeit, MLP und künstlicher Besamung. Mitte des 19. Jahrhunderts erlebte die Population ihren Höhepunkt. Aber schon einige Jahre später ging der Bestand auf Grund der hohen Nachfrage nach dem hochwertigen Fleisch stark zurück (BLE, 2010). Es fanden Einkreuzungen verschiedenster Rassen statt. Schon gegen Ende des 19. Jahrhunderts war die Reinzucht schwierig, weil nur noch wenige reinrassige Zuchttiere zur Verfügung standen.

Tab. 5: Die Population des Limpurger Rindes
The Limpurg cattle's population

Anzahl HB-Betriebe	87
Anzahl HB-Kühe	488
Anzahl HB-Bullen	25
Anzahl MLP-Betriebe	15
Anzahl Kühe unter MLP	105
Anteil KB	88%
Anzahl Betriebe mit Mutterkuhhaltung	72
Anzahl Mutterkühe	383

HB=Herdbuch, MLP=Milchleistungsprüfung, KB=künstliche Besamung
 Quelle: Dieter Kraft, Zuchtleiter Limpurger Rind

Wegen geringer Konkurrenzfähigkeit zu anderen Rassen wurde 1886 die Reinzucht aufgegeben. Allerdings waren auch die Ergebnisse der verschiedenen Kreuzungen nicht zufriedenstellend. Gegen Ende der 60er Jahre des vergangenen Jahrhunderts galt die Rasse als ausgestorben. Im Jahr 1986 wurden jedoch einige Tiere mit Limpurger Blutanteilen wiederentdeckt. Zwei Jahre später wurden verschiedene Maßnahmen zu Wiederaufbau und Erhalt der Rasse beschlossen. Es wurde die „Züchtervereinigung Limpurger Rind“ gegründet. In der Gründungsphase konnten 56 Kühe gezählt werden. Die Zahl ist in den folgenden fünf Jahren um mehr als das doppelte gestiegen. Die Tiere im Zuchtbuch werden nach A-Kühen (einfarbig gelbe Tiere) und B-Kühen (Tiere mit weißen Abzeichen und damit sichtbarem Fleckvieheinfluss) eingeteilt. B-Tiere werden innerhalb einer Übergangsphase in das Herdbuch aufgenommen (Sambraus, 2010). Das Zuchtziel der Rasse beschreibt ein anspruchsloses Zweinutzungs- und Mutterkuhrind mit bester Eignung zur Mutterkuhhaltung. So werden weiterhin ein umgängliches Temperament, gute Mütterlichkeit, Langlebigkeit und regelmäßige Fruchtbarkeit, sowie die vorzügliche Fleischqualität erwähnt. Weitere Aspekte des Zuchtziels beschreibt Tab. 6.

Tab. 6: Zuchtziel Limpurger
Breeding goal Limpurg cattle

Milchleistung	
Mittlere Jahresleistung in kg	5.000
Fleischleistung	
Tägliche Zunahme bei männlichen Absetzern und Jungbullen in g	1.200
Tägliche Zunahme bei Färsen und Ochsen in Weidehaltung	800
Kreuzhöhe	
Ausgewachsene Kühe in cm	134-138
Ausgewachsene Bullen	143-149
Gewicht	
Ausgewachsene Kühe in kg	600-650
Ausgewachsene Bullen	1.000-1.100
Farbe und Zeichnung	
Körper und Kopf	Einfarbig gelb

Quelle: Dieter Kraft, Zuchtleiter Limpurger Rind

Datenaufbereitung

Für die Untersuchungen wurden bei Vorder- und Hinterwäldern ausschließlich die Daten von Tieren, die seit 1950 geboren wurden, untersucht. Aus den Limpurger Datensätzen wurden alle Tiere, die vor 1970 geboren wurden, entfernt, denn das älteste reinrassige Tier stammt aus dem Jahr 1970.

In einem zweiten Durchgang wurden innerhalb der Datensätze jeweils zwei Referenzpopulationen bestimmt, um die Entwicklung der Populationen über die Zeit zu bewerten. Die erste Referenzpopulation bestand aus Tieren, die in den Jahrgängen 1990-1995 geboren wurden. In der zweiten Referenzpopulation befanden sich Tiere der Geburtsjahrgänge 2005-2010. Die Ergebnisse der zweiten Referenzpopulation wurden zur Beurteilung der aktuellen Populationen herangezogen. Tiere der Referenzpopulationen mussten mindestens ein reinrassiges Elterntier der jeweiligen Population aufweisen. Außerdem mussten für Tiere aus der Referenzpopulation mindestens vier äquivalente Generationen zurückverfolgt werden können. Dieser Wert ergibt sich aus der Formel $\sum_{v \in V} \left(\frac{1}{2}\right)^{n(v)}$, wobei $n(v)$ die Anzahl der Generationen ist, die das Individuum vom jeweiligen Vorfahren v entfernt ist. Die Summation erfolgt dabei für die Gesamtheit der bekannten

Vorfahren (V) (modifiziert nach Maignel *et al.*, 1996). Es wurden die durchschnittliche Anzahl äquivalenter Generationen sowohl für die Referenzpopulationen, als auch für die gesamten Populationen berechnet. Die Ergebnisse geben Auskunft über die Entwicklung der Datenerfassung und damit über die Dichte der Pedigreeinformation (Maignel *et al.*, 1996). Hinzu kommt, dass Quantität und Qualität der Pedigreeinformation von Tier zu Tier stark variiert. Mit Hilfe der äquivalenten Generationen wird hier für Vergleichbarkeit gesorgt, was wiederum in stabileren und realitätsnäheren Ergebnissen resultiert.

Außerdem werden für die Tiere der Referenzpopulationen die Generationsintervalle auf allen vier Zuchtpfaden (Vater-Sohn, Vater-Tochter, Mutter-Sohn und Mutter-Tochter) und das durchschnittliche Generationsintervall der jeweiligen Referenzpopulation berechnet. Zusätzlich wurden verschiedene Parameter zur Beurteilung der Abnahme der genetischen Variabilität der Population geschätzt.

Datenverarbeitung

Die Idealpopulation definiert sich über die Abwesenheit von Migration, Selektion und Mutation. Die Generationen sind nicht überlappend und die Anzahl der Individuen ist über die Generationen konstant. Die Veränderung der Genfrequenz einer realen Population, die von den Restriktionen der Idealpopulation abweicht, lässt sich über die effektive Populationsgröße (N_e) quantifizieren. Die effektive Populationsgröße beschreibt dabei die Anzahl von Individuen, die unter den Bedingungen der Idealpopulation, die gleiche Stichprobenvarianz bzw. den gleichen Inzuchtanstieg erzeugen würden wie die reale Population (Falconer & Mackay, 1996). Tab. 7 gibt eine Übersicht der im Folgenden verwendeten Parameter und ihrer Bedeutung wieder.

Tab. 7: Übersicht der verwendeten Parameter
Overview of the applied parameters

N_e	Effektive Populationsgröße
N_{el}	Inzuchteffektive Populationsgröße
\hat{N}_{el}	Schätzung der inzuchteffektiven Populationsgröße
$\hat{\sigma}_{N_{el}}$	Standardabweichung der Schätzung der inzuchteffektiven Populationsgröße
N_{ec}	Varianzeffektive Populationsgröße
\hat{N}_{ec}	Schätzung der varianzeffektiven Populationsgröße
$\hat{\sigma}_{N_{ec}}$	Standardabweichung der Schätzung der varianzeffektiven Populationsgröße
\hat{N}_{eD}	Effektive Populationsgröße über die Varianz der Familiengröße
$\hat{N}_{Founder}$	Effektive Anzahl Founder
$\hat{N}_{Ancestor}$	Effektive Anzahl Ancestors

Es wurden die effektive Populationsgrößen an Hand der Inzuchtkoeffizienten (\hat{N}_{el}) und der Coancestry (\hat{N}_{ec}) geschätzt. Zusätzlich wurde die effektive Populationsgröße nach Hill (1979) über die Varianz der Familiengröße geschätzt. Bei vollständigem Pedigree kann die inzuchteffektive Populationsgröße (N_{el}) über die berechnete Inzuchtrate ΔF der realen Population mit $N_{el} = \frac{1}{2\Delta F}$ berechnet werden. Die varianzeffektive Populationsgröße (N_{ec}) wird über $N_{ec} = \frac{1}{2\Delta V(q)} = \frac{1}{2\Delta f}$ berechnet. Die Varianz der Genfrequenzen q wird durch $V(q)$ beschrieben, Δf symbolisiert dabei den Anstieg der mittleren Coancestry je Generation in der Population. Der Inzuchtkoeffizient F gibt die Wahrscheinlichkeit wieder, dass beide Allele an einem Genort herkunftsgleich sind. Die Coancestry f zwischen zwei Individuen dagegen beschreibt die Wahrscheinlichkeit, dass zwei zufällig gewählte Gameten herkunftsgleiche Allele tragen. Damit entspricht die Coancestry zweier Individuen dem Inzuchtkoeffizienten der potentiellen Nachkommen aus dieser Paarung (Falconer & Mackay, 1996). Die Varianz der Genfrequenzen der Generation t , $V(q_t)$, wird folgendermaßen durch die genetische Drift beeinflusst:

$$V(q_t) = \bar{f}_t q(1-q).$$

Der Parameter \bar{f}_t beschreibt die durchschnittliche Coancestry je Generation t . Der Parameter q gibt die Genfrequenz der Basisgeneration und q_t die Genfrequenz in der betrachteten Generation t wieder (Caballero & Toro, 2000).

Um die Schätzung der inzuchteffektiven Populationsgröße \hat{N}_{el} über den individuellen Anstieg der Inzucht ΔF_i zu berechnen, muss die Entwicklung der individuellen Inzucht entsprechend der zur Verfügung stehenden Pedigreeinformation korrigiert werden. Die individuellen Pedigrees der Tiere enthalten unterschiedlich viel Information und sind unterschiedlich weit zurückverfolgbar. Das bedeutet auch, dass die Inzucht eines Individuums mit wenigen zurückverfolgbaren Generationen als geringer eingestuft wird als die eines Individuums mit sehr vielen zurückverfolgbaren Generationen. Durch die individuelle äquivalente Anzahl Generationen g_i werden diese Unterschiede vergleichbar gemacht. Der individuelle Inzuchtanstieg ΔF_i wird mit Berücksichtigung der äquivalenten Anzahl Generationen wie folgt definiert: (Gutiérrez et al., 2009)

$$\Delta F_i = 1 - s_i^{-1} \sqrt{1 - F_i}.$$

Aus diesen Werten wird das Mittel $\overline{\Delta F}$ berechnet. Mit Hilfe dieses Wertes wird die inzuchteffektive Populationsgröße als $\hat{N}_{el} = \frac{1}{2\overline{\Delta F}}$ ermittelt. Die dazugehörige Standardabweichung ergibt sich aus folgender Formel: (Cervantes et al., 2011)

$$\hat{\sigma}_{N_{el}} = 2\hat{N}_{el}^2 \sigma_{\Delta F} \frac{1}{\sqrt{\hat{N}_{el}}}.$$

Die folgende Schätzung der varianzeffektiven Populationsgröße \hat{N}_{ec} basiert auf dem individuellen Anstieg der Coancestry f und ist robuster gegenüber einer Vielzahl von Abweichungen der Idealpopulation als die vorab beschriebene Schätzung. Die Coancestry wird in der Praxis häufig bei der Planung von Anpaarungen zur Reduzierung des Inzuchtanstieges genutzt, denn sie gibt einen Ausblick auf die zukünftige Entwicklung der Inzucht. Während sich der Inzuchtkoeffizient auf die Entwicklung der Inzucht der Vergangenheit bezieht, schätzt die Coancestry die zukünftige Entwicklung der Inzucht ab (Falconer & Mackay, 1996).

Für die Schätzung wird zunächst die mittlere Coancestry Δf_{jk} zweier zufällig ausgewählten Individuen j und k berechnet. Die mittlere Coancestry von j und k entspricht dem Inzuchtkoeffizienten der potentiellen Nachkommen aus der Verpaarung von j und k . Die

Pedigreetiefe g_{jk} wird über die äquivalenten Generationen der Elterntiere (g_j und g_k) gemittelt. Der Anstieg der Coancestry berechnet sich aus diesen Werten:

$$\Delta f_{jk} = 1 - \left(\frac{g_j + g_k}{2} \right) \sqrt{1 - f_{jk}}.$$

Der durchschnittliche Anstieg der Coancestry $\overline{\Delta f}$ wird für jede mögliche Anpaarung berechnet. Daraus wird die effektive Populationsgröße nach Cervantes et al. (2011) basierend auf dem Anstieg der Coancestry über $\hat{N}_{eC} = \frac{1}{2\overline{\Delta f}}$ geschätzt. Die dazugehörige

Standardabweichung ergibt sich aus

$$\hat{\sigma}_{N_{eC}} = 2\hat{N}_{eC}^2 \sigma_{\Delta f} \frac{1}{\sqrt{\frac{\hat{N}_{eC}(\hat{N}_{eC} - 1)}{2}}}.$$

Der Vergleich der beiden letzten beschriebenen Schätzwerte zeigt, in welchem Maß Zufallspaarung stattfindet. Sind sich beide Größen sehr ähnlich, werden die Tiere häufig zufällig miteinander verpaart. Wird die Population allerdings durch Anpaarung nah verwandter Tiere, mehrere Zuchtziele oder auch geographischer Distanz strukturiert, entstehen Unterschiede zwischen beiden Werten. Bei Linienzucht oder auch bei geographischer Unterteilung der Population steigt der Inzuchtkoeffizient schneller als die Coancestry. Das bedeutet, dass N_{eI} kleiner ist als N_{eC} (Cervantes et al., 2011). Gutiérrez et al. (2009) empfehlen, Tiere mit einer Pedigreetiefe von unter zwei äquivalenten Generationen von den pedigreebasierten Untersuchungen auszuschließen. Ohne Selbstbefruchtung und bei der Annahme, dass Gründungstiere unverwandt sind, taucht Inzucht erst nach der zweiten Generation auf.

Da die Pedigrees realer Populationen in der Regel nicht vollständig sind, können zensusbasierte Schätzungen durchgeführt werden. Der zensusbasierte Schätzwert \hat{N}_{eD} nach Hill (1979) berechnet sich über die Varianz der Familiengröße. Die Familiengröße wird dabei durch die zur Zucht eingesetzten Nachkommen bestimmt. Über die folgende Formel wird die Schätzung berechnet:

$$\frac{1}{\hat{N}_{eD}} = \frac{1}{16ML} \left[2 + \sigma_{mm}^2 + 2 \left(\frac{M}{W} \right) \text{cov}(mm, mw) + \left(\frac{M}{W} \right)^2 \sigma_{mw}^2 \right] \\ + \frac{1}{16WL} \left[2 + \left(\frac{W}{M} \right)^2 \sigma_{wm}^2 + 2 \left(\frac{W}{M} \right) \text{cov}(wm, ww) + \sigma_{ww}^2 \right]$$

Die Anzahl männlicher bzw. weiblicher Zuchttiere je Kohorte wird hier durch M bzw. W symbolisiert. Eine Kohorte kann sich aus einer Generation, einem Geburtsjahrgang oder der Referenzpopulation zusammensetzen. Im Folgenden wird nur auf den Fall der Referenzpopulation eingegangen. L beschreibt das durchschnittliche Generationsintervall der vier Zuchtpfade. Die Tiere der Referenzpopulation wurden als eine Generation modelliert. Die Parameter σ_{mm}^2 , σ_{mw}^2 , σ_{wm}^2 und σ_{ww}^2 stellen die Varianz der Familiengröße in den Zuchtpfaden Vater-Sohn (mm), Vater-Tochter (mw), Mutter-Sohn (wm) und Mutter-Tochter (ww) dar. Zusätzlich geben $cov(mm,mw)$ und $cov(wm,ww)$ die Kovarianz der Familiengröße in den Pfaden Vater-Sohn und Vater-Tochter, bzw. Mutter-Sohn und Mutter-Tochter an (Hill, 1979).

Es wurden außerdem die effektive Anzahl Founder ($\hat{N}_{Founder}$) und die effektive Anzahl Ancestor ($\hat{N}_{Ancestor}$) berechnet. Beide Werte kommen ursprünglich aus der Wildtierbiologie (Lacy, 1989). Boichard et al. (1997) empfehlen, diese Werte zusätzlich zu den vorab beschriebenen Werten zu schätzen, um die Interpretation der Situation in einer Population zu vereinfachen. Die Parameter bewerten die Höhe der genetischen Variabilität über die Wahrscheinlichkeit der Genherkunft und nicht über die Inzucht. Mit ihnen wird besonders der Einfluss von Drift und genetischen Flaschenhälsen quantifiziert.

Founder sind Vorfahren, die selbst keine bekannten Vorfahren haben. Es wird angenommen, dass es sich um unverwandte Basistiere handelt, aus denen sich die Population entwickelt hat. Hat ein Tier nur ein bekanntes Elterntier, so ist das unbekannte Elterntier per Definition ein Founder. Die effektive Anzahl Founder beschreibt, wie viele unverwandte Tiere mit jeweils gleichmäßigem genetischem Beitrag die aktuell beobachtete Diversität erzeugen würden, wenn Drift vernachlässigt werden kann (Boichard et al., 1997; Lacy, 1989). Die folgende Formel gibt den Zusammenhang wieder

$$\hat{N}_{Founder} = \frac{1}{\sum_{k=1}^{N_F} q_k^2}.$$

N_F ist die Gesamtheit der Founder in der Basispopulation. Jeder Founder k ist durch seinen genetischen Beitrag q_k zum Genpool der Population gekennzeichnet. Dieser Beitrag ist die Wahrscheinlichkeit, dass ein zufällig aus dem Genpool der Population gezogenes Gen vom Founder k stammt. Die Beiträge aller Founder summieren sich zu eins auf. Trägt nun jeder Founder in gleicher Weise zum Genpool der Population bei, so entspricht die effektive Anzahl Founder der realen Anzahl Founder. Andernfalls ist die effektive Anzahl Founder

immer kleiner als die reale Anzahl. An Hand der effektiven Anzahl Founder kann die genetische Diversität in der aktuellen Generation beurteilt werden.

Allerdings vernachlässigt die effektive Anzahl Founder das Auftreten von möglichen genetischen Flaschenhälsen. Das bedeutet, dass Situationen, in denen die Population besonders klein war, zu Überschätzungen führen. Nach dem Auftreten eines solchen Flaschenhalses kann die Anzahl der Individuen in der Population wieder steigen, die genetische Variabilität bleibt jedoch stark eingeschränkt.

Genetische Flaschenhälse werden von der effektiven Anzahl Ancestors ($\hat{N}_{Ancestor}$) berücksichtigt. Hierbei wird über marginale genetische Beiträge p_k die minimale Anzahl Ancestors bestimmt, die nötig ist, um die genetische Variabilität der betrachteten Population zu erzeugen. Ancestors sind Ahnen, die nicht zwangsläufig Founder sein müssen. Mit folgender Formel wird die effektive Anzahl Ancestors berechnet:

$$\hat{N}_{Ancestor} = \frac{1}{\sum_{k=1}^{N_A} p_k^2}.$$

N_A ist die Gesamtheit aller Ancestor. Für die Berechnung werden die Ancestors iterativ nach und nach einzeln ausgewählt. Vom ersten ausgewählten Ancestor wird der vollständige genetische Beitrag berücksichtigt, in diesem Fall ist $p_k = q_k$. Der erste Ancestor wird über seinen direkten Einfluss zur aktuellen Population ausgewählt. Sein genetischer Beitrag wird ausschließlich durch ihn erklärt, er hat keine bekannten Ahnen. Von allen weiteren ausgewählten Vorfahren wird nur der marginale Beitrag berücksichtigt, das ist der Anteil, der noch durch keinen anderen Ancestor erklärt wird (Boichard et al., 1997).

