

Pedigree-basiertes Management und Monitoring genetischer Vielfalt in Zuchtpopulationen

E. GROENEVELD¹

Zusammenfassung

Inzuchtsteigerung sollte sowohl in kleinen wie auch in großen Populationen einem Management unterliegen. Voraussetzung hierzu ist die Aufnahme und Definition einer maximal akzeptierten Inzuchtrate in das Zuchtprogramm. Von dieser Größe lässt sich näherungsweise die notwendige Zahl weiblicher und männlicher Zuchttiere ableiten. Die Möglichkeiten der organisatorischen Umsetzung werden diskutiert. Es wird ein auf Pedigrees basierendes Verfahren zur Erfolgskontrolle beispielhaft vorgestellt, das die Überprüfung der Umsetzung der geforderten Populationsstruktur zum Gegenstand hat, um schließlich die Möglichkeiten der Berechnung der effektiven Populationsgröße aufzuzeigen.

Schlüsselwörter: Kleine Populationen, Populationsgröße, Inzucht, Zuchtprogramm

Summary

Pedigree based management and monitoring of genetic diversity in breeding populations

In breeding populations, the rate of inbreeding should be put under management, which requires as a first step the definition of the maximum rate of inbreeding to be tolerated. Based on this figure the required number of males and females can be approximated. Options for implementation are outlined. A procedure for pedigree based quality control is presented using exemplary outputs from the POPREP system. Finally, different options for estimating the effective population size are indicated.

Keywords: Small populations, population size, inbreeding, breeding program

1 Einleitung

Während der Umsetzung von Leistungszuchtprogrammen breite Aufmerksamkeit gewidmet wird, werden Aspekte der Erhaltungszucht und der Kontrolle der Inzucht auch in großen Populationen eher stiefmütterlich behandelt. Während kleine Populationen oder Rassen offensichtlich der Inzuchtkontrolle bedürfen, ist dies nicht unmittelbar für zahlenmäßig große Populationen einsichtig.

Die Optimierung von Strukturen im Hinblick auf Kostenkontrolle und Maximierung des genetischen Fortschritts ist eines der wichtigsten Bausteine eines Zuchtprogrammes. Üblicherweise wird der Inzuchtsteigerung wenig Bedeutung zugemessen. Dabei führt gesteigerte Inzucht zu Allelverlust, der wiederum die Selektionsmöglichkeiten in der Zukunft reduziert. Weiterhin führt enge Inzucht zur phänotypischen Manifestation von

¹ Institut für Nutztiergenetik (FLI), Höltystr. 10, 31535 Neustadt, E-Mail: eildert.groeneveld@fli.bund.de

letalen Defekten, die als rezessive Allele in allen Populationen vorhanden sind, aber erst im homozygoten Zustand zur Ausprägung gelangen. Somit kommt einer Kontrolle der Inzuchtsteigerung in Erhaltungszuchtprogrammen, aber auch in numerisch großen Populationen, eine große Bedeutung zu.

Mit der Entwicklung der Optimum Contribution Theorie ist ein Verfahren entwickelt worden, Zuchterfolge unter der Randbedingung einer maximal erlaubten Inzuchtsteigerung zu realisieren und diese direkt in die BLUP Zuchtwertschätzung zu integrieren (MEUWISSEN, 1997; SONESSON and MEUWISSEN, 2001). Dieser Weg soll hier nicht weiter verfolgt werden. Vielmehr soll untersucht werden, welche Möglichkeiten der Inzuchtkontrolle in Populationen bestehen, die lediglich die Pedigrees der Population zur Verfügung haben, und welche Möglichkeiten es gibt, wenn nicht einmal diese Daten vorhanden sind.

Das Management von Zuchtpopulationen unter dem Aspekt der Inzuchtvermeidung gliedert sich in die beiden Bereiche 'Definition von Zielen' und 'Erfolgskontrolle der Ziele'.

2 Definition der Ziele

Der Inzuchtanstieg wird im Wesentlichen durch die Populationsgröße bestimmt. Der Extremfall einer 'Populationsgröße' von einem männlichen und einem weiblichen Tier macht dies deutlich: da jeder Elternteil nur die Hälfte zu der Allelausstattung des Nachkommen beisteuert, wird bei diesem die nicht weitergegebene Hälfte fehlen. Ein weiterer wesentlicher Faktor ist das Geschlechtsverhältnis: durch die künstliche Besamung kann ein männliches Tier leicht an 10000 weibliche angepaart werden. Zahlenmäßig ist die Population mit 10001 Tieren groß, allerdings gehen bei dieser Anpaarung für die nächste Generation alle die Allele verloren, die der Vater nicht hat, die aber sonst in der Population vorkommen. (Natürlich werden diese Allele über die 10000 weiblichen Tiere weitergegeben, allerdings wird die Verschiebung in den Allelfrequenzen beträchtlich sein, da die Nachkommen alle Halbgeschwister sind).

