

Das „Konzept zum genetischen Monitoring für Waldbaumarten in der Bundesrepublik Deutschland“ (Expertengruppe "Genetisches Monitoring" der BLAG, 2005) wurde mit dem Ziel erarbeitet, den Zustand und die Entwicklung genetischer Systeme bei Baumarten zu erfassen. Das genetische Monitoring will damit einen Beitrag zur Abschätzung und Bewertung der Wirkung von Einflussfaktoren auf das genetische System von Wäldern leisten. Im Jahr 2005 wurde ein Pilotprojekt mit den Baumarten Rotbuche und Vogelkirsche begonnen, die als Modelle für eine bestandesbildende windbestäubte Art und eine eher zerstreut vorkommende insektenbetäubte Art dienen.

Insgesamt muss die Erhaltung forstlicher Genressourcen als eine internationale Aufgabe in Europa betrachtet werden, die nur mit nationalen Anstrengungen und substanziellen Beiträgen der beteiligten Länder Europas bearbeitet werden kann. Die internationale Koordinierung im europäischen Rahmen erfolgt durch die Organisation EUFORGEN (European Forest Genetic Resources Programme) mit 34 Mitgliedsländern, darunter auch Deutschland (<http://www.ipgri.cgiar.org/networks/euforgen/>).

### **Relevante Projekte**

057, 062, 063, 064, 065, 066, 067, 069, 070, 071, 072

### **5.3 Tiergenetische Ressourcen**

Steffen Weigend, Martina Henning (FAL)

#### **Hintergrund**

Die Erhaltung und Nutzung gefährdeter Nutztierassen gewinnt zunehmend an Bedeutung sowohl aus umweltpolitischer Sicht als auch unter wissenschaftlichen, ökonomischen, kulturellen und historischen Aspekten. Für eine effiziente Erzeugung von Nahrungsmitteln tierischen Ursprungs wurde ein hoher Grad der Spezialisierung erreicht. Dadurch kam es zu einer Reduzierung der Anzahl genutzter Rassen und Linien auf einige wenige, die unter ökonomischen und ökologischen Gesichtspunkten zur Erzeugung von Milch, Fleisch oder Eiern unter gegenwärtigen Bedingungen und Anforderungen am besten in der Lage sind. Die Bedeutung von regionalen Rassen ist so weit zurückgegangen, dass viele in ihrem Bestand als stark gefährdet gelten. Auf Grund der geringeren Wirtschaftlichkeit sind diese Rassen aus der Nutzung verdrängt worden, und ihre Bestandgröße hat erheblich abgenommen. Dabei sind Tiere dieser Rassen heute zum Teil in sogenannten, durch die Gesellschaft zur Erhaltung und gefährdeter Haustierrassen e.V. (GEH; Bonn) initiierten „Archehöfen“ untergebracht oder leben bei engagierten Hobbyhaltern. Über die Lebenderhaltung hinaus werden zur Konservierung von Keimzellen von gefährdeten Nutztierassen von einigen Zuchtorganisationen bereits sogenannte Kryoreserven (bei -198 °C tiefgefrorene Spermien und Embryonen) angelegt. Dies geschieht allerdings noch nicht systematisch.

Die FAO fordert nicht nur eine Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen, sondern auch die Schaffung von nachhaltigen Strukturen, in deren Rahmen alte Haustierrassen bzw. tiergenetische Ressourcepopulationen ökonomisch akzeptabel erhalten und genutzt werden können. In Deutschland wurde diese Forderung im Gesetz zum Übereinkommen über die Biologische Vielfalt in nationales Recht umgesetzt. Damit besteht zunächst eine Berichtspflicht des Bundes gegenüber der FAO bezüglich der tiergenetischen Ressourcen. Die Novellierung des nationalen Tierzuchtgesetzes nennt ausdrücklich als eines seiner Hauptziele die Erhaltung genetischer Vielfalt und dokumentiert damit deren Notwendigkeit, auch vor dem Hintergrund der internationalen Bedeutung.

Seit Juni 2004 liegt das Nationale Fachprogramm Tiergenetische Ressourcen vor, an dem Vertreter der Wissenschaft aus Bund und Ländern, von Zuchtorganisationen und weitere Nichtregierungsorganisationen (NRO) mitgearbeitet haben. Entsprechend dem Nationalen Fachprogramm wurde der Fachbeirat für Tiergenetische Ressourcen als koordinierendes und beratendes Gremium für die Umsetzung der vorgeschlagenen Maßnahmen gegründet. Der Fachbeirat hat Schwerpunkte seiner Arbeit identifiziert und bereits verschiedenen Empfehlungen erarbeitet, unter anderem eine Auflistung über die einheimischen Nutzierrassen, für die, je nach Gefährdungsstatus, Erhaltungsstrategien einzuleiten sind. Dieses Programm sollte den jeweils neuesten Erkenntnissen der Züchtungsforschung angepasst werden, um die Entscheidung, welche Rasse wie erhalten werden sollte, zu unterstützen.