Ergebnisse und Diskussion

Nachfolgend werden die verschiedenen Schätzergebnisse für die effektive Populationsgröße, die effektive Anzahl Founder und Ancestor für jede der drei Rassen vorgestellt und diskutiert. Im Vergleich mit anderen Ergebnissen aus der Literatur scheinen die hier geschätzten N_e -Werte hoch.

Tab. 8 beschreibt die Generationsintervalle auf den vier Zuchtpfaden und das durchschnittliche Generationsintervall für beide Referenzpopulationen der drei Rassen. Das höchste durchschnittliche Generationsintervall in der ersten Referenzpopulation zeigt die Vorderwälderpopulation mit 5,41. Es folgen die Hinterwälder mit 4,75 und die Limpurger mit 4,00. In der zweiten Referenzpopulation sind die Werte im Speziellen bei Hinterwäldern und Limpurgern höher als in der ersten. Dieser Anstieg geht mit einem Zuwachs an Tieren, die die

Kriterien für die Referenzpopulation erfüllen einher. Die Werte betragen bei den Vorderwäldern 5,42, bei den Hinterwäldern 5,32 und bei den Limpurgern 5,30.

Tab. 8: Generationsintervalle (L) (in Jahren) und Standardabweichung (STD) auf den vier Zuchtpfaden und durchschnittliches Generationsintervall in den beiden Referenzpopulationen der drei Rassen

Generation intervals (L) (in years) and its standard deviation (STD) for the for genetic pathways and the average generation interval

	Referenzpopulation 1		Referenzpopulation 2	
	N	L ± STD	N	L ± STD
Vorderwälder				
Vater-Sohn	550	6,13±4,25	476	5,94±3,33
Vater-Tochter	2.961	5,34±3,70	3.109	5,49±3,24
Mutter-Sohn	550	5,65±2,43	476	5,60±2,30
Mutter-Tochter	2.961	5,30±2,63	3.109	5,24±2,42
Total	7.022	5,41±3,26	7.170	5,42±2,87
Hinterwälder				
Vater-Sohn	81	4,09±3,30	230	5,01±5,06
Vater-Tochter	241	3,60±2,30	645	3,96±2,94
Mutter-Sohn	81	6,10±3,30	230	6,49±2,72
Mutter-Tochter	241	5,68±2,91	645	6,38±3,30
Total	644	4,75±3,00	1.750	5,32±3,58
Limpurger				
Vater-Sohn	0	-	47	5,85±4,08
Vater-Tochter	3	3,67±1,16	159	5,35±3,86
Mutter-Sohn	0	-	47	5,02±2,51
Mutter-Tochter	3	4,33±2,31	159	5,16±2,76
Total	6	4,00±1,67	412	5,30±3,36

Vorderwälder

Die Vorderwälderpopulation ist zahlenmäßig die größte der drei analysierten Populationen. Tab. 9 beschreibt die wichtigsten Ergebnisse für die beiden Vergleichszeiträume, bzw. die beiden Referenzpopulationen. Die Größe beider Referenzpopulationen ist mit jeweils ca. 17.000 Tieren vergleichbar, damit scheint die Rasse nicht besonders intensiv weiterentwickelt worden zu sein. Das unterstreichen auch die anderen Ergebnisse. Für die inzucht- und varianzeffektive Populationsgröße, sowie für die effektive Anzahl Founder und Ancestors ist ein Rückgang von der ersten zur zweiten Referenzpopulation zu sehen.

Tab. 9: Wichtige Kennzahlen und Ergebnisse in Gesamt- und Referenzpopulation der Vorderwälder*Relevant key data and results of the Vorderwald population and reference population*

Gesamtpopulation		
Betrachtete Jahrgänge	1950-1995	1950-2010
Anzahl Tiere	106.946	199.415
Ø Anzahl äquivalenter Generationen	3,5	3,8
Referenzpopulation		
Betrachtete Jahrgänge	1990-1995	2005-2010
Anzahl Tiere	16.899	17.379
Ø Anzahl äquivalenter Generationen	5,9	6,7
\hat{N}_{eI}	135,2	124,2
$\hat{\sigma}_{N_{eI}}$	16,46	13,39
\hat{N}_{eC}	110,1	104,8
$\hat{\sigma}_{N_{eC}}$	1,23	1,12
\hat{N}_{eD}	455,8	1.289,2
$\hat{N}_{Founder}$	122	96
$\hat{N}_{Ancestor}$	34	25

Diese Beobachtung geht mit anderen Ergebnissen zu der Rasse einher (BLE, 2010). Da heißt es, dass die große Population der Vorderwälder geprägt sei durch Einkreuzungen von Ayrshire, Montbéliard und Red Holstein Bullen. Durch die Einkreuzungen sind im Hinblick auf die Reinzuchttiere Flaschenhälse entstanden, die langfristig einen Verlust der durch reinrassige Ahnen erklärten genetischen Variabilität bedeuten. Es kann daher angenommen werden, dass viele Tiere nicht die Anforderungen hinsichtlich der Rassenzugehörigkeit erfüllten und damit nicht zur Referenzpopulation gezählt werden konnten. Hinzu kommt, dass die Vorderwälder durch MEKA weniger gefördert werden als die beiden anderen Rassen. Der unzureichende Anreiz an das Zuchtmanagement kann offensichtlich der Entwicklung der Rasse nicht den nötigen Impuls gegeben haben.

Während die durchschnittliche Anzahl äquivalenter Generationen in den Gesamtpopulationen unter vier liegt, steigt die Zahl in der Referenzpopulation von 5,9 auf 6,7 über die Jahre. Die effektive Populationsgröße berechnet über die Varianz der Familiengröße (\hat{N}_{eD}), erscheint mit 455,8 bzw. 1.289,2 Tieren sehr hoch. \hat{N}_{eD} nimmt Zufallspaarung an und geht damit nicht

darauf ein, dass die Selektion und damit die Reproduktionshäufigkeit eines Tieres häufig von seiner Abstammung abhängen. Dadurch wird der Wert überschätzt (Cervantes et al., 2008). In der Vorderwälderpopulation sind \hat{N}_{eI} und \hat{N}_{eC} , aber auch $\hat{N}_{Founder}$ und $\hat{N}_{Ancestor}$ in der ersten Referenzpopulation etwas größer als in der zweiten (vgl. Tab. 9). Das deutet auf Abnahme der genetischen Variabilität hin. Im Hinblick auf die langfristig kritische Grenze der effektiven Populationsgröße von 100 Individuen scheint aber dennoch ausreichend genetische Variabilität vorhanden zu sein (Meuwissen, 2009). Auch die Untersuchungen des BLE, (2010) bestätigen den Vorderwäldern über die effektive Populationsgröße ausreichend genetische Variabilität zur züchterischen Bearbeitung der Reinzuchttiere. Es wird allerdings in Frage gestellt, ob mit reinrassigen Tieren ausreichend Zuchtfortschritt erzielt werden kann, um die Rasse wettbewerbsfähig zu machen.

Hinterwälder

Tab. 10 beschreibt die Kennzahlen und Ergebnisse der Untersuchungen für das Hinterwälder Rind. Die Population ist mit 11.076 in der ersten, bzw. mit 28.804 Tieren in der zweiten Population um einiges kleiner als die der Vorderwälder. Die Entwicklung der Referenzpopulationen unterscheidet sich jedoch zu der der Vorderwälder. Während beim Vorderwälder Rind die zweite Referenzpopulation nur um 3% größer ist als die erste, ist die zweite Referenzpopulation der Hinterwälder mehr als doppelt so groß wie die erste. Diese Ergebnisse lassen auf ein gutes Zuchtmanagement schließen, das dann auch mit dem Anstieg der Anzahl Tiere, die die Anforderungen der Referenzpopulation erfüllen, einhergeht. Die durchschnittliche Anzahl äquivalenter Generationen ist vergleichbar mit den Werten der Vorderwälder. Auch hier zeigt sich die Verbesserung der Datenqualität. Die effektive Populationsgröße berechnet über die Varianz der Familiengröße zeigt hier eine außergewöhnliche Entwicklung. In der ersten Referenzpopulation der Rasse ist \hat{N}_{eD} mit einem Wert von 78,8 kleiner als die beiden anderen Schätzungen für die effektive Populationsgröße. Dies ist vermutlich auf einen hohen Standardfehler zurückzuführen.

Tab. 10: Wichtige Kennzahlen und Ergebnisse in Gesamt- und Referenzpopulation der Hinterwälder*Relevant key data and results of the Hinterwald population and reference population*

Gesamtpopulation		
Betrachtete Jahrgänge	1950-1995	1950-2010
Anzahl Tiere	11.076	28.804
Ø Anzahl äquivalenter Generationen	2,8	3,8
Referenzpopulation		
Betrachtete Jahrgänge	1990-1995	2005-2010
Anzahl Tiere	1.614	4.492
Ø Anzahl äquivalenter Generationen	6,0	7,9
\hat{N}_{el}	165,7	127,2
$\hat{\sigma}_{N_{el}}$	19,53	16,97
\hat{N}_{eC}	118,6	125,0
\hat{N}_{eD}	78,8	332,6
$\hat{\sigma}_{N_{eC}}$	1,54	1,17
$\hat{N}_{Founder}$	117	145
$\hat{N}_{Ancestor}$	51	48

Die Schätzungen \hat{N}_{el} und \hat{N}_{eC} sind mit 165,7 bzw. 118,6 in der ersten Referenzpopulation und 127,2 bzw. 125,0 in der zweiten Referenzpopulation im Rassenvergleich die höchsten. Während beide Werte in der ersten Referenzpopulation noch um ca. 50 Individuen voneinander abweichen, sind die Werte der zweiten Referenzpopulation nahezu identisch. Diese Beobachtung lässt aktuell auf ein gutes Zuchtmanagement schließen. Da Bedeckungen über Natursprung häufig sind, bedeutet ein gutes Zuchtmanagement in diesem Zusammenhang gezielte Paarung in Kombination mit ausreichend Austausch von Bullen und der Vermeidung zu großer Einflüsse durch Einzeltiere. Es ist auffällig, dass die Standardabweichung von \hat{N}_{el} sehr viel größer ist als die von \hat{N}_{eC} . Hiermit wird unterstrichen, dass die Schätzungen über die Coancestry stabiler sind als die über die Inzucht, wie auch z. B. von Boichard et al. (1997) in anderen Populationen beobachtet wurde.

Die effektive Anzahl der Founder wurde von einer Referenzpopulation zur nächsten um knapp 30 Tiere von 117 auf 145 erhöht. Die Anzahl der Ancestors ist dagegen mit 51, bzw. 48 Tieren nahezu konstant. Das zeigt, dass die Beitragsanteile einzelner bedeutender Founder reduziert wurden, da weitere Founder Beiträge leisten. Weiterhin kann diese Entwicklung

auch auf Migration hinweisen. Allerdings muss es sich hierbei nicht zwangsläufig um die Einkreuzung fremder Rassen handeln. Durch die MEKA-Förderung sind nahezu alle Betriebe dem Herdbuch beigetreten. Viele dieser Tiere wurden vorher nicht im Herdbuch geführt, ihre Vorfahren sind unbekannt. Sie könnten daher als zusätzliche Founder auftauchen. Da neue Tiere im Herdbuch nicht gleichzeitig auch zusätzliche Marginalbeiträge bedeuten müssen, könnte das erklären, warum die effektive Anzahl Ancestors nicht steigt.

Die Hinterwälder Rinder sind notwendig, um die Kulturlandschaft in ihrer traditionellen Heimat zu erhalten. Keine andere Rasse ist besser an die kargen und steilen Weiden angepasst. Zur Erhaltung der Rasse sollte der bisher eingeschlagene Weg eingehalten werden. Der Einsatz vieler Bullen mit der nötigen Zirkulation führt zu Erhaltung einer hohen genetischen Diversität innerhalb der Rasse.

Limpurger

Die Limpurger Population ist mit großem Abstand mit 1.955 Tieren in der ersten und 5.451 Tieren in der zweiten Population die kleinste der drei untersuchten Populationen. Tab. 11 beschreibt die wichtigsten Kennzahlen und Ergebnisse der Rasse. Auch hier ist ein großer Unterschied zwischen erster und zweiter Referenzpopulation zu erkennen. Die Anzahl der Tiere, die die Bedingungen der Referenzpopulation erfüllen, steigt um mehr als das einundzwanzigfache von 41 auf 868. Das ist ein Indiz für die intensiven Bemühungen zu Wiederaufbau und Erhalt der Rasse.

Tab. 11: Wichtige Kennzahlen und Ergebnisse in Gesamt- und Referenzpopulation der Limpurger
Relevant key data and results of the Limpurg population and reference population

Gesamtpopulation		
Betrachtete Jahrgänge	1970-1995	1970-2010
Anzahl Tiere	1.955	5.451
Ø Anzahl äquivalenter Generationen	1,2	2,4
Referenzpopulation		
Betrachtete Jahrgänge	1990-1995	2005-2010
Anzahl Tiere	41	868
Ø Anzahl äquivalenter Generationen	4,4	5,2
\hat{N}_{el}	n.e.	39,3
$\hat{\sigma}_{N_{el}}$	n.e.	5,93
\hat{N}_{eC}	28,6	45,4
\hat{N}_{eD}	n.e.	269,6
$\hat{\sigma}_{N_{eC}}$	1,30	0,94
$\hat{N}_{Founder}$	28	30
$\hat{N}_{Ancestor}$	12	16

Die durchschnittliche Anzahl äquivalenter Generationen ist bei den Limpurgern besonders niedrig. Die Werte für die Gesamtpopulationen liegen bei gerade einmal 1,2, bzw. 2,4. Für die Referenzpopulationen konnten die Werte 4,4 und 5,2 berechnet werden. Die beschreibenden Schätzungen sind damit weniger sicher als beim Wäldervieh. Hinzu kommt im Speziellen in der ersten Referenzpopulation die geringe Anzahl Tiere. Aus diesem Grund konnten keine Werte für \hat{N}_{eD} und \hat{N}_{el} und die Standardabweichung $\hat{\sigma}_{N_{el}}$ geschätzt werden. Die effektive Populationsgröße berechnet über die Varianz der Familiengröße (\hat{N}_{eD}) konnte somit nur für die zweite Referenzpopulation geschätzt werden. Sie erscheint mit 269,6 im Vergleich zu $\hat{N}_{el} = 39,3$ bzw., $\hat{N}_{eC} = 45,4$ sehr hoch. Wie bei den Vorderwäldern schon beschrieben wurde, wird \hat{N}_{eD} häufig überschätzt (Cervantes et al., 2008). Auch \hat{N}_{el} kann für die erste Referenzpopulation der Limpurger nicht geschätzt werden. Die effektive Populationsgröße über die Coancestry scheint hier robuster gegenüber der geringen Pedigreeinformation. Sublinien in der Population und Drift auf Grund einer geringen Populationsgröße beeinträchtigen \hat{N}_{el} sehr viel stärker als \hat{N}_{eC} . Bei der Berechnung von \hat{N}_{eC} muss außerdem

im Gegensatz zu \hat{N}_{el} nicht jedes Tier einer Generation zugeordnet werden. Auch im gemeinsamen Bericht vom BLE (2010) wird erwähnt, dass \hat{N}_{el} der Limpurger durch die geringe Pedigreetiefe überschätzt wird. Der Wert im Bericht liegt bei 108. Der Anstieg von \hat{N}_{ec} von der ersten zur zweiten Referenzpopulation unterstreicht wiederum die Bemühungen, diese besonders kleine Population wiederaufzubauen und zu erhalten. Die effektive Anzahl Founder bleibt über die Zeit nahezu konstant, während $\hat{N}_{Ancestor}$ leicht ansteigt. Der Anstieg der effektiven Anzahl Ancestors zeigt, dass zusätzlich Tiere die genetische Variabilität der Population erklären. Damit sinkt der Beitragsanteil der bedeutenden Ancestors aus der ersten Referenzpopulation. Da die Population sich durch den Wiederaufbau im Wachstum befindet, kann auch hier auf Migration geschlossen werden. Es handelt sich vermutlich auch um Neueintragungen ins Herdbuch. Es ist aber auch nicht auszuschließen, dass Tiere aus dem Vorherdbuch ins Herdbuch aufgenommen wurden.

Für eine Rasse, die bereits als ausgestorben galt, sind die Entwicklungen der Population erfreulich. Das Qualitätsfleischprogramm „Weideochse vom Limpurger Rind“ soll Nachfrage und Bekanntheitsgrad steigern und den Erhalt der Rasse langfristig sichern. Spezielle Anforderungen hinsichtlich Haltung, Fütterung und Schlachtung gewährleisten die hochwertige Qualität (persönliche Mitteilung Dieter Kraft, Zuchtleiter Limpurger Rind).

Schlussfolgerungen

Die Erhaltung und Weiterentwicklung lokaler Rinderrassen trägt zur Konservierung der genetischen Diversität und zur Erhaltung der Kulturlandschaft im weiteren Sinne bei. Alle drei betrachteten Rassen weisen aktuell eine solide genetische Diversität auf, die eine langfristige Weiterentwicklung ermöglicht.

Für beide Wälderrassen wurden von Bennewitz und Meuwissen (2005) Aussterbewahrscheinlichkeiten geschätzt, welche für die kommenden Jahre als gering eingeschätzt wurden (< 2%).

Die Herausforderungen sind zukünftig auf zwei Gebieten zu sehen. Zum einen müssen die Rassen züchterisch weiterentwickelt und ihre Leistungsfähigkeit konsequent ausgebaut werden. In diesem Zusammenhang gilt es auch zu prüfen, ob DNA-basierte Selektionsverfahren (genomische Selektion) zusammen mit einer großen Partnerpopulation eine Option sein können. Die zweite Herausforderung ist die genetische Konsolidierung der Rassen. Es sollte auf die genetische Eigenständigkeit der Rassen geachtet werden, damit die Diversität, die zwischen den Rassen zu finden ist, erhalten wird und die Rassen ihre Identität

erhalten (Bennewitz et al. 2008). Naturegegeben setzt dies eine Reduzierung des Fremdgeneinsatzes voraus, was sich wiederum negativ auf die genetische Vielfalt der Rasse auswirkt. Um diesen Zielkonflikt zu lösen, haben Wellmann et al. (2012) effiziente Methoden vorgeschlagen und an den in diesen Artikel behandelten Rassen angewandt. Die Methode berechnete optimale Einsatzfrequenzen (optimum contribution selection) für Zuchttiere mit dem Ziel die genetische Diversität zu maximieren. Zusätzlich wird der Import von Fremdgenen restriktiert. Wir konnten zeigen, dass die Methode in der Anwendung Erfolg verspricht.

Danksagung

Wir danken dem Zuchtleiter des Wälderviehs Dr. Franz Maus und dem Zuchtleiter der Limburger Dieter Kraft für alle Informationen rund um die Rassen. Ferner bedanken wir uns bei einer/ einem anonymen Gutachterin/ Gutachter für die konstruktiven Anmerkungen zu einer früheren Version des vorliegenden Schriftstückes.

Literatur

- Bennewitz, J. und T. H. E. Meuwissen, (2005): Estimation of extinction probabilities of five German cattle breeds by population viability analysis. *J. Dairy Sci.* **88**: 2949-2961.
- Bennewitz, J., H. Simianer und T. Meuwissen, (2008): Investigations on merging breeds in genetic conservation schemes. *J. Dairy Sci.* **91**: 2512-2519.
- BLE (2010). *Erfassungsprojekt Erhebung von Populationsdaten tiergenetischer Ressourcen in Deutschland: Tierart Rind*. (Vereinigte Informationssysteme Tier w.V. (vit), Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft Institut für Tierzüchtung (LfL Bayern), & A. D. R. e. V. (ADR), Eds.). Verden/ Grub/ Bonn: Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung.
- Boichard, D., L. Maignel und É. Verrier, (1997): The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetics Selection Evolution* **29**: 5-23.
- Caballero, A. und M. A. Toro, (2000): Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genet. Res.* **75**: 331-343.
- Cervantes, I., F. Goyache, A. Molina, M. Valera und J. P. Gutiérrez, (2011): Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. *J. Anim. Breed. Genet.* **128**: 56-63.