Somit sollte die Definition der Zuchtstruktur Teil eines jeden Zuchtprogrammes sein:

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

In kommerziellen Zuchtprogrammen wird die Populationsgröße und Struktur üblicherweise zu Beginn definiert. Alle Zuchttiere stehen in der Regel in direktem Zugriff mit voller Entscheidungshoheit über deren Einsatz. Somit lässt sich ein zentral vorgegebener Zuchttiereinsatz relativ unproblematisch umsetzen. Im Gegensatz dazu entscheiden in kooperativen Zuchtprogrammen, zum Beispiel im Bereich der traditionellen Herdbuchzucht, individuelle Züchter über den Einsatz von Zuchttieren. Da aber Inzuchtkontrolle eine Kontrolle des Einsatzes von Zuchttieren impliziert, muss im Vorfeld ein Konsens aller Beteiligten gefunden werden, der in der Regel nicht einfach zu erreichen ist. Nur mit einer solchen Vereinbarung lässt sich ein koordinierter Zuchttiereinsatz organisieren.

2.1 Zahl der Zuchttiere

Eine oft genannte maximal tolerierbare Inzuchtsteigerung liegt bei 0,5% pro Generation (DGFZ-AUSSCHUSS, 2002; GANDINI et al., 2004). Über das Konzept der effektiven

Populationsgröße lassen sich näherungsweise die Kombinationen der Anzahl männlicher und weiblicher Tiere in einer Population bestimmen, die zu einer solchen Inzuchtsteigerung führen. In vielen Fällen wird die Zahl der weiblichen Tiere in einer Population durch die Kapazität der Mitgliedsbetriebe festgelegt sein. Damit kann nur über die Zahl der eingesetzten männlichen Tiere Einfluss auf die Inzuchtsteigerung genommen werden.

WRIGHTS Gleichung 1 wird oft verwendet, um aus Censusedaten die effektive Populationsgröße zu berechnen (WRIGHT, 1931).

$$N_e = \frac{4N_m N_w}{N_m + N_w} \quad (1)$$

Allerdings gilt diese nur unter den Annahmen von nicht überlappenden Generationen mit Zufallspaarung und keiner Selektion, Bedingungen, die üblicherweise in Zuchtpopulationen nicht gegeben sind. Dies hat zur Folge, dass die Wright Formel die tatsächliche effektive Populationsgröße in der Regel drastisch überschätzt. Simulationen von SANTIAGO and CABALLERO (1995) haben den Effekt von Selektion untersucht. Für eine mittlere Heritabilität von 0,4 eines Merkmals unter Massenselektion ergibt ein Koeffizient von 0,7 (Gleichung 2) eine bessere Näherung an die wahre effektive Populationsgröße.

$$N_e = (.7) \frac{4N_m N_w}{N_m + N_w} \quad (2)$$

Wenn in der Population Indexselektion betrieben wird oder Familieninformation zur Selektion verwendet wird wie zum Beispiel bei BLUP, dann muss ein noch wesentlich niedrigerer Koeffizient gewählt werden. Somit wird die über Gleichung 2 berechnete effektive Populationsgröße bestenfalls eine Obergrenze darstellen.

Die Tab. 1 gibt für einige Kombinationen von Vater- und Muttertieren (N_m , N_w) die effektive Populationsgröße gemäß Gleichung 2 und die resultierende erwartete Inzuchtsteigerung unter Verwendung der Gleichung 3 an.

$$\Delta F = 1/2N_e \quad (3)$$

Wie zu sehen ist, hat die Erhöhung der Zahl der weiblichen Tiere von 200 auf 300 und schließlich auf 4000 einen relativ geringen Effekt: Änderungen in der Inzuchtrate ΔF finden in der Nachkommenstelle statt und sind somit in der Tab. 1 zum Teil nicht sichtbar.

Bei einer angestrebten Obergrenze von 5% Inzuchtzuwachs pro Generation würde dies bei 200 weiblichen Tieren den Einsatz von mindestens 40 männlichen Tieren pro Generation voraussetzen.

2.2 Varianz der Familiengröße

Die Gleichung 1 basiert auf den eingesetzten Individuen, nicht denen, die möglicherweise zwar im Herdbuch als Zuchttiere eingetragen, aber nicht zum Einsatz gekommen sind. Wenn abgewichen wird von der Annahme der gleichen Chance von Elterntieren, zur nächsten Generation beizutragen, kann eine Varianz der Familiengröße V_{km} , V_{kw} berücksichtigt werden.