### **Ausblick**

Für den Bereich der Erhaltung und Nutzung tiergenetischer Ressourcen kann folgender Forschungsbedarf identifiziert werden:

Dokumentation – Monitoring: Die Zentrale Dokumentation Tiergenetischer Ressourcen in Deutschland (TGRDEU; <http://www.genres.de/tgrdeu>) als nationales Verzeichnis der Tierzucht und ihrer Organisation bzw. ihrer beteiligten Verbände und Personen bietet hierzu die Basis. Neben der reinen Dokumentation muss eine organisatorische und informationstechnologische Infrastruktur für ein Monitoring geschaffen werden. TGRDEU kann gerade für den Bereich der Zucht der kleinen und bestandsbedrohten Populationen als ein wirkungsvolles, die Zucht unterstützendes bzw. planendes, Instrument ausgebaut und genutzt werden.

Molekulare Charakterisierung: Genetische Vielfalt innerhalb einer Art spiegelt sich in Unterschieden der Erbanlagen zwischen Rassen, Populationen und Individuen wider, die mit geeigneten molekulargenetischen Untersuchungsmethoden charakterisiert werden können. Die Erweiterung der Kenntnisse über Mechanismen, die der Entstehung und Dynamik genetischer Diversität zu Grunde liegen, tragen zur Entwicklung nachhaltiger Erhaltungsmaßnahmen bei. Molekulare Marker in Bereichen des Genoms, die keine merkmalsbestimmenden Funktionen aufweisen (z.B. Mikrosatelliten), gestatten eine Differenzierung von Rassen und Populationen, die Abschätzung der Variabilität innerhalb einer Population (Inzuchtgrad) sowie die Quantifizierung der durchschnittlichen Verwandtschaft. Anhand solcher Informationen können beispielsweise Gruppen eng verwandter Rassen erkannt werden, die ggf. als gemeinsame Zuchtpopulation geführt werden können. Kann nur eine begrenzte Anzahl Rassen erhalten

werden, können diese Markerinformationen zur Identifizierung einer Gruppe von Tieren mit der größten Variabilität beitragen.

Die Charakterisierung molekularer Polymorphismen in Genen (SNP = single nucleotide polymorphisms) und ihrer exprimierten Produkte ermöglicht die direkte Analyse funktioneller Unterschiede zwischen Rassen auf der molekularen Ebene.

Gefährdungsstatus und Management bestandsbedrohter Rassen/Populationen: Es sollte erreicht werden, dass ein Maximum an genetischer Vielfalt auch über längere Zeit in einer lebenden Population erhalten werden kann. Bei bestandsbedrohten Populationen können durch genetische Drift innerhalb weniger Generationen Erbanlagen (Allele) unwiederbringlich verloren gehen. Um dies zu vermeiden, müssen hier Zuchtprogramme zum Einsatz kommen, die gewährleisten, dass nur ein geringer Selektionsdruck auf die Population ausgeübt wird und genetische Drift so weit als möglich minimiert wird. Im Rahmen der Umsetzung des „Nationalen Fachprogramms“ sollte sichergestellt werden, dass Zuchtverbände, die sich Länder übergreifend für die gleichen Rassen einsetzen, nach einheitlichen Kriterien bzw. einem gemeinsam erarbeiteten Erhaltungszuchtprogramm vorgehen.

Anlage einer Kryoreserve (Tiefgefrieren von Keimzellen und somatischen Zellen): Zur Planung der Anlage einer umfassenden und für eine jeweilige Rasse repräsentativen Kryoreserve ist es zunächst notwendig, den Rechtsrahmen, sowie ergänzend die organisatorischen und technischen Anforderungen zu spezifizieren und in ein pragmatisch umsetzbaren Ablauf zu kleiden. Hierzu zählen Regelungen bezüglich der Auswahl der entsprechenden Tiere aus einer Population, der Gewinnung des Materials, sowie der Lagerung und (Weiter-)verwendung des eingelagerten Materials und deren Dokumentation und Verwaltung. Die Weiterentwicklung der Kryotechniken für das Konservieren von Keimzellen (ggf. nach Geschlecht sortiert) sowie die Möglichkeiten, aus Körperzellen mit Hilfe des somatischen Kerntransfers (Klonen) Tiere wieder entstehen zulassen, befindet sich in einem dynamischen Prozess und bedarf besonderer Forschungsanstrengungen.

Wachsende molekulargenetische Erkenntnisse in Kombination mit populationsgenetischen und biotechnischen Maßnahmen werden auch zukünftig die Strategie zur Bewertung genetischer Ressourcen bei Nutztieren entscheidend beeinflussen. Intensive Forschungen führen zu einer ständigen Erweiterung von Informationen über das Genom unserer Haustiere (z.B. Sequenzierung des kompletten Genoms beim Huhn), die auch die Kenntnisse zur Funktion genetischer Diversität auf der molekularen Ebene vertiefen. Bei der Auswahl einer repräsentativen Stichprobe einer Population können molekulare Marker wichtige Informationen liefern.

### **Relevante Projekte**

089, 094, 095, 096, 097, 098, 099