- Cervantes, I., F. Goyache, A. Molina, M. Valera und J. P. Gutiérrez, (2008): Application of individual increase in inbreeding to estimate realized effective sizes from real pedigrees. *J. Anim. Breed. Genet.* **125**: 301-310.
- Falconer, D. S. und T. F. C. Mackay, (1996): *Introduction to Quantitative Genetics*. Pearson Education Limited, Harlow.
- Goyache, F., J. P. Gutiérrez, I. Fernández, E. Gomez, I. Alvarez *et al*, (2003): Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: The Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.* **120**: 95-105.
- Gutiérrez, J. P. and F. Goyache, (2005): A note on ENDOG: A computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* **122**: 172-176.
- Gutiérrez, J. P., I. Cervantes und F. Goyache, (2009): Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *J. Anim. Breed. Genet.* **126**: 327-332.
- Hill, W. G., (1979): A note on effective population size with overlapping generations. *Genetics* **92**: 317-322.
- Lacy, R. C., (1989): Analysis of founder representation in pedigrees: Founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biology* **8**: 111-123.
- Maignel, L., D. Boichard und É. Verrier, (1996): Genetic variability of french dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bull* **14**: 49-54.
- Meuwissen, T. H. E., (2009): Genetic management of small populations: A review. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Science* **59**: 71-79.
- Meuwissen, T. H. E. und M. E. Goddard, (2007): Multipoint identity-by-descent prediction using dense markers to map quantitative trait loci and estimate effective population size. *Genetics* **176**: 2551-2560.
- Ministerium für Ernährung und Ländlichen Raum Baden Württemberg (MLR), (2007) *MEKA III - Ein Agrarumweltprogramm Mit Sichtbaren Erfolgen*. MLR Baden-Württemberg, Stuttgart.
- Sambraus, H. H., 2010 *Gefährdete Nutztierassen : Ihre Zuchtgeschichte, Nutzung Und Bewahrung* . Ulmer, Stuttgart.
- Wellmann, R. und J. Bennewitz, (2011): Identification and characterization of hierarchical structures in dog breeding schemes, a novel method applied to the norfolk terrier. *J. Anim. Sci.* **89**: 3846-3858.
- Wellmann, R., S. Hartwig und J. Bennewitz, (2012): Optimum contribution selection for conserved populations with historic migration. *Genet. Sel. Evol.* **44**: 34.

Kapitel 3

The Contribution of Migrant Breeds to the Genetic Gain of Beef Traits of German Vorderwald and Hinterwald Cattle

S. Hartwig¹, R. Wellmann¹, H. Hamann², J. Bennewitz¹

¹ Institut für Tierhaltung und Tierzucht, Universität Hohenheim, Garbenstraße 17,
70599 Stuttgart

² Landesamt für Geoinformation und Landentwicklung Baden-Württemberg, Stuttgarter
Straße 161, 70806 Kornwestheim

Veröffentlicht in:

Journal of Animal Breeding and Genetics 2014; 131(6): 496-503

doi: 10.1111/jbg.12099

**The Contribution of Migrant Breeds to the Genetic Gain of Beef Traits of German
Vorderwald and Hinterwald Cattle**

S. Hartwig¹, R. Wellmann¹, H. Hamann², J. Bennewitz¹

¹Institute of Animal Husbandry and Animal Breeding, University of Hohenheim, Stuttgart,
Germany

²Federal Bureau for Geo Information and Rural Development of Baden-Württemberg,
Kornwestheim, Germany

Corresponding author:

Jörn Bennewitz

Garbenstraße 17

70599 Hohenheim

Germany

Phone: +49 711-459 23570

Fax: +49 711-459 23101

E-mail: j.bennewitz@uni-hohenheim.de

Summary

During the past decades, migrant contributions have accumulated in many local breeds. Cross-breeding was carried out to mitigate the risk of inbreeding depression and to improve the performance of local breeds. However, breeding activities for local breeds were not as intensive and target oriented as for popular high yielding breeds. Therefore, even if performance improved, the gap between the performance of local and popular breeds increased for many traits. Furthermore, the genetic originality of local breeds declined due to the increasing contributions of migrant breeds. This study examined the importance of migrant breed influences for the realization of breeding progress of beef traits of German Vorderwald and Hinterwald cattle. The results show that there is a high amount of migrant contributions and their effects on performance are substantial for most traits. The effect of the French cattle breed Montbéliard (p-value 0.014) on daily gain of Vorderwald bulls at test station was positive. The effects of Vorderwald ancestors (p-value for daily gain 0.007 and p-value for net gain 0.004) were positive for both traits under consideration in the population of Hinterwald cattle. Additionally, the effect of remaining breeds (p-value 0.030) on net gain of Hinterwald cattle in the field was also positive. The estimated effect of Fleckvieh ancestors on net gain of Hinterwald cattle was even larger but not significant. Breeding values adjusted for the effects of the migrant breeds showed little genetic trend.

Introduction

A conventional breeding program focuses mainly on improving performance of animals and their economic efficiency. In contrast, the aims of a conservation breeding program are more diverse. Besides the conventional goals, genetic diversity and genetic originality, i.e. genetic uniqueness resulting in high between breed variation (Gandini & Villa, 2003), are taken into consideration in the program as well, which may result in conflicting goals. Threatened breeds often have small population sizes and the influence of migrant breeds may be high. The aim of cross-breeding in these breeds is to reduce the threat of inbreeding depression and improve yield-performance. It leads to high genetic variation and increased yield but also to a lowered genetic originality. In addition, it reduces the genetic diversity that can be found between breeds (Bennewitz et al., 2008). Meuwissen (2009) mentioned that the conservation of local breeds is most effective by making the breeds profitable. But breeding activities for local breeds are often not very demanding. Since high yielding breeds were intensively selected, they realized higher breeding progress during the past decades. The gap between the

performance of local breeds and popular high yielding breeds increased for economically important traits.

Livestock owners in Germany were encouraged by several public programs to save local breeds from extinction. The main goals of these programs are the conservation of genetic variability and the maintenance of typical characteristics of the breeds. In the past, genetic improvement of yield was not an issue in German conservation breeding programs. Nowadays, selection is practiced in order to maintain the characteristics of the breeds, but also to prevent the breeds from becoming more and more inefficient (DGfZ, 2013).

This study aims to analyse the past and present situation regarding genetic originality and breeding progress of Vorderwald and Hinterwald cattle. Hartwig et al. (2013) showed that there is enough genetic variation within these breeds to survive in the long-term without the threat of lethal inbreeding depression. In addition Bennewitz and Meuwissen (2005) estimated low extinction probabilities for these breeds. However, Wellmann et al. (2012) noted that migrant contributions were substantial in recent years and only a few genome equivalents have been retained from the native ancestral population. In this paper, breeding progress for most important beef traits and the contribution of migrant breeds to breeding progress were studied. First the breeds were examined to see if they showed breeding progress for the traits under consideration. Next, the effects of other breeds on this development were quantified. Phenotypic and genetic trend were analysed. The analysis of the genetic trend was twofold, i.e. the genetic trend with the influence of all migrant breeds included was examined, as was the breeding progress achieved by the breed itself.

Material and Methods

History of Vorderwald and Hinterwald breed

Vorderwald and Hinterwald cattle originated in the Black Forest in Baden-Württemberg, located in the southwest of Germany. Both breeds are dual purpose breeds and well adapted to the harsh environment in the Black Forest region. Vorderwald cattle are mainly used for milk production whereas Hinterwald cattle are more often kept in suckling cow husbandry. Originally, the focus in the Hinterwald cattle breeding program was on milk production as well. During the past the low milk yield of the Vorderwald and the Hinterwald cattle was unsatisfying for breeders. Due to its small body size and body weight combined with low demands, Hinterwald cattle are well suited to challenging environments. Hence, the breed was often used for landscape conservation even beyond its original habitat. In the past some parts of the populations were replaced by higher yielding breeds, whereas others were crossed with

these breeds (Sambraus, 2010). This led to a decline in genetic originality. Both breeds are supported by the German Federal State of Baden-Württemberg. It is assumed that present phenotypes are influenced by migrant contributions that accumulated in both breeds over decades.

Since the beginning of the 20th century, the influence of Fleckvieh cattle increased within the Vorderwald gene pool. After the Second World War, milk yield was the most important breeding goal. Several foreign breeds were crossed into the Vorderwald population to improve yield. At first Ayrshire were crossed in in the 1970s, followed by Red Holstein in the 1980s. Cross-breeding with Montbéliard started in the late 1990s (BLE, 2010; Sambraus, 2010).

For the Hinterwald cattle pure breeding was more important. As early as 1889, a breeding cooperative was founded to maintain pure bred Hinterwald cattle. But after the Second World War Vorderwald genetic was crossed in to improve the frame and prevent the threat of inbreeding. Nevertheless, many farms replaced Hinterwald cattle by Fleckvieh cattle to serve the milk market (BLE, 2010).

Material

Data was delivered by the Federal Bureau for Geo-Information and Rural Development of Baden-Württemberg (Landesamt für Geoinformation und Landentwicklung LGL, Kornwestheim, Baden-Württemberg). Estimation of breeding values for Vorderwald and Hinterwald cattle is based on several tests for beef performance, i.e. performance test at public sale, performance test on station, and performance test of progeny in the field recorded at slaughter. The analysed traits were daily gain at public sale (g_{sale}), test day gain on station (g_{station}), and net gain in the field (g_{field}).

The trait g_{station} was available only for Vorderwald bulls since Hinterwald bulls do not go to a test station. On the station daily gain between day 112 and 350 of life is measured. Bulls for the test station were selected by ancestry with the aim to conserve genetic diversity, by pedigree index, and exterieur.

Data of the trait g_{sale} was collected for bulls sold at public sales, where the bulls were weighted. The weight was divided by the age of the bull at the day of sale, i.e. test day. There is no official preselection for these bulls and it is the decision of the livestock keeper to send a bull to the sale or not.

Recording the information of g_{field} is part of a progeny testing program. In the slaughterhouse the two-side weight was recorded and divided by the age at day of slaughter.

There is no official preselection in this case either. Table 1 summarizes the statistics of the analysed traits.

Table 1: Statistics of the analysed traits

Breed	Trait	N	Years of Birth	Mean (g)	SD
Vorderwald	g_sale	7431	1969-2010	1078.5	166.0
	g_field	21782	1995-2011	554.6	89.3
	g_station	846	1973-2011	1242.3	137.5
Hinterwald	g_sale	1442	1970-2010	845.6	125.5
	g_field	1179	1997-2011	468.7	88.1

The Vorderwald pedigree data set consisted of 199 535 animals in total with information on identity, ancestry, breed, sex, and age. The Hinterwald pedigree file describes 29 506 animals with information on identity, ancestry, breed, sex, and age.

Methods

The contributions of migrant breeds were calculated with the R-package “PedAnalysis” (Wellmann et al., 2012) for each individual in the pedigree data file. The program runs until the first migrant appears in the pedigree. Further ancestors of this migrant ancestor were not considered. Different groups of migrant ancestors were defined for each breed. For Vorderwald cattle, the migrant ancestors were classified as ‘unknown’, Ayrshire, Red Holstein, Montbéliard and ‘rest’. ‘Unknown’ includes Vorderwald ancestors with unknown pedigree born after 1970. The Vorderwald ancestors born before 1970 are supposed to be purebred. All remaining breeds are summarized as ‘rest’. There were four Ayrshire bulls, five Red Holstein bulls and five Montbéliard bulls that were used within the crossing programs mentioned above.

For the Hinterwald cattle the groups included unknown, Fleckvieh, Vorderwald cattle, and rest. ‘Unknown’ describes the effect of Hinterwald ancestors with unknown pedigree born before 1970. The Hinterwald ancestors born before 1970 are supposed to be purebred. All remaining breeds are summarized as ‘rest’.

For both breeds the development of foreign breeds’ contributions was illustrated over time, computed from the individuals with records on g_sale. Bulls with records for the trait g_sale were chosen because the records were available for both breeds. They include each a certain

number of bulls, because data collection lasted for a long time period, and these bulls were subsequently used in breeding programs of individual breeders.

For the three traits of Vorderwald cattle and the two traits of Hinterwald cattle a mixed linear model was fitted to calculate the effects of migrant breeds and the individual breeding values of each animal in the observation data. The following model was used for calculations.

$$Y = \mu 1 + X\beta + \left(\sum_m b_m c_m\right) + a + h + hj + e$$

where Y is the vector of yield performances, i.e. g_sale , g_field , or $g_station$, respectively. On the right-hand side $\mu 1$ represents the intercept multiplied with 1-vector, X is the design matrix of fixed effects and β the vector of the fixed effects. In case of g_sale the fixed effects are the year of testing, the place of public sale, the number of calving, and the second grade polynomial of the age of bulls at sale. For the trait g_field , the year of testing, the place of slaughter, the number of calving, and the second grade polynomial of the bulls' age at slaughter were taken as fixed effects. In the model for $g_station$ the year of testing, the number of calving, and the second grade polynomial of the age of testing are fixed effects. The fixed effect b_m is the regression coefficient and c_m is the vector of migrant breed contributions of migrant breed m , a_i is the random effect of the animal i with covariance matrix $A\sigma_a^2$. Additional random effects are h which is the effect of herd (not for $g_station$) and hj which represents the interaction between herd and year of testing (not for $g_station$). Finally, e represents the error. Estimations were done with ASReml v3.0 VSN International Ltd, Hemel Hempstead, UK. The influence of migrant breeds, the fixed effects of the migrant groups of each breed, the associated standard error, and the associated p-value are reported. The level of significance is chosen as 0.05. The random effect of the animal a_i corresponds to its estimated BLUP breeding value \hat{a}_i . The contributions of migrant breeds were added to obtain the estimated genotypic value as

$$\hat{g}_i = \hat{a}_i + \sum_m \hat{b}_m c_{mi}$$

Three regressions were prepared to show the development of phenotypic and genetic trend. These were the regression of the individual performances on the year of birth, the regression of the genetic values, including migrant contributions, on the year of birth, and the regression of the breeding values without migrant contributions on the year of birth.

Results

Migrant contributions are substantial for both breeds. Figure 1 shows the development of genetic contributions from migrant breeds for the Vorderwald bulls recorded for the trait

g_sale. The migrant contributions accumulated to nearly 60% nowadays. The contribution of Vorderwald ancestors with unknown pedigree is low for all decades. The influence of Ayrshire increased until the end of the 1970s to a maximum of 15%. Until the middle of the 1990s the contribution from Ayrshire was approximately 10%. Afterwards the contribution from Ayrshire decreased further and stabilized at approximately 5%. Cross-breeding with Red Holstein started at the end of the 1970s. The contribution from this breed increased quickly to a portion of about 20%. The contribution of Red Holstein decreased when cross breeding with Montbéliard started in the middle of the 1990s. Nowadays the impact of Montbéliard in the Vorderwald bulls recorded for g_sale is in the range of 35 to 40%.

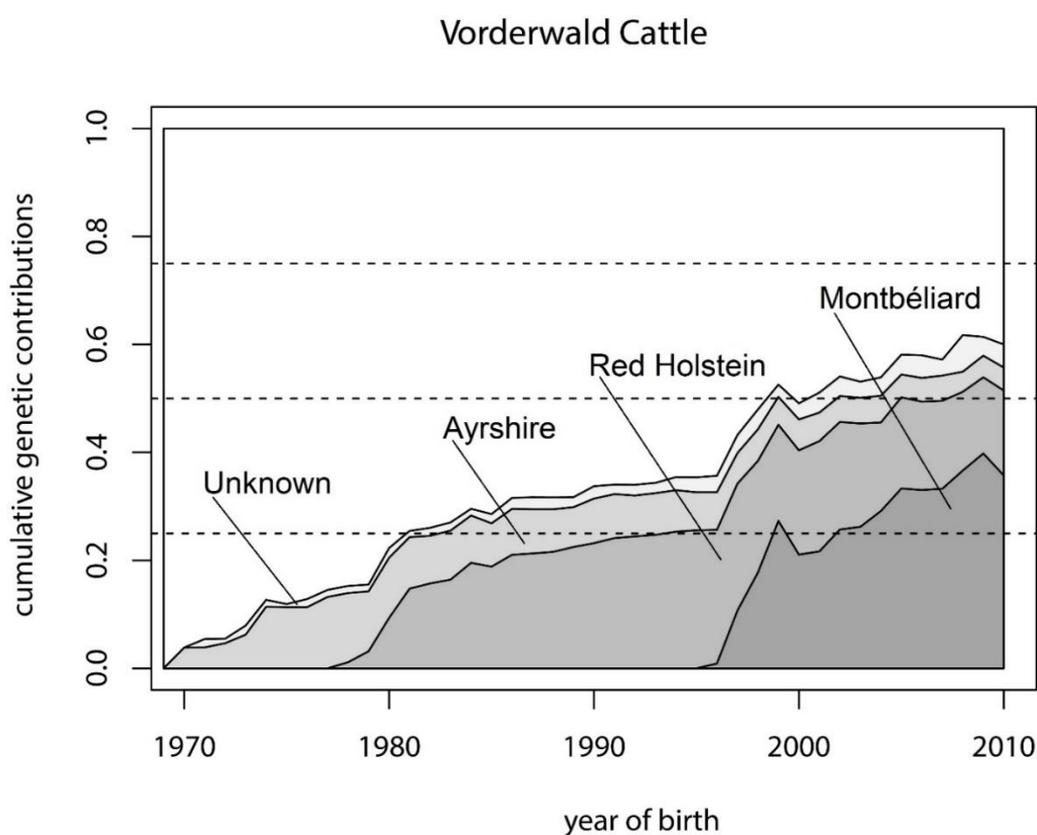


Figure 1: Cumulative genetic contributions of foreign breeds to the Vorderwald cattle

Figure 2 illustrates the trend of migrant breed contributions for the Hinterwald bulls recorded for the trait g_sale. Contributions from migrant breeds increased to approximately 50% today. The figure also shows that Fleckvieh had noteworthy influence from the beginning. The influence of Vorderwald cattle first became visible in the middle of the 1970s. Their contribution is more or less constant at a proportion of 10%. Since the 1980s the contribution from Hinterwald ancestors with unknown pedigree increased to about 30%. Remaining breeds had very little impact.

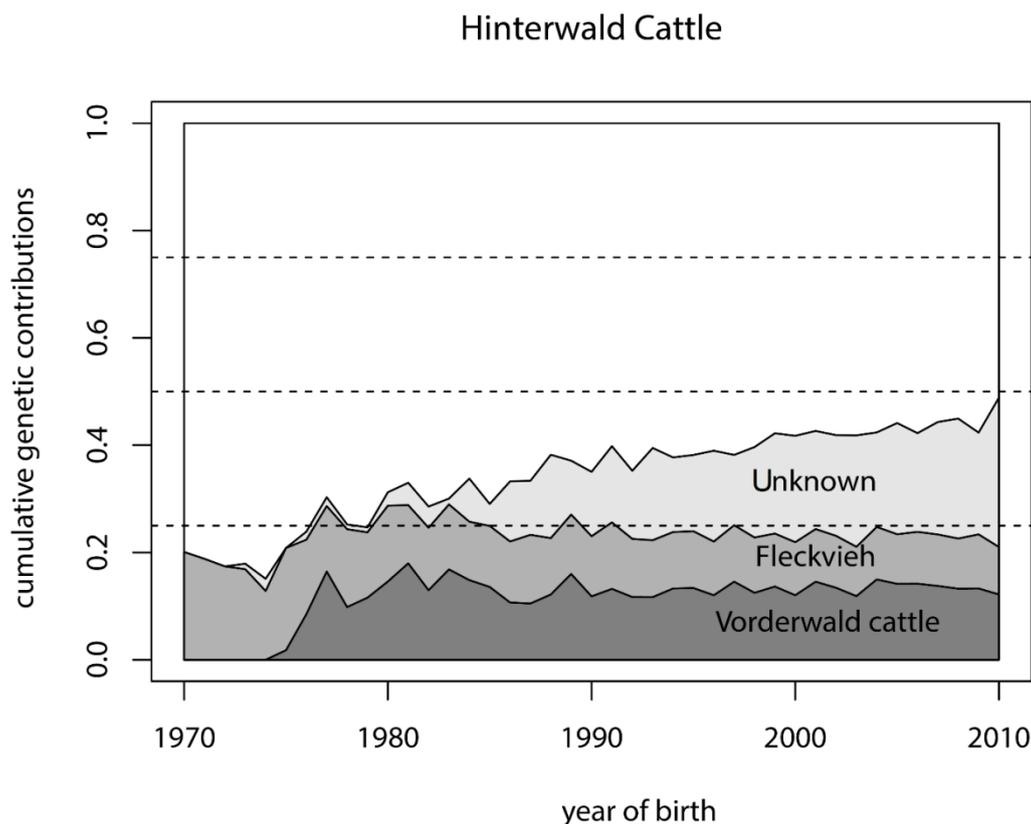


Figure 2: Cumulative genetic contributions of foreign breeds to the Hinterwald cattle

Table 2 summarizes the effects of migrant breeds for the three traits considered for Vorderwald bulls. The effect of Ayrshire is negative, whereas the effect of Montbéliard is positive for all traits. Regarding g_{sale} , the positive effect of the rest is significant. In case of g_{station} the highly positive effect of Montbéliard is significant.