Tab. 1. Populationsstruktur und effektive Populationsgröße N_e und Inzuchtsteigerung ΔF in %
Population structure and effective population size N_e and rise of inbreeding

N_m	$N_w = 200$		$N_w = 300$		$N_w = 4000$	
	N_e	ΔF	N_e	ΔF	N_e	ΔF
3	8,3	6,0	8,3	6,0	8,4	6,0
7	18,9	2,6	19,2	2,6	19,6	2,6
10	26,7	1,9	27,1	1,8	27,9	1,8
15	39,1	1,3	40,0	1,3	41,8	1,2
20	50,9	1,0	52,5	1,0	55,7	0,9
30	73,0	0,7	76,4	0,7	83,4	0,6
40	93,3	0,5	98,8	0,5	110,9	0,5
50	112,0	0,4	120,0	0,4	138,3	0,4
60	129,2	0,4	140,0	0,4	165,5	0,3

$$N_e = \frac{8N}{V_{km} + V_{kw} + 4} \quad (4)$$

Somit ist die Varianz der Familiengröße, das heißt der Unterschied in der Zahl der Nachkommen, von großer Bedeutung. Wie an der Gleichung 4 zu sehen ist, ist bei gleichgroßen Nachkommengruppen (i.e. $V_{km} = V_{kw} = 0$) die effektive Populationsgröße doppelt so groß wie die tatsächliche. Umgekehrt, bei starkem Einsatz nur eines männlichen Tieres, wie dieser bei der künstlichen Besamung leicht möglich ist, steigt die Varianz der Familiengröße stark an, was zu einer gegenüber Gleichung 1 stark reduzierten effektiven Populationsgröße führt.

Somit kann zur Kontrolle der Inzuchtsteigerung in einer Zuchtpopulation die Selektion und der Einsatz von Vatertieren nicht der freien Entscheidung der Züchter überlassen, sondern muss populationsweit geplant und organisiert werden. Besonders Letzteres steht im Gegensatz zu der üblichen Praxis in kooperativ geführten Zuchtprogrammen. Über den Erfolg der Kontrolle der Inzuchtsteigerung entscheidet somit die Fähigkeit der Zuchtorganisation, einen Konsens über die geplante Zuchtstruktur und deren Umsetzung herzustellen.

2.3 Generationsintervall

Das Generationsintervall nimmt in der Optimierung von Zuchtprogrammen eine zentrale Position ein. Wenn das Ziel auf eine Veränderung der Population ausgerichtet ist, wird ein kurzes Intervall angestrebt, während in einer Erhaltungszucht ein möglichst langes Generationsintervall sinnvoll sein mag. In jedem Fall sollte diese Größe in einer Zuchtpopulation bekannt sein, möglichst für die üblichen vier Selektionspfade: Vater zum Sohn und Tochter sowie Mutter zu Sohn und Tochter. Wichtig ist die Festlegung, wann im Produktionszyklus Väter und Mütter durch Nachkommen ersetzt werden, also wie die angestrebte Altersstruktur auszusehen hat.

3 Organisation der Umsetzung der Ziele

Nach der Einigung auf eine verbindliche Zuchtstruktur muss ihre Implementierung organisiert werden. Dies kann auf zwei Stufen erfolgen.

In der ersten Stufe geht es darum sicherzustellen, dass genügend Zuchttiere zur Verfügung stehen. Da üblicherweise neue Zuchttiere in das Herdbuch eingetragen werden, sollte es in einem Herdbuchverband relativ einfach möglich sein, eine Übersicht über die zur Zucht eingetragenen Tiere zu haben und zu gewährleisten, dass die in der Zielstruktur vereinbarte Anzahl an Tieren zur Verfügung steht.

Zur Minimierung der Inzuchtsteigerung sollte in der Selektion jedes Zuchttier durch einen Nachkommen ersetzt werden. Auf diese Weise kann die Varianz der Familiengröße gegen Null gehen, was gemäß Gleichung 4 zu einer substantiellen Erhöhung der effektiven Populationsgröße führt. Der nächste Schritt ist die Kontrolle des Einsatzes der männlichen und weiblichen Tiere zur Zucht.

Wie oben schon erwähnt, kommt der Zahl der männlichen Tiere in einer Population eine zentrale Bedeutung zu. Operational lässt sich der Einsatz von Vätern dann leicht kontrollieren, wenn der Zuchteinsatz an eine zentrale Stelle gemeldet wird. Bei kleinen Populationen ist die Zahl der männlichen Tiere in der Regel sehr begrenzt, sodass über eine einfache Strichliste die Besamungen oder Bedeckungen aufaddiert werden können. Wird hier die vereinbarte Obergrenze erreicht, kann dieses Zuchttier aus der Nutzung genommen werden. Dass dies überhaupt möglich, setzt die oben schon erwähnte (nicht leicht zu erreichende) Vereinbarung über die Zuchtstruktur voraus.