Table 2: Vorderwald cattle – Effects of migrant breeds

Migrant breed	g_{sale}			g_{field}			g_{station}		
	\hat{b}	SE	p-value	\hat{b}	SE	p-value	\hat{b}	SE	p-value
Unknown	8.76	21.95	0.684	-9.16	11.30	0.417	119.00	92.70	0.202
Ayrshire	-39.71	33.31	0.237	-3.58	61.42	0.951	-19.01	107.80	0.854
Montbéliard	16.17	23.54	0.491	9.75	18.01	0.598	138.00	54.84	0.014
Red Holstein	-0.29	26.77	0.990	-2.48	14.80	0.861	91.40	82.45	0.272
Rest	36.10	18.02	0.047	-4.78	13.08	0.709	-27.36	107.60	0.793

Estimations of migrant effects are shown in Table 3 for Hinterwald bulls. The influences of the foreign breeds under consideration are positive for g_{sale} but the sum of remaining breeds ('rest') contributes negative (not significant). For the trait g_{sale} , the positive effect of Vorderwald cattle and for g_{field} , the positive effects of Vorderwald cattle and the 'rest' are significant.

Table 3: Hinterwald cattle – Effects of migrant breeds

Migrant breed	g_{sale}			g_{field}		
	\hat{b}	SE	p-value	\hat{b}	SE	p-value
Unknown	49.05	26.24	0.064	19.69	21.17	0.354
Fleckvieh	52.55	51.17	0.307	145.50	115.50	0.211
Vorderwald	123.40	45.08	0.007	126.50	43.53	0.004
Rest	-40.57	147.70	0.777	97.59	44.41	0.030

Figure 3 and Figure 4 show the development for traits g_{sale} and g_{station} in the Vorderwald cattle. Regarding g_{sale} , the genetic value is moderate positive whereas the trend of the adjusted breeding values is slightly negative. In contrast, both trends are positive for the trait g_{station} . Albeit, the slope of the genetic value including foreign breeds' influences is much steeper than the slope of the adjusted breeding value.

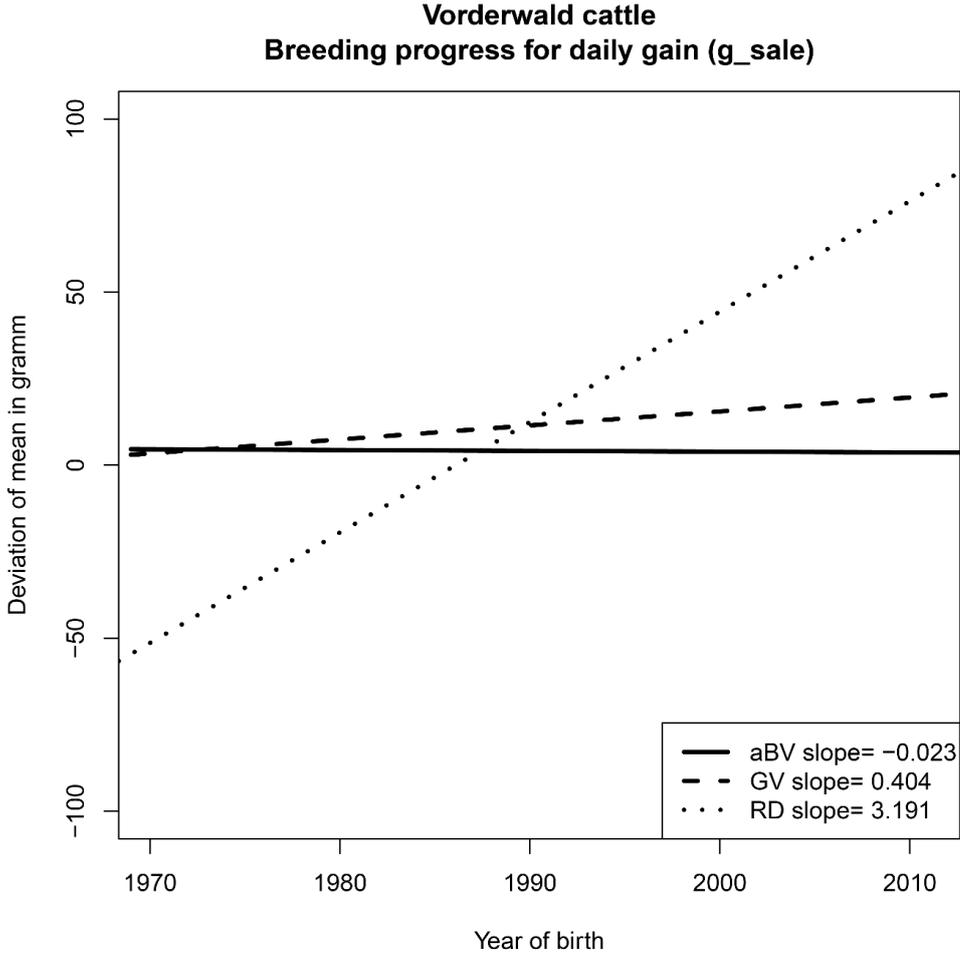


Figure 3: Vorderwald cattle – Breeding progress for daily gain (g_sale). aBV: breeding value adjusted for influence of migrant breeds, GV: genetic value with influence of migrant breeds, RD: raw data.

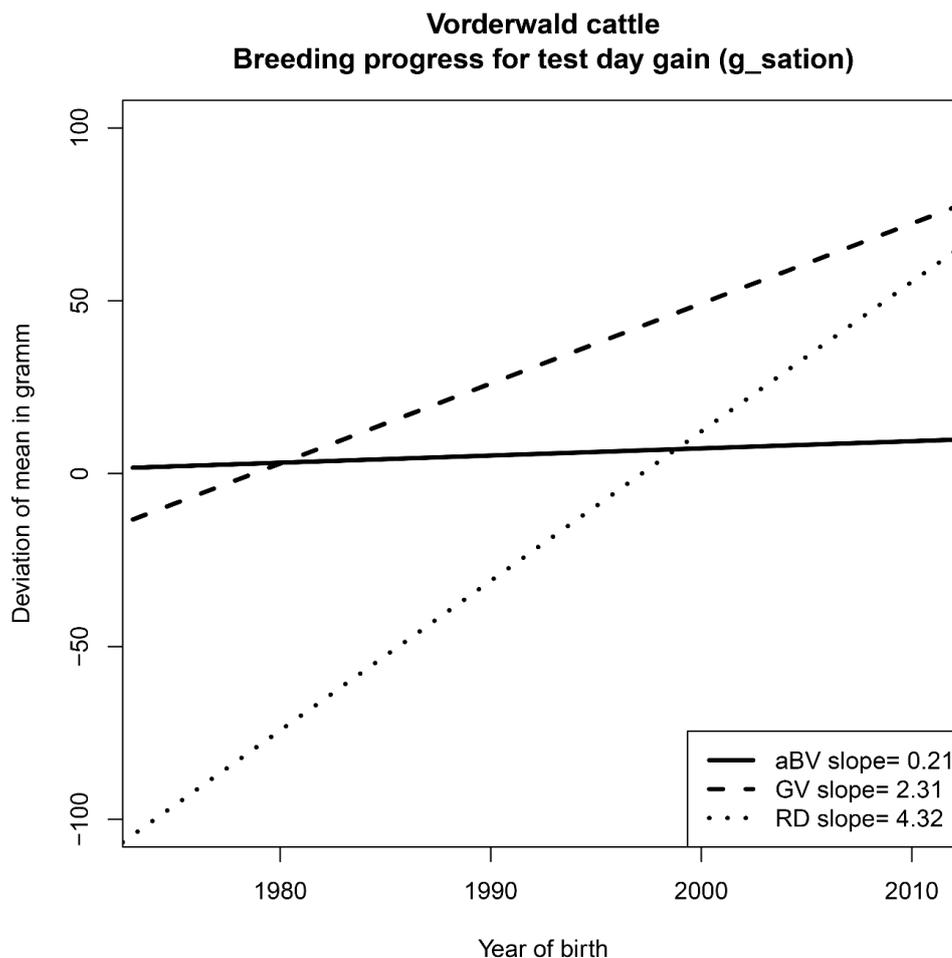


Figure 4: Vorderwald cattle – Breeding progress for test day gain (g_sation). aBV: breeding value adjusted for influence of migrant breeds, GV: genetic value with influence of migrant breeds, RD: raw data.

Figure 5 shows the development of yield-performance of g_sale for the Hinterwald bulls. Phenotypic trend rises steeply. By comparison, the genetic trend and adjusted breeding values have only a moderate positive trend whereas the rising of the genetic value is higher.

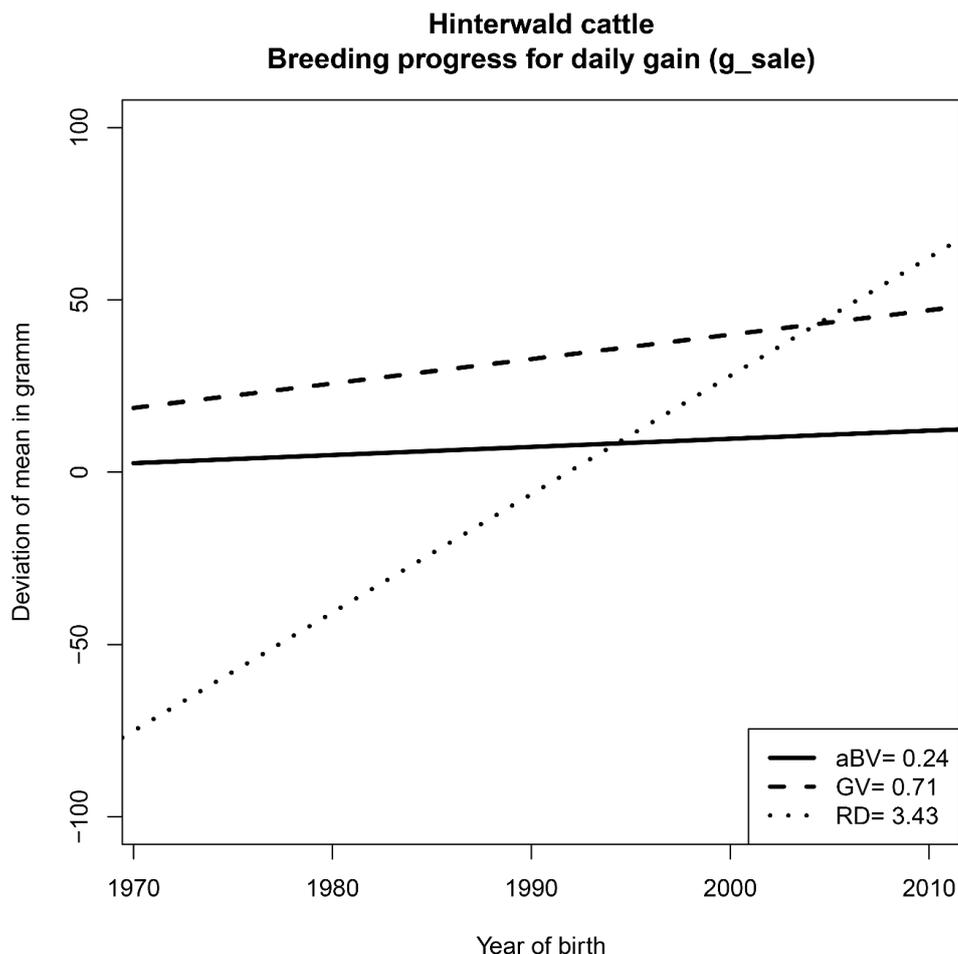


Figure 5: Hinterwald cattle – Breeding progress for daily gain (g_sale). aBV: breeding value adjusted for influence of migrant breeds, GV: genetic value with influence of migrant breeds, RD: raw data.

Discussion

Nowadays Vorderwald bulls sold at public sale are highly influenced by migrant breeds. Hence, the amount of genetic originality is small. The influence of Vorderwald ancestors with unknown pedigree is also small, probably because incomplete pedigrees are an argument for not selling a bull at public sale. Ayrshire, Red Holstein and Montbéliard were identified as important migrant breeds. Contributions of migrant breeds with negative effects on beef traits (Ayrshire, Red Holstein) decreased over time whereas the contribution from the only migrant breed with a significant positive effect (Montbéliard) increased enormously within a short period of time. This increase occurred after 1995, which shows that the decrease of genetic originality of endangered breeds due to introgression from economically superior breeds is not a historic phenomenon but continues steadily. Especially bulls that go to test station have high Montbéliard contributions from both parents. Montbéliard genetic proved beneficial in the Vorderwald population (F. Maus, breeding director of Vorderwald and Hinterwald cattle,

personal communication). Montbéliard is a dual purpose breed with focus on milk. Positive influences on both production purposes of Vorderwald cattle can be expected. Probably this makes the breed more interesting than Ayrshire and Red Holstein that are just focused on milk production.

Comparing the genetic trend of g_{sale} (Figure 3) and g_{station} (Figure 4) shows the influence of selection. The increase of genetic trend is higher for the selected bulls that go to station. Table 2 underlines this item. The effects of unknown, Montbéliard and Red Holstein are higher for g_{station} than for g_{sale} and g_{field} . Matings between Vorderwald cattle and migrant breeds might be more target oriented in producing animals for station than animals for the field.

Regarding Hinterwald cattle, introgression from Fleckvieh and from Vorderwald cattle occurred early. The contributions remained almost constant over time. For Hinterwald breeders pure breeding was more important than improving performance. The influence of Hinterwald ancestors with unknown pedigree increased over time. It is assumed that this high amount of Hinterwald ancestors with unknown pedigree is due to many animals that were not registered in the Hinterwald herd book in the past. Due to the implementation of federal subsidies in the 1990s many Hinterwald animals became registered. These animals had a high influence to the population, but most of their ancestors were not registered.

Genetic trend (Figure 5) shows the positive influence of foreign breeds to genetic progress. Migrant effects were mainly positive. The effect of the Vorderwald cattle was highly significant. Especially for beef traits it could be assumed that Fleckvieh has noteworthy influence, but it was the goal of Hinterwald keepers to avoid crossbreeding except for the careful input of Vorderwald genetic. The lack of significance of the Fleckvieh effect could be due to the early time of introgression. Fleckvieh and Hinterwald genes were already heavily mixed when trait recording started. Therefore, the effect of Fleckvieh could not be estimated precisely.

The animal model with an additive genetic relationship matrix computed from complete pedigrees included effects of the genetic contributions of the introgressed breeds. Alternatively, a so called animal model with genetic groups could be used, which would be obtained by adding phantom parents to the pedigree. Heterosis is not unimportant for daily gain (Gregory et al., 1991) but it was omitted from the analysis because the heterozygosity of the individuals was unknown and in particular it was unknown how distantly the introgressed breeds were related with native Vorderwald and Hinterwald cattle. Hence, heterosis may have inflated the estimated breed effects. In the analysed breeds, every migrant breed was used

only for a short time for introgression, so the effect of each migrant breed could be considered constant over time.

The reasons for crossbreeding were prevention of inbreeding depression as well as yield improvement. Lauvie et al. (2008) discussed the controversy about crossbreeding in the conservation program for Flemish red cattle. While practitioners were not quite as interested in the amount of migrant contributions, other stakeholders saw the threatening aspect concerning genetic originality. The German Association of Animal Production (Deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde e.V., DGfZ) insisted that in case of crossbreeding the threat of accumulated inbreeding is overestimated whereas the several disadvantages of crossbreeding itself were neglected. Amador et al. (2011) analysed the success of recovering the introgression of foreign genetic. Depending on the number of exogenous founders and generations without genetic management recovering efforts can re-establish the original genetic background. Regarding the situation of Vorderwald and Hinterwald cattle the introgression of foreign breeds was mainly done to improve yield. Especially in case of the Vorderwald cattle yield performance was improved by crossing with several foreign breeds. But at the same time migrant contributions accumulated and the breed's genetic originality declined.

It was tested whether the effects of the introgressed breeds are different from zero. Alternatively, it could be tested for each introgressed breed whether the weighted average of the genetic values of the animals originating from the breed is different from zero. The weight of an ancestor would be the average genetic contribution of that animal to the current generation. This approach could lead to more significant results if the genetic values of the introgressed ancestors can be estimated more precisely than the breed effect.

In the past there was a lack in pedigree documentation, resulting in the considerable genetic contribution from cattle with unknown parents observed in the Hinterwald cattle. Missing and wrong data influence genetic progress. Evaluating the trend of breeding values requires knowledge of pedigree information. A lack of pedigree information leads to biased estimates of inbreeding and a lower reliability of genetic parameters and thus to reduced breeding progress (Visscher et al., 2002). Stricter monitoring of data collection is advisable. Incentives for registration in the herd book are important to improve pedigree data. Fernández et al. (2011) refer about the importance of proper management within small local populations. Amongst others they required correct and preferable complete pedigree information. The focus of a conservation program should be on keeping genetic variability and avoiding the

increase of inbreeding, therefore this information is needed. There are alternatives, such as molecular markers and SNPs, but there is often a lack in availability.

Quality of beef trait records may also be improved, especially because the importance of beef traits in the Hinterwald cattle is currently increasing. Many Hinterwald cattle are now kept in suckler cow husbandry. In the case of beef traits, data collection is more complicated and less established and unified than in the case of milk traits. Nowadays, livestock keepers register weight of carcass and in some cases commercial category in a central system. The goal is to deliver proper data as a base for solid breeding value estimation to support proper decisions about selecting and mating.

To overcome the diverse challenges, there are different approaches using the idea of optimum contribution selection. The implementation of optimum contribution selection into breeding programs was suggested by Meuwissen (1997). The aim was maximization of the expected mean breeding value in the following generation and simultaneous constraining the loss of genetic diversity. Amador et al. (2011) observed the opportunities of removing migrant breeds' influences by reducing foreign founders' contributions. However, this approach led to increased inbreeding coefficients. Wellmann et al. (2012) criticized the use of this and similar approaches in breeds with migrant contributions because the maximization of genetic diversity by constraining breeding values or *vice versa* could facilitate the increase of migrant contributions. As an alternative, their approach reduces migrant contributions while maximizing the diversity of genes originating from native founders. Several possibilities were analysed by Wellmann et al. (2012). A promising approach was maximizing the probability that two randomly chosen alleles of the offspring population are different and at least one of them originates from a native founder. It should be noted that the trend of breeding values could be negative without constraining a minimum, because breeding progress came mainly from migrant contributions. However, genetic variability and genetic originality should have higher weight within a conservation breeding program than improvement of yield performance.