Bei dem Einsatz von Natursprung und etwa gleich großer Anzahl weiblicher Tiere pro Betrieb kann die Vatertierrotation eine Methode sein, den – schon relativ geringen – Verwaltungsaufwand noch niedriger zu halten und trotzdem einen relativ gleichmäßigen Einsatz der Vatertiere zu erreichen. In eine Rotation werden die Vatertiere immer von einem festen Betrieb bezogen, der in einen Kreis eingeordnet ist. So bezieht der Betrieb 2 seine Vatertiere immer von Betrieb 1, während Betrieb 3 seine von Betrieb 2 erhält. Bei lediglich drei Betrieben würde der erste dann seine Vatertiere vom Betrieb 3 erhalten. Auch bei dieser Organisationsform sind Vereinbarungen notwendig, die mit Individualisten nicht immer leicht zu erreichen sind.

Wenn entsprechend den hier aufgeführten Regeln verfahren wird, dürfte eine Überprüfung von Zielen eigentlich vornehmlich Übereinstimmung im Soll-Ist-Vergleich bringen und die Inzuchtentwicklung die Zielgröße nicht überschreiten. Da sich das echte Leben aber nicht immer an Vorgaben hält, sollte der tatsächliche Status quo regelmäßig überprüft werden, zumal dies – bei Vorliegen von Pedigrees – über POPREP sehr einfach möglich ist.

4 Einhaltung von Zielen überprüfen

In vielen Zuchtorganisationen werden Geburtsmeldungen und zum Teil Anpaarungsmeldungen zeitnah EDV-technisch gemeldet und verarbeitet. Somit stehen aktuelle Pedigrees praktisch jederzeit zur Verfügung. Zusammen mit den Geburtsdatumsangaben lässt sich aus solchen Pedigrees ein System zur Erfolgskontrolle entwickeln. Hierzu wurde das Auswertungssystem POPREP entwickelt, das unter der Adresse poprep.tzv.fal.de der Gemeinschaft der Tierzüchter weltweit frei zur Verfügung steht. POPREP ist ein WEB-basiertes Softwaresystem, das aufgrund hochgeladener Pedigrees umfangreiche Statistiken und fertige Populationsberichte erzeugt, so wie es von GROENEVELD (2003) gefordert wurde.

Im Folgenden werden die Möglichkeiten dieses Systems genutzt, um die Erfolgskontrolle im Management von Zuchtpopulationen zu organisieren. Zu Demonstrationszwecken werden hierzu Pedigreedaten einer Genreserve von Rindern genutzt und Ausschnitte aus dem Populations- und Inzuchtbericht zur Verdeutlichung aufgeführt.

Entsprechend den oben aufgeführten Zielen müssen die folgenden Größen einem Soll-Ist-Vergleich unterzogen werden:

1. Anzahl eingesetzter weiblicher und männlicher Zuchttiere
2. Varianz der Größe der Nachkommengruppen
3. Zahl der selektierten Nachkommen pro Elter
4. Generationsintervall

Die Grundstruktur der Tabellen der Populationsberichte geht von Mittelwerten der Tiere eines Geburtsjahres aus. Somit kann der Nutzer die Entwicklung der Zuchtpopulation über die Jahre verfolgen. Die genaue Beschreibung der Berechnungsverfahren findet sich im Text der Berichte. Einen solchen Satz an Berichten kann jedermann nach dem Runterladen eines Testdatensatz und dem anschließenden Hochladen auf poprep.tzv.fal.de erzeugen, der dann an die angegebene E-Mail-Adresse automatisch ausgeliefert wird.

4.1 Einsatz von Zuchttieren

Für die Entwicklung der Populationsdynamik einer Rasse ist der Übergang von Allelen in die nächste Generation relevant und nicht, ob ein Tier aus der Leistungsprüfung als Zuchttier selektiert worden ist. Aus diesem Grund generiert POPREP für alle Bedeckungen (soweit vorhanden) und geborenen Tiere eines Jahres die daran beteiligten Eltern und weiterhin die aus dem Geburtsjahr hervorgegangenen Eltern in späteren Jahren. Somit lässt sich direkt feststellen, ob die Zahl der eingesetzten Eltern aus der Zieldefinition erreicht worden ist.

Weiterhin steht die Altersstruktur der männlichen und weiblichen Zuchttiere in jedem Geburtsjahr zur Verfügung. Die Abb. 1 zeigt einen Ausschnitt für die Mütter der Geburtsjahrgänge 2002 bis 2008.

Year	age of females in year														Avg
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	
2002	–	16	7	9	5	2	1	–	1	–	–	–	–	–	3.5
2003	–	9	14	10	8	3	2	1	–	–	–	–	–	–	3.8
2004	–	7	4	7	8	2	2	–	–	–	–	–	–	–	4.0
2005	–	5	8	10	9	4	2	2	–	–	–	–	–	–	4.3
2006	–	8	5	6	1	2	3	2	–	–	–	–	–	–	4.0
2007	–	4	6	5	3	2	1	1	–	–	–	–	–	–	4.0
2008	–	9	5	3	2	1	–	–	1	1	–	–	–	–	3.6
Total	9	210	181	156	123	70	40	26	16	9	2	4	1	1	3.8

Abb. 1. Altersstruktur der Mütter
Age structure of dams

4.2 Varianz der Familiengröße

Wie in Gleichung 4 zu sehen, sollte die Varianz der Familiengröße durch einen gleichmäßigen Einsatz der Elterntiere möglichst klein gehalten werden. In der Tab. 2 kann für jedes Geburtsjahr die maximale und durchschnittliche Zahl der Nachkommen eines Elterntieres abgelesen werden und zwar sowohl was alle geborenen Tiere als auch die aus ihnen selektierten Tiere angeht.

Eine graphische Darstellung dieses Sachverhaltes liefert das Histogramm in der Abb. 2. Es gibt die Tiernummern der Väter mit den meisten Nachkommen wieder: der Vater mit der Nummer 399580 hat damit 43 Nachkommen erzeugt. Idealerweise sollten alle Histogrammbalken etwa die gleiche Höhe haben.

4.3 Generationsintervall

Für die Entwicklung einer Populationsdynamik entlang der Zeitachse kommt dem Generationsintervall eine zentrale Bedeutung zu: nur bei dem Übergang von Eltern auf die Nachkommen ändert sich die genetische Zusammensetzung der Population. Der Populationsreport berechnet für die vier Selektionspfade und für die Population als ganze das tatsächlich erreichte Generationsintervall. Die Tab. 3 gibt hierfür ein Beispiel.

Tab. 2. Durchschnittliche und maximale Familiengröße
Average and maximum family size

Year	All offspring				Selected offspring				Selected sons				Selected daughters			
	sires		dams		sires		dams		sires		dams		sires		dams	
	max	avg	max	avg	max	avg	max	avg	max	avg	max	avg	max	avg	max	avg
1950	1	1.0	1	1.0	1	1.0	-	-	1	1.0	-	-	-	-	-	-
1951	1	1.0	-	-	1	1.0	-	-	1	1.0	-	-	1	1.0	-	-
1952	2	1.3	-	-	1	1.0	-	-	1	1.0	-	-	-	-	-	-
1953	2	1.3	2	1.5	2	1.2	1	1.0	1	1.0	1	1.0	1	1.0	-	-
1954	1	1.0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
1955	8	1.9	-	-	8	2.0	-	-	5	1.7	-	-	3	2.0	-	-
1956	10	4.0	-	-	9	3.7	-	-	7	4.0	-	-	2	1.5	-	-
1957	4	2.7	2	1.7	3	2.0	2	1.7	2	1.7	2	2.0	1	1.0	1	1.0
1958	1	1.0	1	1.0	1	1.0	1	1.0	1	1.0	1	1.0	-	-	1	1.0
1959	2	1.2	1	1.0	1	1.0	1	1.0	1	1.0	1	1.0	-	-	1	1.0
1960	2	1.3	1	1.0	2	1.3	1	1.0	1	1.0	1	1.0	2	1.5	-	-
1961	7	2.5	1	1.0	7	2.3	1	1.0	5	2.8	1	1.0	2	1.3	1	1.0
1962	5	3.0	1	1.0	3	2.3	1	1.0	2	1.7	1	1.0	2	2.0	-	-
1963	4	1.8	1	1.0	3	1.7	1	1.0	2	1.5	1	1.0	1	1.0	-	-
1964	10	3.0	1	1.0	2	1.4	1	1.0	2	1.6	1	1.0	1	1.0	1	1.0
1965	2	1.6	1	1.0	2	1.3	1	1.0	2	1.3	1	1.0	-	-	-	-
1966	14	5.5	1	1.0	9	3.5	1	1.0	3	2.0	1	1.0	6	3.3	1	1.0