Conclusion

Vorderwald and Hinterwald cattle have substantial genetic contributions from other breeds. Thereby, genetic progress and genetic variability were increased but genetic originality declined. In the case of Vorderwald cattle, contributions of migrant breeds with little or negative effects on beef traits decreased over time whereas the contribution from the only migrant breed with a significant positive effect (Montbéliard) increased enormously within a

short period of time. This increase occurred after 1995, which shows that the decrease of genetic originality of endangered breeds due to introgression from economically superior breeds is not a historic phenomenon, but continues steadily. It underlines that practical stakeholders are market-orientated and more interested in yield than in genetic originality or genetic variability. Next to the production of milk and meat, Hinterwald cattle are used for the maintenance of special landscapes. In this context their specific phenotype is needed. In order to keep a small and light cattle, foreign influences should be restricted.

Reducing migrant contributions is desirable in order to sharpen genetic uniqueness of the breeds. This can be done with optimum contribution selection as proposed by Amador et al. (2011) and Wellmann et al. (2012) but incorporating genetic gain in the respective object function.

Acknowledgement

We are grateful to Dr. Franz Maus, the breeding director of Vorderwald and Hinterwald cattle, who supported us with information about the breeds.

References

- Amador, C., Toro, M. Á., & Fernández, J. (2011). Removing exogenous information using pedigree data. *Conserv. Genet.* **12**, 1565-1573.
- Bennewitz, J., & Meuwissen, T. H. E. (2005). Estimation of extinction probabilities of five german cattle breeds by population viability analysis. *J. Dairy Sci.*, **88**, 2949–2961.
- Bennewitz, J., Simianer, H., & Meuwissen, T. H. E. (2008). Investigations on merging breeds in genetic conservation schemes. *J. Dairy Sci.*, **91**, 2512–2519.
- BLE (2010). *Erfassungsprojekt Erhebung von Populationsdaten tiergenetischer Ressourcen in Deutschland: Tierart Rind*. (Vereinigte Informationssysteme Tier w.V. (vit), Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft Institut für Tierzüchtung (LfL Bayern), & Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e. V. (ADR), Eds.). Verden/ Grub/ Bonn: Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung.
- DGfZ (2013). Empfehlung des Fachbeirats Tiergenetischer Ressourcen - Stand, Probleme und Handlungsbedarf bei Erhaltungszuchtprogrammen für einheimische vom Aussterben bedrohte Nutztierassen. *Züchtungskunde*, **85**, 85–95.
- Fernández, J., Meuwissen, T. H. E., Toro, M. A., & Mäki-Tanila, A. (2011). Management of genetic diversity in small farm animal populations. *Animal*, **5**, 1684–1698.

- Gandini, G. C., & Villa, E. (2003). Analysis of the cultural value of local livestock breeds: a methodology. *J. Anim. Breed. Genet.*, **120**, 1–11.
- Gregory, K. E., Cundiff, L. V., & Koch, R. M. (1991). Breed effects and heterosis in advanced generations of composite populations for preweaning traits of beef cattle. *J. Anim. Sci.*, **69**, 947–960.
- Hartwig, S., Wellmann, R., Hamann, H., & Bennewitz, J. (2013). Pedigreeanalysen zur Beschreibung der genetischen Variabilität bei den baden-württembergischen Rinderrassen Vorderwälder, Hinterwälder und Limpurger. *Züchtungskunde*, **85**, 270–288.
- Lauvie, A., Danchin-Burge, C., Audiot, A., Brives, H., Casabianca, F., & Verrier, E. (2008). A controversy about crossbreeding in a conservation programme: The case study of the Flemish Red cattle breed. *Livest. Sci.*, **118**, 113–122.
- Meuwissen, T. H. (1997). Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Anim. Sci.*, **75**, 934–940.
- Meuwissen, T. (2009). Genetic management of small populations: A review. *Acta Agric. Scand. A Anim. Sci.*, **59**, 71–79.
- Samraus, H. H. (2010). *Gefährdete Nutztierassen: ihre Zuchtgeschichte, Nutzung und Bewahrung* (3rd ed., pp. 10–21; 155–183). Stuttgart: Ulmer Verlag.
- Visscher, P. M., Woolliams, J. A., Smith, D., & Williams, J. L. (2002). Estimation of pedigree errors in the UK dairy population using microsatellite markers and the impact on selection. *J. Dairy Sci.*, **85**, 2368–2375.
- Wellmann, R., Hartwig, S., & Bennewitz, J. (2012). Optimum contribution selection for conserved populations with historic migration. *Genet. Sel. Evol.*, **44**, 34.

Kapitel 4

Short communication: Importance of introgression for milk traits in the German Vorderwald and Hinterwald cattle

S. Hartwig*, R. Wellmann*, R. Emmerling†, H. Hamann§, J. Bennewitz*

*Institut für Tierhaltung und Tierzucht, Universität Hohenheim, Garbenstraße 17,
70599 Stuttgart

†Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Prof.-Dürrwaechter-Platz 1, 85586 Poing

§ Landesamt für Geoinformation und Landentwicklung, Stuttgarter Straße 161,
70806 Kornwestheim

Veröffentlicht in:

Journal of Dairy Science 2015, 98 (3): 2033-8

doi: 10.3168/jds.2014-8571

**SHORT COMMUNICATION: Importance of introgression for milk traits in the
German Vorderwald and Hinterwald cattle**

The subject of the present study was analyzing the influence of genetic introgression on milk yield performance of the German local breeds Vorderwald and Hinterwald cattle. Introgression improved the milk performance of the Vorderwald cattle. Montbéliard cattle had the largest effect on milk production of Vorderwald cattle. Genetic introgression with Montbéliard continued until recently. This suggests that introgression is still a preferred method for genetic improvement of local breeds, even though it diminishes their value for conservation. For Hinterwald cattle no effect of migrant breeds could be detected, which suggests that population management has different priorities in different endangered breeds.

Running head: Importance of introgression for milk traits

S. Hartwig*, R. Wellmann*, R. Emmerling†, H. Hamann§, J. Bennewitz*

*Institute of Animal Husbandry and Breeding, University of Hohenheim, Garbenstraße 17, 70599 Stuttgart, Germany

†Bavarian State Research Centre for Agriculture, Institute for Animal Breeding, Prof.-Dürnwächter-Platz 1, 85586 Poing, Germany

§Federal Bureau for Geo Information and Rural Development of Baden-Württemberg, Stuttgarter Straße 161, 70806 Kornwestheim, Germany

Corresponding author:

Jörn Bennewitz

Institute of Animal Husbandry and Breeding

University of Hohenheim,

Garbenstraße 17, 70599 Stuttgart, Germany

Phone: +49 711 459 23570

Fax: +49 711 459 23001

Email: j.bennewitz@uni-hohenheim.de

Abstract

The subject of the present study was to analyze the influence of genetic introgression on milk yield performance of the German local breeds Vorderwald and Hinterwald cattle. Deviations of milk yield, fat yield, and protein yield of cows as well as pedigree information were analyzed. A sire model was used to estimate genetic trend and effects of the migrant breeds. Migrant contributions to Vorderwald cattle were high and have been rising even in the recent past. The effects of these breeds on milk yield performance were positive. Montbéliard cattle not only had the largest effect on milk production of Vorderwald cattle but also the highest genetic contribution to this breed. Genetic introgression with Montbéliard continued until recently. This suggests that introgression of high-yielding breeds is still a preferred method for genetic improvement of local breeds, even though it diminishes their value for conservation. Hence, the current population management has too little focus on the preservation of genetic uniqueness. In comparison, migrant breed contributions to the Hinterwald cattle, a breed with a unique phenotype and an own niche, were moderate and nearly constant over the time. For the Hinterwald cattle no significant effect of migrant breeds could be detected, which suggests that population management has different priorities in different endangered breeds. We conclude that not only the registration of animals from local breeds but also the breeding programs themselves should be supported and need to be controlled.

Key words: introgression, genetic improvement, genetic autonomy

After Second World War, during economic growth and increasing consumption local breeds became less important in Germany. Mechanization made draft animals unnecessary. The main goal of German cattle breeders was improving milk yield and the content of fat and protein. Traits concerning fitness and robustness receded into the background. At this time high yielding breeds became famous and were often introgressed into the local breeds (BLE, 2010). The population sizes of robust but not that high performing local breeds declined. Compared to high yielding breeds, rare local breeds achieved smaller selection intensities and the breeding activities for local breeds were not as intensive and target-oriented. Thus, breeding progress within the small populations was moderate. Consequently, the gap between the performances of local breeds and high yielding breeds increased. Although the performances of the breeds may eventually reach a plateau, economically important breeds with high selection intensities will reach this plateau earlier than rare breeds. In the meantime,

the rare breeds are less attractive for farmers. To compensate these differences high yielding breeds were frequently introgressed into local populations (Sambraus, 2010). While performance could be improved, the influence of exogenous genes accumulated and the genetic originality of traditional breeds is expected to have declined. Accumulation of exogenous genes in economically inferior breeds has been detected for example in the Vorderwald cattle (Hartwig et al., 2014). Consequently, inbreeding coefficients increase slowly, and the effective population sizes are relatively high (Hartwig et al., 2013).

The aim of the present study was to determine the extent to which the historic introgression was responsible for the genetic gain achieved in rare breeds. This was done at the example of two local German cattle breeds, the Vorderwald and the Hinterwald breed. They originate from the Black Forest in the south-west of Germany. The influences of exogenous genes on milk yield performance of these two breeds were analyzed. Additionally, genetic trends of milk yield traits were examined.

These analyses enlarge a previous study by Hartwig et al. (2014), in which the impact of exogenous genes on the beef traits of Vorderwald and Hinterwald cattle was examined. Beef traits, however, are less important for the Vorderwald cattle, which is a dual-purpose breed with focus on milk production. Hence, we expected the analysis of milk traits to provide more insight into the importance of migrant breeds for genetic improvement. Unlike the Vorderwald cattle, the Hinterwald cattle are primarily kept in suckler cow husbandry to maintain the traditional landscape in the hilly regions of the Black Forest. Since the German state of Baden-Württemberg implemented a policy to preserve its livestock biodiversity, the breeders were financially helped to maintain their flock. Three foreign breeds were introgressed into the Vorderwald population since 1967, namely Ayrshire, Red Holstein and Montbéliard. Each time a certain amount of bulls was mated to a number of selected cows. Sons out of these matings were registered in the Vorderwald herd book after they got licensed. In contrast Hinterwald breeders wanted to maintain a pure breed. Nevertheless, Fleckvieh and Vorderwald cattle were introgressed after Second World War (Sambraus, 2010).

This analysis examined the effect of introgression on milk yield, fat yield, and protein yield. The database consisted of a pedigree data set and yield deviations for milk, fat and protein based on the routine evaluation for production traits in Hinterwald and Vorderwald cattle (processed by the Bavarian State Research Centre for Agriculture). The information used in

the pedigree was supplied by the Federal Bureau for Geo Information and Rural Development of Baden-Württemberg. The pedigree data of Vorderwald cattle included 226,153 animals. For 36,900 cows born between 1986 and 2011 the yield deviations for milk, fat and protein were available. The pedigree data of Hinterwald cattle contained 30,947 animals. Yield deviations for milk, fat and protein were available for 2,634 cows born between 1986 and 2011. All purebred Vorderwald and Hinterwald cattle in the pedigree were born after 1947.

The R-Package “PedAnalysis” was used to calculate the contributions of migrant breeds for each individual (Wellmann et al., 2012). For calculating exogenous contributions the ancestors of migrant individuals or of individuals with unknown breed were discarded from the pedigree. That is, if a Montbéliard cow had for example a Fleckvieh ancestor, then the contribution of the Fleckvieh ancestor became part of the Montbéliard contribution. Depending on the amount of influence for each breed, groups of foreign ancestors were defined. For Vorderwald cattle, five foreign origins were attributed to the exogenous founders: Ayrshire, Red Holstein, Montbéliard, unknown and rest. The groups of migrant ancestors for Hinterwald cattle were ‘unknown’, Fleckvieh, Vorderwald cattle and ‘rest’. ‘Unknown’ included Vorderwald and Hinterwald ancestors, respectively, with unknown pedigree born after 1970. Breed-affiliated ancestors with unknown pedigree born before 1970 were determined to be purebred. ‘Rest’ included the remaining breeds. The development of genetic contributions from the groups of migrant ancestors were graphically illustrated for the cows with yield deviations. A mixed linear model was fitted to estimate the migrant breed effects and the sire effects for milk, fat, and protein. The yield deviations were adjusted for the breeding value of the dam. A sire model was used for the calculations:

$$Y = \mu 1 + \left(\sum_m b_m c_m \right) + s + e,$$

where Y is the vector of yield deviations of milk, fat and protein yield. The right-hand side includes $\mu 1$ which is the intercept multiplied with the 1-vector. Further parameters are the regression coefficient b_m and the vector of genetic contributions c_m from migrant breed m for the sires. Finally, s contains the random effects of the sires and e is the error. The covariance structure of the random effects was $\text{var}(s) = \frac{1}{4} A \sigma_a^2$ and $\text{var}(e) = I \sigma_e^2$, with A and I being the pedigree relationship matrix and identity matrix, respectively, and σ_a^2 and σ_e^2 being the additive genetic variance and error variance, respectively. Estimates were obtained with

ASReml v3.0 (Gilmour et al., 2009). The illustration of genetic trend was done by the regression of yield deviations (YD), the regression of sire effects including exogenous contributions (SV), and the regression of the sire effects without exogenous contributions (aSV) on the year of birth. The adjusted sire effects was estimated as

$$a\hat{SV}_i = \hat{\mu} + \hat{s}_i.$$

The estimate of the sire effect was obtained by adding the effects of the migrant breeds:

$$\hat{SV}_i = \hat{\mu} + \sum_m \hat{b}_m c_{mi} + \hat{s}_i.$$

Figure 1a shows the cumulative genetic contributions of foreign breeds for each year of birth for the milking Vorderwald cows. The small contributions of ‘rest’ were neglected.

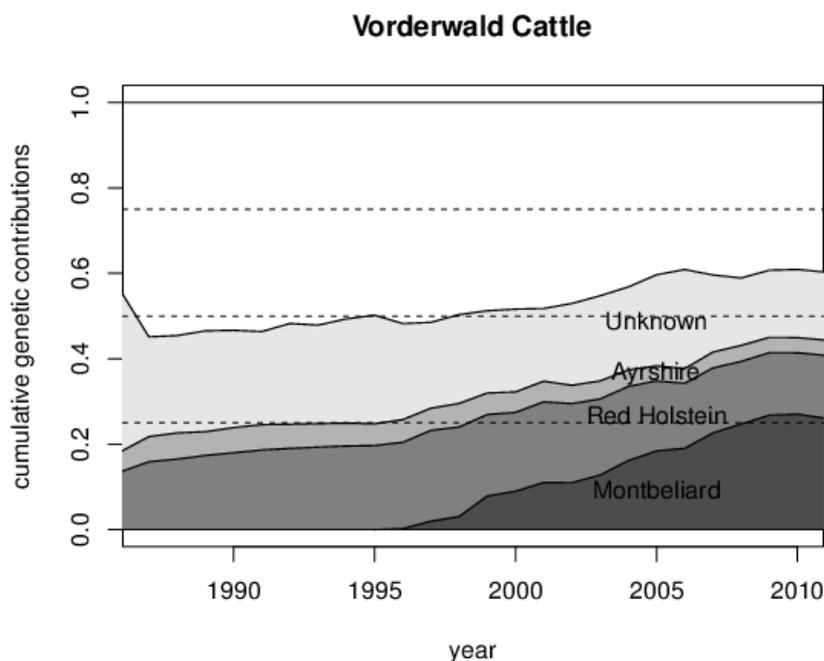


Figure 1a: Vorderwald cattle - Cumulative genetic contributions of foreign breeds

The sum of foreign and unknown proportions is similar as in Hartwig et al. (2014). However, the impact of ‘unknown’ is much higher for the milking cows, maybe due to a higher demand on registered ancestors for bulls. Contributions of Ayrshire and Red Holstein are similar for both studies. The contributions of Montbéliard rose less steeply for milking cows than for the bulls in the previous study, indicating that introgression with high yielding breeds started with the bulls and exogenous genes needed some generations to reach the main population. Table 1 summarizes the effects of foreign breeds on the milk yield of Vorderwald cows.

Table 1: Vorderwald cattle - Effects of migrant breeds

Migrant breed	YD Milk			YD Fat			YD Protein		
	\hat{b}	SE	p-value	\hat{b}	SE	p-value	\hat{b}	SE	p-value
Unknown	858.20	133.00	<0.001	29.83	6.87	<0.001	22.80	4.26	<0.001
Ayrshire	281.40	442.50	0.522	20.24	17.52	0.250	6.60	13.95	0.631
Red Holstein	1193.00	152.70	<0.001	50.13	6.18	<0.001	32.68	4.88	<0.001
Montbéliard	1796.00	176.80	<0.001	67.40	6.87	<0.001	57.95	5.51	<0.001
Rest	1120.00	140.20	<0.001	42.81	5.74	<0.001	34.49	4.52	<0.001

YD Milk = yield deviations of milk performance; YD Fat = yield deviations fat performance; YD Protein = yield deviations protein performance; \hat{b} = estimator of the regression coefficient of migrant breed contribution b ; SE = standard error.

Migrant groups have noticeable effects. Montbéliard has the highest and Ayrshire the lowest influence. The effects of ‘unknown’, Red Holstein, Montbéliard and ‘rest’ are highly significant. The influence of Ayrshire is not significant. Introgression of Ayrshire genetic took place in the sixties of the 20th century and the performance of the breed at that time was not as good as nowadays. Figure 2 illustrates the trend of yield deviations (YD), sire effects (SV) including the influences of foreign breeds, and adjusted sire effects (aSV) that were corrected for influences from foreign or unknown breeds.