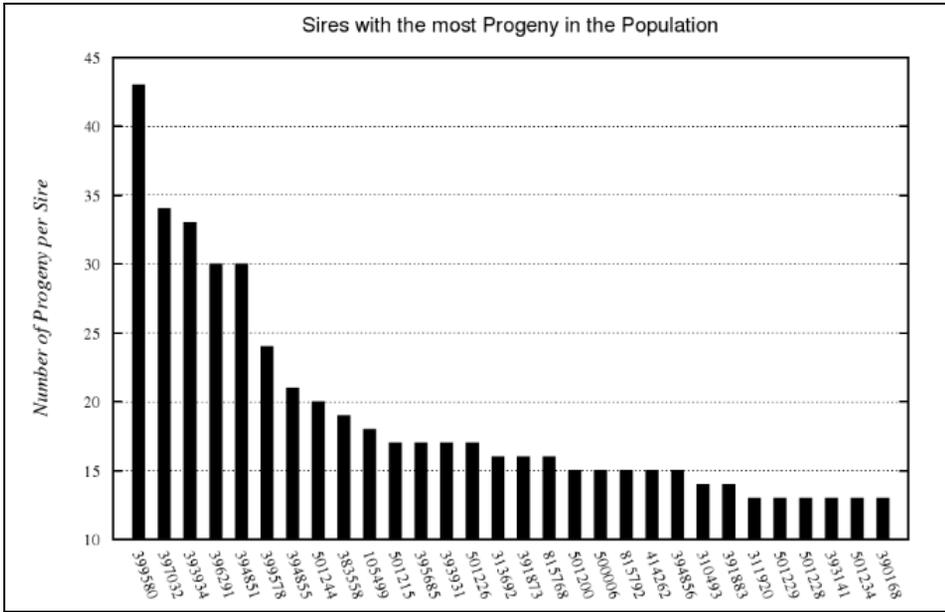


Abb. 2. Väter mit größter Zahl von Nachkommen
Sires with most progeny

Tab. 3. Generationsintervall
Generation interval

Year	Generation interval and number of animal													
	ss	Nss	sd	Nsd	ms	Nms	md	Nmd	male	Nmale	female	Nfemale	pop	Npop
1992	9.3	5	13.9	25	5.4	5	4.4	15	13.1	30	4.6	20	10.6	31
1993	16.9	8	7.6	21	7.3	7	5.4	14	10.2	29	6.1	21	8.4	29
1994	17.8	6	12.0	17	6.8	6	5.3	14	13.5	23	5.7	20	9.5	23
1995	23.0	6	15.4	13	6.0	6	4.9	12	17.8	19	5.3	18	12.0	19
Total	14.4	-	10.5	-	6.0	-	4.4	-	11.5	-	4.8	-	9.1	-

(ss = sire to son, Nss = number of selected males for ss, sd = sire to daughter, Nsd = number of females for sd, ms = dams to sons, Nms = number of males for ms, md = dams to daughters and Nmd = number of females for md, male = avg age of sires, Nmale = number of sires where age is known, female = avg age of dams, Nfemale = number of dams where age is known, pop = interval for the population, Npop = number of selected offspring)

4.4 Inzuchtsteigerung

Alle Soll-Ist-Vergleiche, die sich auf die Populationsstruktur beziehen, dienen lediglich dem Zweck, die anvisierte Rate der Inzuchtsteigerung nicht zu überschreiten. Der Analyse der Inzucht-basierten Parameter dient der Inzuchtreport des POPREP Systems.

4.4.1 Vollständigkeit der Pedigrees

Da alle berechneten Größen von dem Pedigree abgeleitet werden, beginnt der Report mit einer Analyse der Vollständigkeit des Pedigrees, die für eine Generation bis sechs Generationen tief nach MACCLUER et al. (1983) berechnet und sowohl numerisch (Tab. 4) als auch graphisch für die einzelnen Geburtsjahre dargestellt wird. Diese werden im Inzuchtbericht auf verschiedenen Wegen analysiert.

Die Tab. 4 zeigt ein Beispiel für die Pedigreevollständigkeit einer genetischen Ressourcenpopulation für die Jahre 1950 bis 2007. Die unterschiedlichen Linien geben die Vollständigkeit für eine Generationstiefe von einer Generation bis sechs Generationen wieder. Die oberste durchgezogene Linie gibt den durchschnittlichen Grad der Vollständigkeit pro Geburtsjahr wieder. Wie zu sehen ist, sind zumindest die Elterntiere in der Regel bekannt. Allerdings nimmt die Vollständigkeit tieferer Pedigrees kontinuierlich ab und erreicht im letzten Geburtsjahr 2008 bei sechs Generationen 73,7%.

In der graphischen Form (Abb. 3) lässt sich sofort erkennen, wie es um die Vollständigkeit bestellt ist.