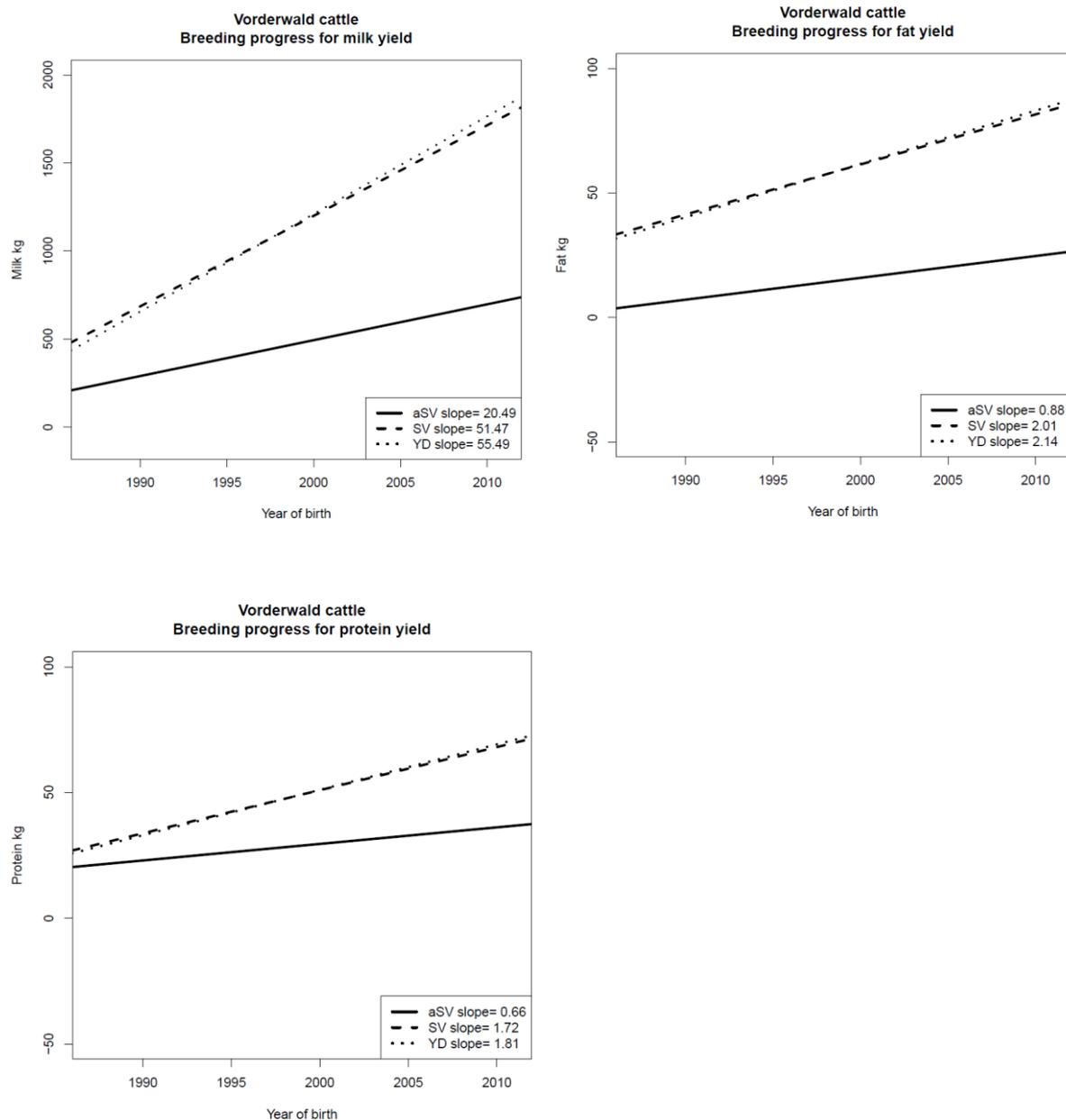


Figure 2: Vorderwald cattle – Breeding progress (YD and SV) for milk, fat, and protein yield. aSV: sire effect adjusted for influence of migrant breeds, SV: sire effect with influence of migrant breeds, YD: yield deviations.

(Note that the slope of the trend of YD is half of the slope of phenotypic trend)

The trends were similar over all three traits under consideration. The trend for SV and YD was nearly the same. The level of the aSV was smaller. The difference between the line for aSV and both other lines illustrates the influence of introgression. The slope for SV and YD is much steeper than the slope for aSV. Vorderwald cattle show high and even rising contributions of migrant breeds. Hence, these foreign contributions seem to have high importance for breeding progress. According to Amador et al. (2011) and Wellmann et al.

(2012) the conservation of traditional genetic resources requires the reduction of the influence of foreign breed ancestors. However, the results suggest that this could reverse breeding progress if the performance would be neglected in selection decisions. Hence, restricting the loss of performance might be required in an optimum contribution selection framework.

Figure 1b shows the cumulative genetic contributions of foreign breeds for different years of birth for the milking Hinterwald cows. Contributions of ‘rest’ were neglected. The contributions of Fleckvieh and Vorderwald cattle are similar for milking cows (Figure 1b) and bulls (Hartwig et al., 2014). They are moderate, and almost constant, whereas the contribution of ‘unknown’ is relatively high.

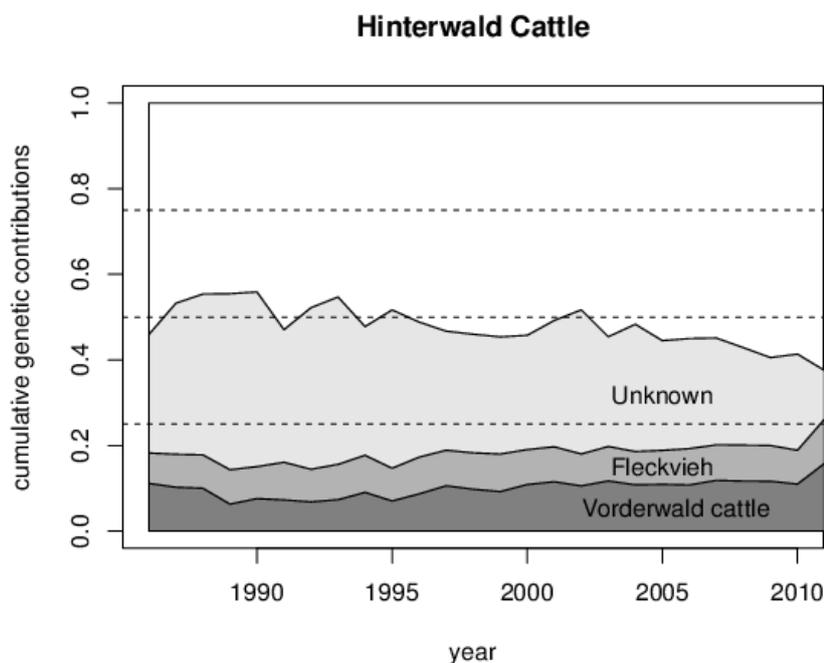


Figure 1b: Hinterwald cattle - Cumulative genetic contributions of foreign breeds

However, the contribution of “unknown” for milking cows was even larger in the 1990ies than nowadays. It is assumed that the influence of governmental support was responsible for this development. In the past the herd book registration of animals was very unpopular for Hinterwald cattle breeders, but cows needed to be registered to demand MEKA. It is assumed but not documented that the highest amount of ‘unknown’ represents Hinterwald ancestors that were not registered in the herd book. Neglecting the contributions of Hinterwald cattle with unknown pedigree, the sum of migrant contributions within the Hinterwald population

are moderate. Table 2 describes the influence of migrant breeds on the milk yield of Hinterwald cows.

Table 2: Hinterwald cattle - Effects of migrant breeds

Migrant breed	YD Milk			YD Fat			YD Protein		
	\hat{b}	SE	p-value	\hat{b}	SE	p-value	\hat{b}	SE	p-value
Unknown	-75.36	234.80	0.742	-7.70	9.61	0.424	-4.85	7.57	0.520
Fleckvieh	-254.80	867.30	0.763	-16.05	35.41	0.646	-16.24	27.90	0.558
Vorderwald	766.30	403.80	0.062	21.49	16.41	0.197	16.11	12.98	0.219
Rest	689.70	444.80	0.124	19.39	18.59	0.299	18.24	14.65	0.216

YD Milk = yield deviations of milk performance; YD Fat = yield deviations fat performance; YD Protein = yield deviations protein performance; \hat{b} = estimator of the regression coefficient of migrant breed contribution b ; SE = standard error.

The estimated effects of ‘unknown’ and Fleckvieh are negative. The effects of Vorderwald cattle and ‘rest’ tend to be positive, but none of the effects was significant. Contributions of Fleckvieh originated from the introgression after Second World War. In subsequent years, Hinterwald and Fleckvieh contributions mixed genetically. The earliest yield records were from 1986, so a precise estimation of the Fleckvieh influence was not possible. The second reason for the lack of significance of migrant effects might be the small sample size of the Hinterwald population. The breed with the highest influence is the Vorderwald cattle, which was sometimes introgressed in the Hinterwald population during the last decades (Sambraus, 2010). The development of the genetic trend of Hinterwald cows is shown in Figure 3 for milk yield, fat yield, and protein yield. For all three traits there was a positive trend, but the increase was small. The pattern of SV and YD was similar, and their level is above aSV.

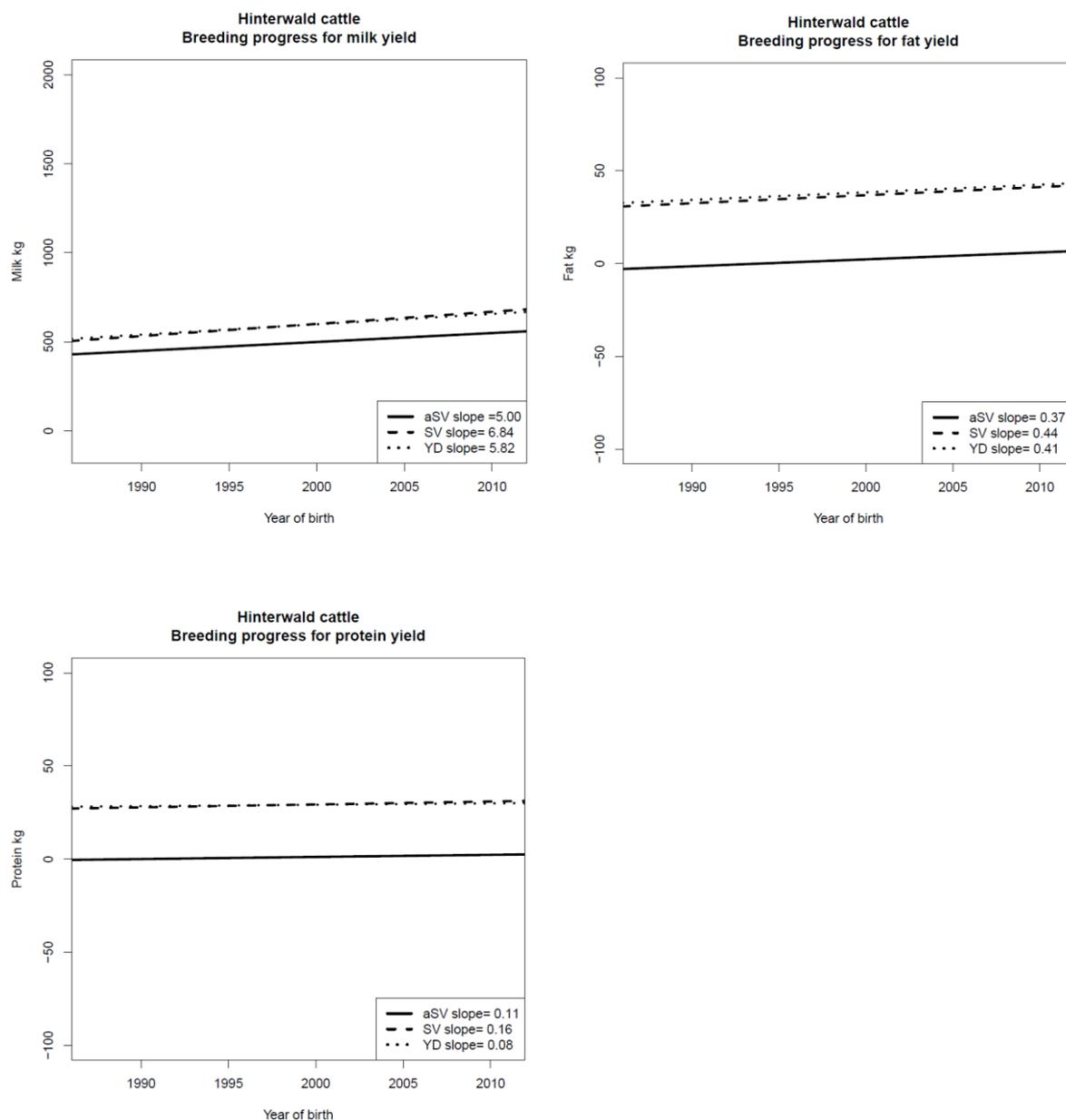


Figure 3: Hinterwald cattle – Breeding progress (YD and SV) for milk, fat, and protein yield. aSV: sire effect adjusted for influence of migrant breeds, SV: sire effect with influence of migrant breeds, YD: yield deviations.

(Note that the slope of the trend of YD is half of the slope of phenotypic trend)

Results of the present study underline that situations within traditional local breeds differ. Until recently, introgression of high yielding breeds was a preferred method for genetic improvement of Vorderwald cattle, even though it diminished their value for conservation. Today the amount of potentially exogenous contributions is even larger than in an F1 cross. The Vorderwald breed does not fill a special niche and the breed directly competes with the popular high yielding dairy and dual purpose breeds, i.e. Holstein and Fleckvieh. Therefore,

to improve competitiveness breeders use introgression. This underlines the problem of the profitability of rare breeds when they cannot rely on a niche market (Meuwissen, 2009). In contrast, migrant breed contributions to the Hinterwald cattle, a breed with a unique phenotype and an own niche, were moderate and nearly constant over the time. The constant migrant contributions suggest that the breeders preferred pure breeding in recent years. For the Hinterwald cattle no significant effect of migrant breeds could be detected, which also shows that the population management has different priorities in different endangered breeds. For Hinterwald cattle it is important to maintain the small and light body constitution. Introgression of nearly any other breed would lead to bigger animals in the next generation. Therefore, genetic introgression is less interesting. Additionally, milk production is not anymore popular for Hinterwald breeders. They prefer suckler cow husbandry for nature conservancy and countryside preservation.

Different studies discuss the threatening aspect of the introgression of high-performing breeds into local populations (Lauvie et al., 2008; Amador et al., 2011; Wellmann et al., 2012). In the opinion of Amador et al. (2011), the management of a population requires the conservation of the original genetic background. That is, the introgression of exogenous genes has to be reversed. Otherwise the genetic diversity that can be found between breeds is threatened (Bennewitz et al., 2008). Many traditional breeds are also needed for providing ecosystem services such as the preservation of specific landscapes and have cultural meaning. Furthermore, consumer acceptance and the availability of breed-specific products such as local cheese, might also be reduced due to accumulation of exogenous genes. In most cases, however, the products of local breeds are not offered as being breed-specific, although this might be a possibility to join high prizing premium markets. The challenge might be to establish products, labels and markets. Until now, most farmers are serving a standard market, so they are primarily interested in the improvement of performance. This can lead to a controversy concerning the question of introgression in local populations between the different stakeholders (Lauvie et al., 2008).

Therefore, an individual and adapted management is required. Next to genetic aspects socio-economic items have to be under consideration when the conservation of breeds should take place on farm level. A certain amount of profitability is needed to maintain the motivation of farmers to keep traditional local breeds. Whenever possible, the market where the products are sold should be independent from the competition with high yielding breeds. The study

shows that serving a special niche might be helpful for the conservation of local breeds. But not every traditional breed has its own niche. These breeds need a strong and intelligent marketing of their services and products. Within an economically attractive system the acceptance of breeding activities that reverse introgression and eventually generate genetic gain might increase. In this context the conditions for federal support should be discussed as well. Not only the registration of animals but the breeding program itself and additionally the participation might be supported and needs to be controlled, too. The definition of the breeding goals has to include both: genetic originality and breeding progress, which can be achieved with optimum contribution selection programs, with or without genomic selection (Amador et al., 2011; Wellmann et al., 2012). Otherwise, migrant influences will steadily accumulate and the specific characteristics will be lost. For breeds with a high amount of exogenous genes, the acceptance of financial support and additionally of using the breed's name might be threatened.

References

- Amador, C., Toro, M. Á., & Fernández, J. (2011). Removing exogenous information using pedigree data. *Conservation Genetics*. **12**: 1565-1573
- Bennewitz, J. , Simianer, H., & Meuwissen, T.H.E. (2008). Investigations on Merging Breeds in Genetic Conservation Schemes. *Journal of Dairy Science* **91**: 2512-2519
- BLE. (2010). *Erfassungsprojekt Erhebung von Populationsdaten tiergenetischer Ressourcen in Deutschland: Tierart Rind*. (Vereinigte Informationssysteme Tier w.V. (vit), Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft Institut für Tierzucht (LfL Bayern), & A. D. R. e. V. (ADR), Eds.). Verden/ Grub/ Bonn: Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung.
- Gilmour, A. R., Gogel, B. J., Cullis, B. R., & Thompson, R. (2009). *ASReml User Guide Release 3.0*. VSN International Ltd Hemel Hempstead HP1 1ES UK.
- Hartwig, S., Wellmann, R., Hamann, H., Bennewitz, J. (2013). Pedigreeanalysen zur Beschreibung der genetischen Variabilität bei Vorderwälder, Hinterwälder und Limpurger. *Züchtungskunde* **85**: 270-288

- Hartwig, S., Wellmann, R., Hamann, H., & Bennewitz, J. (2014). The contribution of migrant breeds to the genetic gain of beef traits of German Vorderwald and Hinterwald cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. doi: 10.1111/jbg.12099
- Lauvie, A., Danchin-Burge, C., Audiot, A., Brives, H., Casabianca, F., & Verrier, E. (2008). A controversy about crossbreeding in a conservation programme: The case study of the Flemish Red cattle breed. *Livestock Science*, **118**: 113-122.
- Meuwissen, T. (2009). Genetic management of small populations: A review. *Acta Agriculturae Scandinavica Section A Animal Science*, **59**: 71-79.
- Sambraus, H. H. (2010). *Gefährdete Nutzierrassen: ihre Zuchtgeschichte, Nutzung und Bewahrung* (3rd ed., pp. 10–21; 155–183). Stuttgart: Ulmer Verlag.
- Wellmann, R., Hartwig, S., & Bennewitz, J. (2012). Optimum contribution selection for conserved populations with historic migration. *Genetics Selection Evolution*, **44**: 34. doi:10.1186/1297-9686-44-34

Allgemeine Diskussion

Erhaltungszuchtprogramme sollen die genetische Variabilität und die genetische Eigenständigkeit von traditionsreichen Nutztieren bewahren. Wie konventionelle Zuchtprogramme sollen sie aber auch zur Leistungsentwicklung der Tiere beitragen. Die vorliegende Studie analysiert im Hinblick auf die drei Zielkomponenten die Situation von baden-württembergischen Traditionsrinderrassen. Außerdem werden geeignete Zuchtmaßnahmen diskutiert, die dazu beitragen, einen sinnvollen Kompromiss zwischen den drei Zielkomponenten zu finden.

Die Zielkonflikte von Erhaltungszuchtprogrammen

Erhaltungszuchtprogramme sind entscheidend für den Bestand der Agrobiodiversität und sind daher weitgehend akzeptiert (Oldenbroek, 2007). Außerdem tragen sie mit der Bewahrung traditionsreicher Rassen zum Erhalt von lokaler Kultur und einem regional spezifischen Landschaftsbild bei.

Die Organisation eines Erhaltungszuchtprogramms stellt eine besondere Herausforderung dar. Zunächst soll die genetische Variabilität in den meist kleinen Populationen erhalten werden. Daneben soll aber auch die genetische Eigenständigkeit bewahrt werden. Nicht zuletzt soll die züchterische Weiterentwicklung der Leistungsbereitschaft der Tiere die Wettbewerbsfähigkeit unterstützen. Zwischen den einzelnen Zielkomponenten tun sich Konflikte auf. Liegt der Schwerpunkt auf dem Erhalt der genetischen Variabilität, erscheint die Einkreuzung fremder Rassen sinnvoll. Damit kann zeitgleich auch der Zuchtfortschritt gesteigert werden. Allerdings gehen so auch spezielle Eigenschaften und insbesondere die genetische Eigenständigkeit der Rasse verloren. Ähnlich verhält es sich, wenn der Schwerpunkt auf der züchterischen Verbesserung von Leistungsmerkmalen liegt. Wird allerdings das Hauptaugenmerk auf den Erhalt der genetischen Eigenständigkeit gelegt, kann das in kleinen Populationen zu einer reduzierten genetischen Variabilität und somit zu einem erhöhten Inzuchtkoeffizienten führen. Die verschiedenen Interessensgruppen in einem Erhaltungsprogramm bewerten die einzelnen Teilaspekte unterschiedlich (Lauvie et al., 2008). Unter Berücksichtigung der Produktionsumwelt sollten rasseindividuell und unter Einbeziehung der verschiedenen Interessensverbände konkrete Ziele formuliert und geeignete Maßnahmen ergriffen werden (DGfZ, 2013; Groeneveld et al., 2010; Lauvie et al., 2008). **Kapitel 1** befasst sich mit dem oben beschriebenen Zielkonflikt und den verschiedenen

Möglichkeiten lokale Rinderpopulationen züchterisch zu konsolidieren und weiter zu entwickeln. Nachfolgend werden diese Möglichkeiten genauer beleuchtet.