Dass unvollständige Pedigreedaten auf die Inzuchtsteigerung einen Einfluss haben, ist klar. In welche Richtung die Beeinflussung der effektiven Populationsgröße geht, scheint hingegen nicht vorhersagbar zu sein. In einer Untersuchung an Schweine- und Fleisch-

Tab. 4. Pedigreevollständigkeit
Pedigree completeness

Year	No of Animals	Compl. gen 1	Compl. gen 2	Compl. gen 3	Compl. gen 4	Compl. gen 5	Compl. (%) gen 6 (%)
1950	4	100.0	50.0	33.3	25.0	20.0	16.7
1951	3	100.0	50.0	33.3	25.0	20.0	16.7
1952	10	90.0	46.7	31.1	23.3	18.7	15.6
1953	10	100.0	53.3	35.6	26.7	21.3	17.8
1954	4	100.0	54.2	36.1	27.1	21.7	18.1
1955	10	100.0	63.3	42.5	31.9	25.5	21.3
1956	6	100.0	69.4	49.3	37.4	29.9	24.9
1957	8	100.0	58.3	40.1	30.1	24.0	20.0
1958	4	100.0	54.2	36.9	27.7	22.1	18.4
1959	9	100.0	63.0	44.9	34.2	27.4	22.8
1960	7	100.0	57.1	39.0	29.4	23.5	19.6
2000	35	100.0	100.0	98.7	92.6	82.9	72.2
2001	38	97.4	97.4	96.7	91.1	81.8	71.5
2002	42	100.0	100.0	97.8	91.4	80.4	70.0
2003	50	94.0	94.0	91.4	84.5	73.1	63.4
2004	33	93.9	93.9	91.5	85.4	75.8	66.4
2005	41	97.6	97.6	87.4	77.9	68.2	59.5
2006	27	100.0	100.0	81.5	68.2	57.8	49.5
2007	22	100.0	100.0	93.7	84.8	75.6	66.0
2008	22	100.0	100.0	100.0	93.5	83.8	73.7

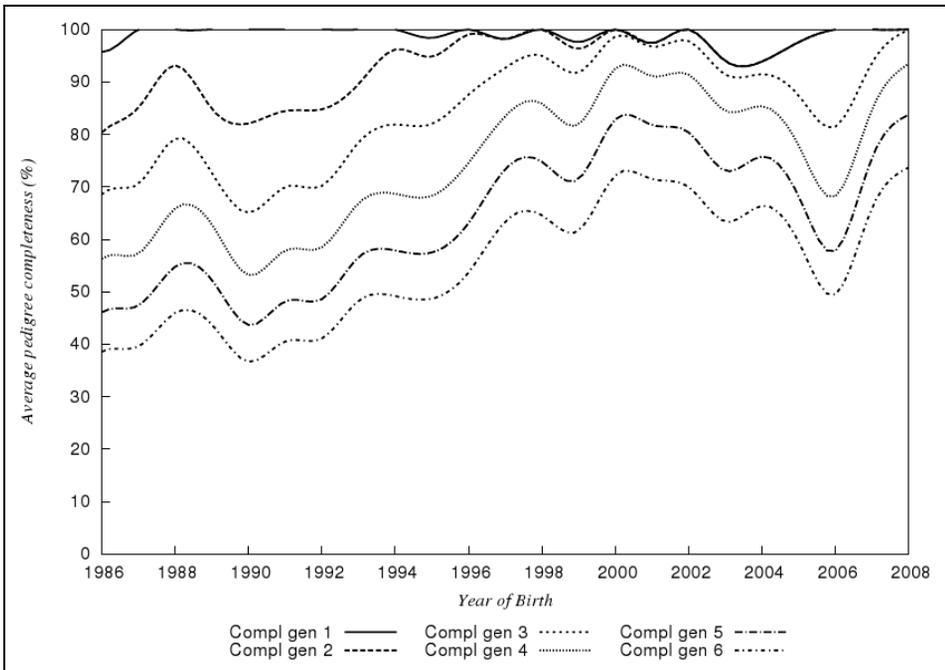


Abb. 3. Durchschnittliche Pedigreevollständigkeit
Average pedigree completeness

rinderpopulationen nahm bei steigender Vollständigkeit in einigen Fällen die N_e zu, während sie in anderen Populationen abnahm (GROENEVELD et al., 2009). Dass unvollständige Pedigrees kein seltenes Phänomen sind, hat eine Analyse von Praxisherdbuchdaten gezeigt: im Gegensatz zu den Erwartungen ließ die Vollständigkeit von Pedigrees oft zu wünschen übrig (GROENEVELD et al., 2009). Aus diesem Grund sollte jede Anstrengung unternommen werden, die Vollständigkeit der Pedigrees zu verbessern. Hier liefert der Inzuchtbericht aus POPREP das Werkzeug, welches erst einmal überhaupt den Grad der Lücken zur Kenntnis zu bringen vermag.

4.4.2 Inzuchtsteigerung

Alle bis jetzt diskutierten Parameter sind lediglich die Bestimmungsgrößen der eigentlichen Zielgröße: nämlich der Rate der Inzuchtsteigerung. Inwieweit somit die Maßnahmen der Anpaarung effektiv waren, zeigt sich erst an den tatsächlichen Inzuchtzuwächsen.