Genetische Variabilität

Die genetische Variabilität ermöglicht zum einen die Anpassungsfähigkeit an Umweltveränderungen und ist zum anderen Grundvoraussetzung für Selektion (Toro et al., 2011). Im Rahmen von Erhaltungszuchtprogrammen soll die genetische Variabilität konserviert werden. Zum einen kann die genetische Variabilität als Absicherung im Hinblick auf zukünftige Veränderungen der Produktionsumwelt betrachtet werden. Auf der anderen Seite bedeutet der Erhalt der Lokalrassen auch, dass Tradition und Kultur bestehen bleiben. Voraussetzung für den Erhalt der genetischen Variabilität ist aber zunächst die Situationsanalyse der zu erhaltenden Rassen.

In **Kapitel 2** wurde unter anderem mit einer zensusbasierten Methode nach Hill (1979) die effektive Populationsgröße über die Varianz der Familiengröße geschätzt. Allerdings vernachlässigt diese Methode Populationsstrukturen und den Effekt, dass Mitglieder von beiden Züchtern beliebten Familien einen höheren Reproduktionserfolg haben. Somit wird mit dieser Methode die genetische Variabilität schnell überschätzt (Cervantes et al., 2008). Als pedigreebasierte Alternativen stehen die Schätzung der inzuchteffektiven Populationsgröße (Cervantes et al., 2008) über das Mittel der individuellen Inzucht und der varianzeffektiven Populationsgröße (Cervantes et al., 2011) über die mittlere Verwandtschaft in der Elterngeneration zur Verfügung. Die inzuchteffektive Populationsgröße misst in einer definierten Referenzpopulation den Anstieg der Inzucht, der sich von der definierten Foundergeneration bis zur aktuellen Situation aufgebaut hat (Cervantes et al., 2008). Durch die langfristige Analyse der genetischen Variabilität können kurzfristige Veränderungen im Selektions- und Anpaarungsverfahren durch die Methode nicht quantifiziert werden (Cervantes et al., 2008; Maignel et al., 1996). Die varianzeffektive Populationsgröße eignet sich besonders, um strukturierte Populationen zu bewerten. Die Coancestry ist gleich zu setzen mit dem Inzuchtzuwachs in der Population, die durch aktuelle Anpaarungen entsteht und kann daher als ein vorausschauender Parameter interpretiert werden (Falconer & Mackay, 1996). Als vorausschauende Methode ist die Coancestry weniger anfällig gegenüber Populationsstrukturierung und liefert daher sichere Informationen. Der Vergleich beider Größen gibt Aufschluss darüber, ob eine Population z.B. durch Selektion oder geographischen Gegebenheiten in Substrukturen aufgeteilt wurde oder, ob vermehrt Zufallspaarung durchgeführt wurde (Cervantes et al., 2011).

Ergänzend wurde die effektive Anzahl Founder und Ancestor über die Wahrscheinlichkeit der Genherkunft geschätzt (Lacy, 1989; Boichard et al., 1997). Boichard et al. (1997) empfehlen, diese Parameter zusätzlich zur effektiven Populationsgröße zu schätzen. Die effektive Anzahl Founder berücksichtigt insbesondere die Ausgeglichenheit der Beiträge von Gründertieren der Population. Daneben können die Selektionsrate und die Varianz der Familiengröße quantifiziert werden. So können Veränderungen des Zuchtmanagement charakterisiert werden, bevor ihr Einfluss auf den Inzuchtanstieg offensichtlich werden. Allerdings wird der Genverlust durch die genetische Drift von einer Generation zur nächsten vernachlässigt. So wird insbesondere bei intensiver Selektion die effektive Anzahl Founder überschätzt. Die effektive Anzahl der Ancestor dagegen ist besonders geeignet, um genetische Flaschenhälse zu quantifizieren. Die Bewertung der genetischen Variabilität über die effektive Populationsgröße wird somit um den Blick in die Basis der betrachteten Population erweitert (Boichard et al., 1997). Auch wenn die Schätzungen über die Wahrscheinlichkeit der Genherkunft weniger sensibel gegenüber der Qualität der Pedigreeinformation sind als die Schätzungen der effektiven Populationsgröße, so ist diese doch für die Aussagekraft der oben beschriebenen Analysen ausschlaggebend. Als Alternative zu Pedigreeinformationen können genetische Marker herangezogen werden. Allerdings entsteht hier für Lokalrassen die Problematik der Verfügbarkeit solcher Marker (Fernández et al., 2011). Der Erhalt der genetischen Variabilität verlangt nach intelligenten Selektions- und Anpaarungsverfahren (Caballero & Toro, 2000; Wellmann et al., 2012). Nachfolgend wird genauer auf die Organisation und die Motivation zur Teilnahme an solchen Verfahren eingegangen.

Genetische Eigenständigkeit

Die genetische Eigenständigkeit ist in vielen traditionellen Lokalrassen beeinträchtigt. Aus Angst vor Inzuchtdepressionen, aber auch zur Steigerung der Leistungen wurden immer wieder Einkreuzungen vorgenommen. In **Kapitel 3** und **4** wurde dies näher thematisiert. Das Beispiel des Vorderwälder Rindes zeigt, dass die Einkreuzung von Fremdgenetik die Leistung erhöhen und auch die genetische Variabilität erhalten konnte. Die Leistungssteigerung hatte aber dazu geführt, dass die eingekreuzten Linien zu häufig zum Einsatz kamen und der Großteil der Tiere wiederum sehr eng miteinander verwandt war. Von jeder Rasse wurden jeweils nur sehr wenige Bullen eingekreuzt. Diese Bullen und speziell ihre Söhne wurden sehr breit eingesetzt, so dass der Einfluss dieser Bullen in der Population in kürzester Zeit sehr groß wurde und erneut zu einer sehr engen Verwandtschaft unter den Tieren geführt hat. Infolgedessen wurden andere Fremdrassen eingekreuzt, mit denen auch weiterhin die

Leistungen verbessert werden sollten (Sambraus, 2010). Im Gegensatz dazu spielte die Reinzucht beim Hinterwälder Rind traditionell immer eine gewichtige Rolle. Das Hinterwälder Rind wird heutzutage hauptsächlich in der Mutterkuhhaltung genutzt. Neben der Mast ist der Erhalt der Kulturlandschaft von übergeordneter Bedeutung. Das Hinterwälder Rind zeichnet sich durch seinen kleinen und schmalen Körperbau und seine besondere Anspruchslosigkeit hinsichtlich Futter und Gelände aus. Die Einkreuzung von größeren und anspruchsvolleren Rassen würde zum Verlust dieser speziellen Charakteristika führen und damit im Widerspruch zur aktuellen Nutzungsrichtung des Hinterwälder Rindes stehen. Das Hinterwälder Rind hat eine besondere Nische eingenommen. Die Deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde (DGfZ, 2013) fordert die Nutzung der Lokalrassen nach ursprünglichem Zuchtziel. Im Hinblick auf die Entwicklungen von Vorder- und Hinterwälder Rind ist anzunehmen, dass das nicht immer sinnvoll im Sinne der Erhaltung sein kann. Stünde das Hinterwälder Rind mit seiner geringen Milchleistung im direkten Wettkampf zu intensiven Milchrassen, wäre die Haltung und insbesondere die Reinzucht der Hinterwälder kaum interessant. Dabei gilt es zu berücksichtigen, dass der Begriff Rasse wandelbar ist (Sambraus, 2010). Denn der Erhalt von Traditionsrassen hängt auch von der Wirtschaftlichkeit und der Wettbewerbsfähigkeit der Rassen ab (Meuwissen, 2009). Wie das Beispiel zeigt, ist der Erhalt der genetischen Eigenständigkeit in besonderem Maße abhängig davon, ob eine Traditionsrasse eine Nische erfüllt und damit auf ihre besonderen Charakteristika angewiesen ist oder nicht. Das unterstreichen insbesondere die Ergebnisse aus **Kapitel 4**. Hier wird deutlich, dass das Vorderwälder Rind ohne Produktionsnische durch nennenswerte Fremd rassebeiträge geprägt ist, während die Einflüsse auf das Hinterwälder Rind nahezu zu vernachlässigen sind. Die Rasse wird in ihrer ursprünglichen Form erhalten, obwohl es eine Veränderung des Nutzungsschwerpunktes gegeben hat.

Lauvie et al. (2008) beschreiben in ihrer Studie unterschiedliche Einstellungen zur Einkreuzung von fremder Genetik in Lokalrassen. Die Studie unterstreicht die Bedeutung der Wirtschaftlichkeit und Bewertbarkeit von erhaltungsrelevanten Parametern. Ein intelligenter Kompromiss zwischen Zuchtfortschritt und dem Erhalt der genetischen Variabilität verlangt nach Zusammenarbeit und Austausch der verschiedenen Akteure eines Erhaltungsprogramms. Verschiedene Studien beschäftigen sich mit der Frage, die genetische Eigenständigkeit von Traditionsrassen wieder herzustellen und zu erhalten (Amador et al., 2011; Wellmann et al., 2012). Amador et al. (2011) schlagen dazu die Minimierung der Beiträge fremdrassiger Tiere vor. Es wird allerdings eingeräumt, dass dieses Verfahren massiv zur Steigerung der Inzucht beiträgt. Wellmann et al. (2012) dagegen schlagen eine Weiterentwicklung der Optimum

Contribution Selection von Meuwissen (1997) vor. Dabei sollen die Beiträge nativer Gründertiere maximiert, Inzucht und Migrantenbeiträge gleichzeitig restriktiert werden. Das System kann außerdem um die Berücksichtigung von Zuchtwerten erweitert werden, um einen Leistungseinbruch durch die Restriktierung der Migrantenbeiträge zu vermeiden.

Zuchtfortschritt und Wirtschaftlichkeit

Wie oben bereits erwähnt, ist ein Erhaltungszuchtprogramm am erfolgreichsten, wenn die Haltung der Tiere wirtschaftlich ist (Meuwissen, 2009). Die Wirtschaftlichkeit von Erhaltungsrassen kann durch staatliche Förderung erreicht werden. Allerdings sind staatliche Gelder langfristig nicht unerschöpflich. Hinzu kommen Grenzen der Akzeptanz von Förderaufkommen in der Gesellschaft. Daher ist es notwendig, dass Produkte aus der Tierhaltung angemessen zum Einkommen der Landwirte beitragen. Zum einen kann dies durch die Erzeugung und Vermarktung von rassespezifischen Produkten und Leistungen erreicht werden. Dazu muss allerdings auch ein entsprechender Markt etabliert werden. Außerdem muss für einige dieser Leistungen zunächst eine ökonomische Bewertung durchgeführt werden. Beispielsweise können ökologische und kulturelle Leistungen der Lokalrassen bisher nicht direkt quantifiziert werden (Oldenbroek, 2007). Auf der anderen Seite reduziert die züchterische Bearbeitung der klassischen Merkmale den Konkurrenzdruck durch die Hochleistungsrassen.

Voraussetzung für die Bewertung von verschiedenen Merkmalen sind möglichst vollständige und langfristige Pedigree- und Leistungsdaten. In verschiedenen Studien wird auf die Auswirkungen von mangelhafter Pedigreequalität hingewiesen (Fernández, 2011; Visscher et al., 2002). Die Sicherheit der geschätzten genetischen Parameter und damit auch der zu erwartende Zuchtfortschritt gehen bei unvollständiger und falscher Pedigreeinformation zurück (Visscher et al., 2002).

Neben Pedigreedaten liefert die Teilnahme an klassischen Milch- und Fleischleistungsprüfungen Informationen, die das aktuelle Leistungsniveau beschreiben und Grundlage für Zuchtwertschätzung und Selektion bieten. Die Deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde betont die Bedeutung einer maßvollen Selektion. Nur so kann verhindert werden, dass der Rückstand zu den Hochleistungsrassen größer wird. Außerdem bietet Selektion die Möglichkeit, rassespezifische Eigenschaften zu erhalten (DGfZ, 2013). Dabei sollte sich die Datenerfassung und –aufbereitung an den aktuellen Anforderungen an die Rassen durch die jeweiligen Produktionsumwelten orientieren (Groeneveld et al., 2010).

Die vorliegende Studie zeigt in **Kapitel 3** und **4**, dass der Zuchtfortschritt für Milch und Fleisch beim Vorder- und Hinterwälder Rind durch die Einkreuzung von leistungsstärkeren Rassen in nennenswertem Ausmaß beeinflusst worden ist. Ohne den Einfluss von Fremdrassen kann kaum Leistungsentwicklung beobachtet werden. Allerdings kann es kaum zielführend sein, den aktuellen Leistungsstand der Lokalrassen durch Verdrängung der Fremdrassenbeiträge herabzusetzen. Dieser Sachverhalt unterstreicht den Konflikt zwischen Zuchtfortschritt und genetischer Eigenständigkeit. Odegård et al. (2009) schlagen in ihrer Studie einen Kompromiss vor. Gegenstand der Untersuchungen waren die zielgerichtete Einkreuzung von Fremdrassen und eine Rückkreuzung der ursprünglichen Population, die den Erhalt der positiven Merkmale beider Rassen berücksichtigt. Übertragen auf Lokalrassen bedeutet das die Einkreuzung von leistungsstärkeren Produktionsrassen zur Steigerung der Wirtschaftlichkeit von Lokalrassen. Zeitgleich sollen spezielle Eigenschaften der Lokalrasse, wie z.B. die besondere Anpassung an die jeweiligen Standortbedingungen erhalten werden. Odegård et al. (2009) untersuchten dazu die Möglichkeiten der zielgerichteten Introgression, bei der bestimmte Gene einer Rasse in eine andere Population eingebracht werden. In Kombination mit der genomischen Selektion soll ermöglicht werden, dass erfolgreich auf die Merkmale beider Rassen, z.B. Produktivität und Krankheitsresistenz, selektiert werden kann. So müsste keine synthetische Rasse erzeugt werden und bei der Rückkreuzung der ursprünglichen Linie würden eingekreuzte Gene nicht wieder verloren gehen. Voraussetzung für die genomische Selektion ist eine umfangreiche Typisierung der Populationen. Die Kosteneffizienz der Genotypisierung wurde in den Simulationen von Odegård et al. (2009) nicht weiter berücksichtigt. Es wird aber darauf verwiesen, dass die Kosten für das Verfahren zukünftig zurückgehen werden. Außerdem können die anfallenden Daten auch noch anderweitig verwendet werden, wie zum Beispiel zur Überprüfung der Elternschaft. Weiterhin wird hervorgehoben, dass die genomische Selektion insbesondere bei Merkmalen mit niedriger Heritabilität und Merkmalen, die nicht direkt am Selektionskandidaten erhoben werden können, höhere Genauigkeiten liefert als die klassische Selektion. Diese Studie unterstreicht somit, dass das zukünftige Potential von innovativen Zuchttechnologien auch für Lokalrassen untersucht und erörtert werden muss (vgl. **Kapitel 1**).

Management und Organisation in Erhaltungszuchtprogrammen

Erhaltungszuchtprogramme stehen vor komplexen Herausforderungen. Wie in **Kapitel 1** beschrieben, stehen die verschiedenen Zielaspekte im Konflikt zueinander. Zusätzlich werden die einzelnen Teilaspekte unterschiedlich durch die verschiedenen Interessensvertreter

innerhalb eines Erhaltungszuchtprogramms gewichtet (Lauvie et al., 2008). Diffizile Lösungsansätze aus der Wissenschaft finden häufig nur unter extremer Vereinfachung Anwendung in der Praxis. Zusätzlich sind Datenquantität und –qualität häufig mangelhaft, was die Bewertung der aktuellen Situation und damit auch die Ableitung von angepassten Handlungsmaßnahmen erschwert (Simianer, 2005).

Die Organisation eines effizienten und rationalen Erhaltungszuchtprogramms verlangt zunächst nach einer klaren Zieldefinierung. Dabei sind die Bedürfnisse und Anforderungen der einzelnen Interessensvertreter zu berücksichtigen. Das bedeutet, dass sowohl genetische als auch soziale Aspekte berücksichtigt werden müssen (Lauvie et al., 2008). Festzuhalten sind die Zielvorstellungen in Zuchtziel und Zuchtplanung. Das Zuchtziel sollte darauf ausgerichtet sein, die spezifischen Charakteristika von Lokalrassen zu erhalten (DGfZ, 2013). Daneben sollte das Zuchtziel auf die aktuelle Nutzungsrichtung und Produktionsumwelt ausgerichtet sein (Groeneveld et al., 2010). Am Beispiel des Hinterwälder Rindes wird deutlich, dass Nutzungsänderungen nach Anpassung der züchterischen Schwerpunkte verlangen und das Beibehalten von ursprünglichen Nutzungsrichtungen nicht immer sinnvoll sein muss. Lange Zeit kam das Hinterwälder Rind als Doppelnutzungsrasse mit Fokus auf Milchproduktion zum Einsatz. Heute findet es allerdings meist in Mutterkuhhaltung zur Pflege der Kulturlandschaft Anwendung (Sambraus, 2010). Neue Nutzungsformen können auch die Erfassung und Bewertung neuer Merkmale bedeuten (DGfZ, 2013; Oldenbroek, 2007). Neben dem Zuchtziel sind geeignete züchterische Maßnahmen Bestandteil von Zuchtplanung und Zuchtpraxis. Dazu gehören die Selektion von Elterntieren zur Erzeugung der nächsten Generation und geeignete Anpaarungssysteme zum Erhalt von genetischer Variabilität, genetischer Eigenständigkeit und der Verwirklichung von Zuchtfortschritt. Neben der Vermeidung von Verwandtenpaarung, einer ausreichend hohen Zahl von Vaterfamilien und der Rotation von Vatertieren werden in der Literatur weitere Ansätze diskutiert (z.B. DGfZ, 2013; Simianer, 2005; Wellmann et al., 2012). Wellmann et al. (2012) erörtern die Möglichkeiten der Optimum Contribution Selection. Während die genetische Variabilität, die durch die ursprüngliche Population erzeugt wird, maximiert wird, werden Fremdrassenbeiträge restriktiert. Um Leistungseinbrüche durch die Restriktion von Fremdrassenbeiträgen zu vermeiden, kann das Programm zusätzlich die Entwicklung der Zuchtwerte berücksichtigen. Auch Simianer (2005) empfiehlt die Definition einer geeigneten Zielfunktion, die gegebenenfalls unter Berücksichtigung verschiedener Nebenbedingungen optimiert werden soll.

Damit solche Vorschläge zur Anwendung kommen, ist die Stärkung und Information der Züchter ausschlaggebend. Fehlt den Landwirten die Motivation zur Tierhaltung, ist der Lebenderhalt lokaler Rassen bedroht. Ein wichtiger Aspekt ist hierbei die Wirtschaftlichkeit der Tierhaltung (Meuwissen, 2009). Um in der Praxis die Akzeptanz von wissenschaftlichen Handlungsempfehlungen zu verbessern, sind in Züchtervereinigungen finanzielle, technische und fachliche Voraussetzungen entsprechend zu gestalten (DGfZ, 2013). Über die Bedeutung von genetischer Variabilität und genetischer Eigenständigkeit ist angemessen zu informieren. Fortbildungen können der Verbesserung von Produktionsbedingungen und dem Absatz und der Fertigung von rassespezifischen Produkten und damit auch der Wirtschaftlichkeit der Tierhaltung dienen (DGfZ, 2013; Meuwissen, 2009).

In den Empfehlungen des Fachbeirats Tiergenetischer Ressourcen (DGfZ, 2013) wird die staatliche Mitwirkung an Erhaltungszuchtprogrammen diskutiert. Es wird darauf verwiesen, dass die Förderung der Erhaltungszucht weiterhin notwendig bleiben wird, da das Wirtschaften mit Lokalrassen immer weniger profitabel sein wird als mit intensiveren Rassen. Erhaltungszuchtprogramme ausschließlich gesetzlich regeln zu wollen, wird abgelehnt. Dies beeinträchtigt die Motivation der Tierhalter. Die Verteilung von Geldern müsse gezielter für die Durchführung von Erhaltungszuchtprogrammen verwendet werden, reine Haltungsprämien zeigen nur unbefriedigenden Erfolg. Die aktive Teilnahme der Tierhalter am jeweiligen Erhaltungszuchtprogramm sollte Voraussetzung für den Erhalt der Unterstützung sein (DGfZ, 2013). Dazu gehört insbesondere auch die Reinzucht der Lokalrassen, zum einen um den Bestand rassespezifischer Charakteristika zu sichern, zum anderen um die genetische Variabilität zwischen Rassen zu erhalten (Bennewitz et al., 2008; Lauvie et al., 2008). Nach Möglichkeit sollen Erhaltungszuchtprogramme über regionale und Ländergrenzen hinaus organisiert werden. Das fordert auch Simianer (2005). Zusätzlich sollten Fördermaßnahmen über Ländergrenzen hinweg angeglichen werden. Daneben bedürfen der Schutz vor Seuchen, aber auch die Öffentlichkeitsarbeit für die Rassen, beispielsweise über Ausstellungen und Vermarktung der Rassen und ihrer Produkte, der Förderung oder zumindest der staatlichen Regulierung (DGfZ, 2013). Der letztgenannte Punkt wird auch durch Oldenbroek (2007) und Gandini et al. (2010) hervorgehoben. Ein weiterer Aspekt ist die Förderung und Unterstützung von Forschungsprojekten (DGfZ, 2013). Nur so können passende Modellansätze zur Lösung der verschiedenen Zielkonflikte definiert werden. Dabei sollten Innovationen nicht außer Acht gelassen werden. Dazu gehören die Erfassung und Bewertung von alternativen Merkmalen, aber auch die Schaffung und Erschließung neuer Produkte und Märkte (Oldenbroek, 2007). Im züchterischen Bereich können neuartige Selektions- und

Anpaarungsverfahren zur Verbesserung der Erhaltungszuchtprogramme beitragen. Dazu sollten zukünftige Möglichkeiten zur Verwendung der genomischen Selektion erörtert werden.

Literatur

- Amador, C., Toro, M. Á., & Fernández, J. (2011). Removing exogenous information using pedigree data. *Conserv. Genet.* **12**, 1565-1573.
- Bennewitz, J., Simianer, H., & Meuwissen, T. H. E. (2008). Investigations on merging breeds in genetic conservation schemes. *J. Dairy Sci.*, **91**, 2512–2519.
- Boichard, D., Maignel, L., & Verrier, É. (1997). The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet, Sel., Evol.*, **29**, 5–23.
- Caballero, A., & Toro, M. A. (2000). Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genet. Res.*, **75**, 331–343.
- Cervantes, I., Goyache, F., Molina, A., Valera, M., & Gutiérrez, J. P. (2008). Application of individual increase in inbreeding to estimate realized effective sizes from real pedigrees. *J. Anim. Breed. Genet.*, **125**, 301–310.
- Cervantes, I., Goyache, F., Molina, A., Valera, M., & Gutiérrez, J. P. (2011). Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. *Journal of Anim. Breed. Genet.*, **128**, 56-63.
- DGfZ (2013). Empfehlung des Fachbeirats Tiergenetischer Ressourcen - Stand, Probleme und Handlungsbedarf bei Erhaltungszuchtprogrammen für einheimische vom Aussterben bedrohte Nutztierassen. *Züchtungskunde*, **85**, 85–95.
- Falconer, D. S., & Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to Quantitative Genetics* (4th ed., pp. 70–83). New York: Longman Scientific and Technical.
- Fernández, J., Meuwissen, T. H. E., Toro, M. A., & Mäki-Tanila, A. (2011). Management of genetic diversity in small farm animal populations. *Animal*, **5**, 1684–1698.
- Gandini, G., Avon, L., Bohte-Wilhelmus, D., Bay, E., Colinet, F. G., Choroszy, Z., ... Hiemstra, S. J. (2010). Motives and values in farming local cattle breeds in Europe: a survey on 15 breeds. *Anim. Genet. Res.*, **47**, 45–58.
- Groeneveld, L. F., Lenstra, J. A., Eding, H., Toro, M. A., Scherf, B., Pilling, D. et al. (2010). Genetic diversity in farm animals-a review. *Anim. Genet.*, **41**, 6–31.
- Hill, W. G. (1979). A Note on Effective Population Size with Overlapping Generations. *Genetics*, **92**, 317–322.

- Lacy, R. C. (1989). Analysis of founder representation in pedigrees - founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biol.*, **8**, 111–123.
- Lauvie, A., Danchin-Burge, C., Audiot, A., Brives, H., Casabianca, F., & Verrier, E. (2008). A controversy about crossbreeding in a conservation programme: The case study of the Flemish Red cattle breed. *Livest. Sci.*, **118**, 113–122.
- Maignel, L., Boichard, D., & Verrier, E. (1996). Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bulletin*.
- Meuwissen, T. (2009). Genetic management of small populations: A review. *Acta Agric. Scand. A Anim. Sci.*, **59**, 71–79.
- Meuwissen, T. H. (1997). Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Anim. Sci.*, **75**, 934–940.
- Odegård, J., Yazdi, M. H., Sonesson, A. K., & Meuwissen, T. H. E. (2009). Incorporating desirable genetic characteristics from an inferior into a superior population using genomic selection. *Genetics*, **181**, 737–745.
- Oldenbroek, K. (2007). *Utilisation and conservation of farm animal genetic resources*. (K. Oldenbroek, Ed.). Wageningen: Wageningen Academic Publishers.
- Sambraus, H. H. (2010). *Gefährdete Nutztierassen: ihre Zuchtgeschichte, Nutzung und Bewahrung* (3rd ed., pp. 10–21; 155–183). Stuttgart: Ulmer Verlag.
- Simianer, H. (2005). Decision making in livestock conservation. *Ecol. Econ.*, **53**, 559–572.
- Toro, M. A., Meuwissen, T. H. E., Fernández, J., Shaat, I., & Mäki-Tanila, A. (2011). Assessing the genetic diversity in small farm animal populations. *Animal*, **5**, 1669–1683.
- Visscher, P. M., Woolliams, J. A., Smith, D., & Williams, J. L. (2002). Estimation of pedigree errors in the UK dairy population using microsatellite markers and the impact on selection. *J. Dairy Sci.*, **85**, 2368–2375.
- Wellmann, R., Hartwig, S., & Bennewitz, J. (2012). Optimum contribution selection for conserved populations with historic migration. *Genet. Sel. Evol.*, **44**, 34.

Allgemeine Zusammenfassung

Erhaltungszuchtprogramme stehen vor der Herausforderung eines Zielkonfliktes. Genetische Variabilität und genetische Eigenständigkeit der zu erhaltenden Rassen sollen bestehen bleiben. Gleichzeitig gilt es einen gewissen Zuchtfortschritt zu realisieren, um die Wettbewerbsfähigkeit der Rassen zu nicht weiter zu schwächen. Ziel der vorliegenden Studie war zum einen die Analyse der aktuellen Situation von baden-württembergischen Traditionsrassen bezüglich der oben genannten Zielkomponenten. Weiterhin sollten Methoden zur Konsolidierung und Weiterentwicklung dieser Rassen diskutiert werden.

Kapitel 1 beginnt mit der Erörterung von Inhalten und Aufgaben eines Zuchtprogramms zur Erhaltung und Weiterentwicklung lokaler Rinderrassen. Der Fortbestand und die Größe lokaler Rinderpopulationen sind durch den Einfluss spezialisierter Hochleistungsrassen zurückgegangen. Erhaltungszuchtprogramme sollen den Bestand der Agrobiodiversität, aber auch von Tradition und Kultur herbeiführen. Zusätzlich sollen die Rassen weiterentwickelt werden, um deren Wettbewerbsfähigkeit nicht weiter zu schwächen. Häufig haben Nutzungsänderungen stattgefunden, Zuchtprogramme sollten daran angepasst werden. Die staatliche Förderung geeigneter Zuchtmethoden, die in der Lage sind, den rassenindividuell besten Kompromiss für den eingangs erwähnten Zielkonflikt zu finden, ist notwendig. Auch wenn die Implementierung der genomischen Selektion in kleinen Populationen derzeit nicht möglich ist, sollten zukünftige Möglichkeiten und Chancen erörtert werden. Daneben scheint es ratsam, die Datenerfassung und -verarbeitung von rassespezifischen Leistungen und Merkmalen zu etablieren. Charakteristika, die den Rassen das Ausfüllen einer Nische ermöglichen, tragen zu Erhalt und Eigenständigkeit der Rasse bei. Die Weiterentwicklung solcher Leistungen und Merkmale verlangt nach entsprechenden Leistungsprüfungen.

Es folgt die Analyse der genetischen Variabilität der baden-württembergischen Traditionsrassen Vorderwälder, Hinterwälder und Limpurger Rind. Dazu wurden in **Kapitel 2** für jede Rasse zwei Referenzpopulationen definiert. Tiere in der Referenzpopulation mussten bestimmte Anforderungen der Rassenzugehörigkeit und Pedigreevollständigkeit erfüllen. Es wurden jeweils zwei Geburtszeiträume betrachten, um einen Vergleich über die Zeit anstellen zu können. Es kamen zensus- und pedigreebasierte Methoden zur Anwendung. Zur Beurteilung der genetischen Variabilität wurde die effektive Populationsgröße über die Inzucht, die Coancestry und die Varianz der Familiengröße geschätzt. Zusätzlich wurden effektive Anzahl Founder und Ancestors analysiert. Diese Werte leiten sich über die

Wahrscheinlichkeit der Genherkunft ab. Die Ergebnisse wurden unter der Berücksichtigung der jeweiligen Zuchthistorie interpretiert. Die Vorderwälder stellen die größte betrachtete Population. Der Vergleich über die Zeit zeigt allerdings, dass das züchterische Management in der Rasse die Werte zur Beschreibung der genetischen Situation kaum optimieren konnte. Mit mittlerer absoluter Populationsgröße weißt die Hinterwälderpopulation dagegen auf ein für den Erhalt der genetischen Variabilität günstiges Zuchtmanagement hin. Die Ergebnisse der Schätzungen sichern beiden Rassen mit einer effektiven Populationsgröße von über 100 ausreichend genetische Variabilität zu. Die sich im Wiederaufbau befindende Rasse der Limpurger dagegen kann derzeit mit Werten unter 50 noch keine ausreichend große genetische Variabilität aufweisen.

Neben der genetischen Variabilität sind genetische Eigenständigkeit und die Realisierung von Zuchtfortschritt die wichtigen Zielkomponenten von Erhaltungszuchtprogrammen. Im Vergleich zu den Hochleistungsrassen hatte die züchterische Bearbeitung in kleineren Populationen kaum nennenswerte Bedeutung. Um Inzucht zu vermeiden und um die Leistung der Lokalschläge zu verbessern, wurden häufig Hochleistungsrassen eingekreuzt. **Kapitel 3** untersucht die phänotypische und genetische Entwicklung der Mastleistungsmerkmale der beiden Doppelnutzungsrassen Vorderwälder und Hinterwälder Rind. Weiterhin wurde der Einfluss fremder Rassen auf diese Entwicklung quantifiziert und qualifiziert. Es wurden bedeutende Fremdrassenanteile und –beiträge ersichtlich. Wird der genetische Trend um die Fremdrasseneinflüsse korrigiert, zeigt sich kaum noch eine Bewegung. Ohne Unterstützung der Migranten konnten die beobachteten Rassen kaum Zuchtfortschritt in der Mastleistung realisieren.

In **Kapitel 4** wurde die Entwicklung der Milchleistungsmerkmale und die Fremdrasseneinflüsse auf selbige untersucht. Die Vorderwälder zeigten deutliche Fremdrassenanteile, die auch in jüngster Vergangenheit weiter stiegen. Die Fremdrasseneffekte sind durchgehend positiv und meist hochsignifikant. Während die Rasse Ayrshire an Bedeutung verlor, stieg der Einfluss der Rasse Montbéliard rapide an. Schließlich wurde deutlich, dass der Zuchtfortschritt der Milchleistungsmerkmale deutlich durch eingekreuzte Rassen beeinflusst wurde. Nichtsdestotrotz war auch der genetische Trend für die Milchleistungsmerkmale korrigiert um die Fremdrassenbeiträge für beide Rassen positiv. Für die Hinterwälder konnte nur eine sehr kleine Stichprobe untersucht werden, denn nur wenige Betriebe nehmen an der Milchleistungsprüfung teil. Die Fremdrassenanteile sind moderat ausgeprägt und über den betrachteten Zeitraum nahezu konstant. Die Effekte der Vorderwälder nehmen die höchsten Werte an, allerdings sind alle Fremdrasseneffekte nicht

signifikant. Die Milchleistungsmerkmale der Hinterwälder Kühe zeigt über die Zeit nur wenig Entwicklung und die Beiträge eingekreuzter Rassen auf selbige sind gering.

General Summary

The challenge of a conservation breeding program is to solve a conflict of goals: genetic variability and genetic autonomy should be maintained, and on time a certain amount of breeding progress has to be realized to ensure the ability to compete. The aim of the present study was to analyse the situation concerning the targets mentioned above for traditional cattle breeds of Baden-Württemberg. Furthermore, methods for the consolidation and development of these breeds should be reconsidered.

In **chapter 1** the organisation of a breeding program for small cattle breeds is discussed. The challenge of such a program is the conservation of agrobiodiversity, culture and traditions and the progress of traditional local breeds. Number and extend of these breeds declined due to the increasing popularity of high-yielding breeds. Additionally, some of the local breeds are used in different branches of production compared to their original usage. Breeding programs have to be fitted. The establishment of individual adapted breeding methods is required for a sophisticated solution of the conflict mentioned above. Federal support is requested. Nowadays the implementation of genomic selection is not yet practicable for small breeds. But future opportunities should be analysed. The establishment of performance tests concerning breed specific product and efforts is demanded to improve these characteristics.

In the following genetic variability of Vorderwald, Hinterwald and Limpurg cattle was examined. In **chapter 2** for each breed two reference populations were defined that enable to observe the development over the years. Animals within the reference population comply with restrictions concerning racial origin and completeness of pedigree. Effective population size and the effective number of founders, and ancestors were estimated. The interpretation of the results was done with regard to the history of the breeds. The absolute population size of Vorderwald cattle is the biggest one. The number of Hinterwald cattle is intermediate; Limpurg cattle have the smallest population size. Whereas the management of Hinterwald cattle seemed to maintain genetic variability, the management of Vorderwald cattle was not that target-orientated. With an effective population size greater than 100 there is enough genetic variability within Vorderwald and Hinterwald. In contrast the values of Limpurg cattle are too low.

Besides genetic variability, genetic autonomy and breeding progress are the targets of a conservation breeding program. Cross-breeding was carried out to mitigate the risk of inbreeding depression and to improve the performance of local breeds. However, breeding

activities for local breeds were not as intensive and target oriented as for popular high yielding breeds. While the gap between the performance of high-yielding and local breeds increase, genetic autonomy of local breeds declined due to migrant influences. **Chapter 3** examined the importance of migrant breed influences for the realization of breeding progress of beef traits of Vorderwald and Hinterwald cattle. The results show that there is a high amount of migrant contributions and their effects on performance are substantial for most traits. Breeding values adjusted for the effects of the migrant breeds showed little genetic trend for beef traits.

The subject of **chapter 4** is the development of milk yield and the associated migrant influences. Yield deviations for milk, fat, and protein content were analysed. Migrant contributions to Vorderwald cattle were high and even rose in the latest past. All the effects of foreign breeds were positive and in most cases highly significant. Most influential breed was Montbéliard. The influences of migrant breeds were substantial for the development of milk performance. However, the trend of milk yield traits for both breeds was positive even without foreign breeds' influences. In comparison the number of analysed Hinterwald cows was small due to the reason that just a few Hinterwald husbandries take part at the official milk performance recording. Migrant breed contributions were moderate and nearly constant over the time. The most influential migrant breed was the Vorderwald cattle. The development of milk yield shows a flat trend. Influences of migrant breeds were low. The thesis ends with a general discussion.

Danksagung

Zu aller erst bedanke ich mich bei Herrn Prof. Dr. Bennewitz für die Überlassung des Themas und die Unterstützung und Betreuung dieser Arbeit ganz herzlich. In diesem Rahmen gebührt auch Herrn Dr. Robin Wellmann ein großes Dankeschön. Er hat einen großen Teil der Betreuung und Unterstützung übernommen und war dabei stets sehr geduldig.

Des Weiteren bedanke ich mich bei Herrn Dr. PD habil. Dirk Hinrichs für die Übernahme des Koreferats.

Auch dem Zuchtleiter für das Limpurger Rind, Herrn Dieter Kraft und ganz besonders dem Zuchtleiter für das Wäldervieh, Herrn Dr. Franz Maus gilt mein Dank. Unermüdlich haben sie mich bei meinen Recherchen unterstützt und mir all meine Fragen zeitnah und ausführlich beantwortet.

Selbstverständlich möchte ich mich auch bei allen Kollegen aus dem Fachgebiet für Genetik und Züchtung landwirtschaftlicher Nutztiere für die schöne Zeit bedanken. Hier gilt mein besonderer Dank meinen Doktorandenkolleginnen, mit denen es immer lustig war. Wir waren stets um den Wissensaustausch und dem Blick über den eigenen Tellerrand bemüht.

Außerdem möchte ich mich auch bei allen meinen Lieben bedanken. Da sind zum einen all die netten Freunde und Bekannten in Hohenheim. Die Promotion gab mir die Möglichkeit noch etwas länger als ganz ursprünglich gedacht, Zeit mit euch zu verbringen. Aber auch mein Freund und meine Familie haben mich stets unterstützt, wofür ich ihnen immer dankbar bin.

Schließlich bedanke ich mich bei der Fakultät Agrar der Universität Hohenheim für die finanzielle Unterstützung.

Curriculum Vitae

Persönliche Angaben

Name	Sonja Hartwig
Geburtsdatum	27.02.1987
Geburtsort	Bad Wildungen
Nationalität	Deutsch

Ausbildung

2011-2014	Universität Hohenheim Promotion
2009-2011	Universität Hohenheim Studium der Agrarwissenschaften (Fachrichtung Tierwissenschaften) mit Abschluss zum Master of Science
2006-2009	Universität Hohenheim Studium der Agrarwissenschaften (Fachrichtung Tierwissenschaften) mit Abschluss zum Bachelor of Science
2003-2006	Gustav-Stresemann-Gymnasium, Bad Wildungen
1997-2003	Gesamtschule Edertal, Edertal Giflitz
1993-1996	Grundschule Edertal, Edertal Giflitz

Praxiserfahrung

08/2010-10/2010	Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (vit), Verden an der Aller Praktikum
03/2009-04/2009	Swissgenetics, Zollikofen in der Schweiz Praktikum und Bachelorarbeit
07/2007-09/2007	World-Wide Sires GmbH, Altenberge Praktikum
07/2006-10/2006	Rinderzuchtbetrieb Derboven, Warpe Praktikum

Eidesstattliche Erklärung

Ich versichere an Eides statt, dass ich die vorliegende Dissertation selbstständig verfasst habe. Alle statistischen Analysen, welche auch den Vorabveröffentlichungen aufgeführt worden sind, wurden von mir selbst durchgeführt. Alle Stellen, die wörtlich oder dem Sinn nach auf Publikationen oder Vorträge anderer Autoren beruhen, sind als solche kenntlich gemacht. Ich versichere außerdem, dass ich keine andere als die angegebene Literatur verwendet habe. Diese Versicherung bezieht sich auch auf alle in der Arbeit enthaltenen Zeichnungen, Skizzen, bildlichen Darstellungen und dergleichen. Die Hilfe einer kommerziellen Promotionsvermittlung oder –beratung wurde nicht in Anspruch genommen.

Die Arbeit wurde bisher keiner anderen Prüfungsbehörde vorgelegt und auch noch nicht veröffentlicht.

München, 22.03.2015

Sonja Hartwig