Im POPREP wird die durchschnittliche Inzucht für die Tiere eines Geburtsjahres ausgegeben. Somit kann der zeitliche Verlauf der Inzuchtsteigerung gut verfolgt werden. Da die Zielgröße aber auf Generationsbasis definiert ist, muss die jährliche Rate auf eine Generation umgerechnet werden. Hierzu gibt es eine Reihe von Möglichkeiten, wie in GROENEVELD et al. (2009) beschrieben. In Abhängigkeit von der Pedigreevollständigkeit und den Änderungen in der Populationsgröße können diese unterschiedliche Ergebnisse liefern, sodass hier kein Verfahren als 'bestes' genannt werden kann. Erst nach einer Analyse der speziellen Gegebenheiten einer Population kann entschieden werden, ob das Ziel in der Rate der Inzuchtsteigerung erreicht worden ist. Bei stabiler Populationsgröße unter einem einheitlichen Populationsmanagement über einige Jahre kann die Inzucht-

steigerung über diesen Zeitraum berechnet werden. Die hierfür erforderlichen Informationen sind im Populationsbericht enthalten. Wenn sich allerdings die Populationsgröße in den letzten Jahren stark geändert hat, ist die Schätzung der jeweils aktuellen Änderung der Inzuchtrate nicht unproblematisch.

5 Schlussfolgerungen

Die Erhaltung biologischer Vielfalt wird oft im Kontext der Erhaltung vom Aussterben bedrohter Rassen gesehen. Allerdings ist die Erhaltung von Varianz innerhalb von Rassen und Populationen – unabhängig davon, ob es sich um weit verbreitete oder vom Umfang kleine handelt – von mindestens gleicher Bedeutung. Hierzu sollte innerhalb einer jeden Rasse ein Verfahren etabliert werden, das von der Definition des Zieles, der daraus abgeleiteten Zielpopulationsstruktur über die Einrichtung eines Verfahrens der Umsetzung bis zur Erfolgskontrolle, i.e. der Zielüberprüfung, geht. Letztere kann anhand von Pedigreedaten erfolgen, die z.B. über den WEB-Dienst bei poprep.tzv.fal.de ausgewertet werden können.

Neben der Definition der Selektionsmerkmale und ihrer Gewichte im Zuchtziel sollte ein jedes Zuchtprogramm auch Aussagen über den maximal gestatteten Inzuchtzuwachs enthalten. Hieraus lässt sich näherungsweise die benötigte Zahl von Zuchttieren, besonders der männlichen, ableiten. Der Vergleich dieser Werte mit den Zahlen der aktuellen Zuchtstruktur kann somit schon zum Zeitpunkt der Entwicklung eines Zuchtprogrammes Aussagen darüber machen, ob das angestrebte Ziel bezüglich einer Inzuchtsteigerung erreicht werden kann. Wenn dies nicht der Fall sein sollte, liegt ein potentielles Problem zumindest auf dem Tisch und muss diskutiert werden. Nur bei vorhandenem Problembewusstsein werden sich organisatorische Änderungen vereinbaren lassen.

Literatur

- DGfZ-Ausschuss zur Erhaltung genetischer Vielfalt bei landwirtschaftlichen Nutztieren. Nationales Fachprogramm zur Erhaltung und Nutzung tiergenetischer Ressourcen, (2002).
- GANDINI, G.C., L. OLLIVIER, B. DANELL, O. DISTIL, A. GEORGODIS, E. GROENEVELD, E. MARTYNIUK, J.A.M. VAN ARENDONK and J.A. WOOLLIAMS, (2004): Criteria to assess the degree of endangerment of livestock breeds in Europe. *Livest. Prod. Sci.* **91**, 173–182.
- GROENEVELD, E., (2003): Strategie und Logistik zur verantwortungsvollen Verwaltung der genetischen Diversität in der Nutztierzüchtung. *Züchtungskunde* **75**, 317–323.
- GROENEVELD, E., B. V.D. WESTHUIZEN, A. MAIWASHE, F. VOORDEWIND and J.B.S. FERRAZ, (2009): POPREP: A Generic Report for Population Management. *Genet. Molec. Res.* **8**, 1158–1178.
- MACCLUER, J.W., A.J. BOYCE, B. DYKE, L.R. WEITKAMP, D.W. PFENNING and C.J. PARSONS, (1983): Inbreeding and pedigree structure in standard bred horses. *J. Hered.* **74**, 394–399.
- MEUWISSEN, T.H., (1997): Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Anim. Sci.* **75**, 934–940.
- SANTIAGO, E. and A. CABALLERO, (1995): Effective size of populations under selection. *Genetics* **139**, 1013–1030.
- SONESSON, A.K. and T.H. MEUWISSEN, (2001): Minimization of rate of inbreeding for small populations with overlapping generations. *Genet. Res.* **77**, 285–292.
- WRIGHT, S., (1931): Evolution in Mendelian populations. *Genetics* **14**, 97–159.