

Genetische Diversität Österreichischer Rinderrassen



ZAR SEMINAR:
12.3. 2009

Supawadee Manatrinon

Roswitha Baumung

Ivica Medugorac

Anna Preinerstorfer

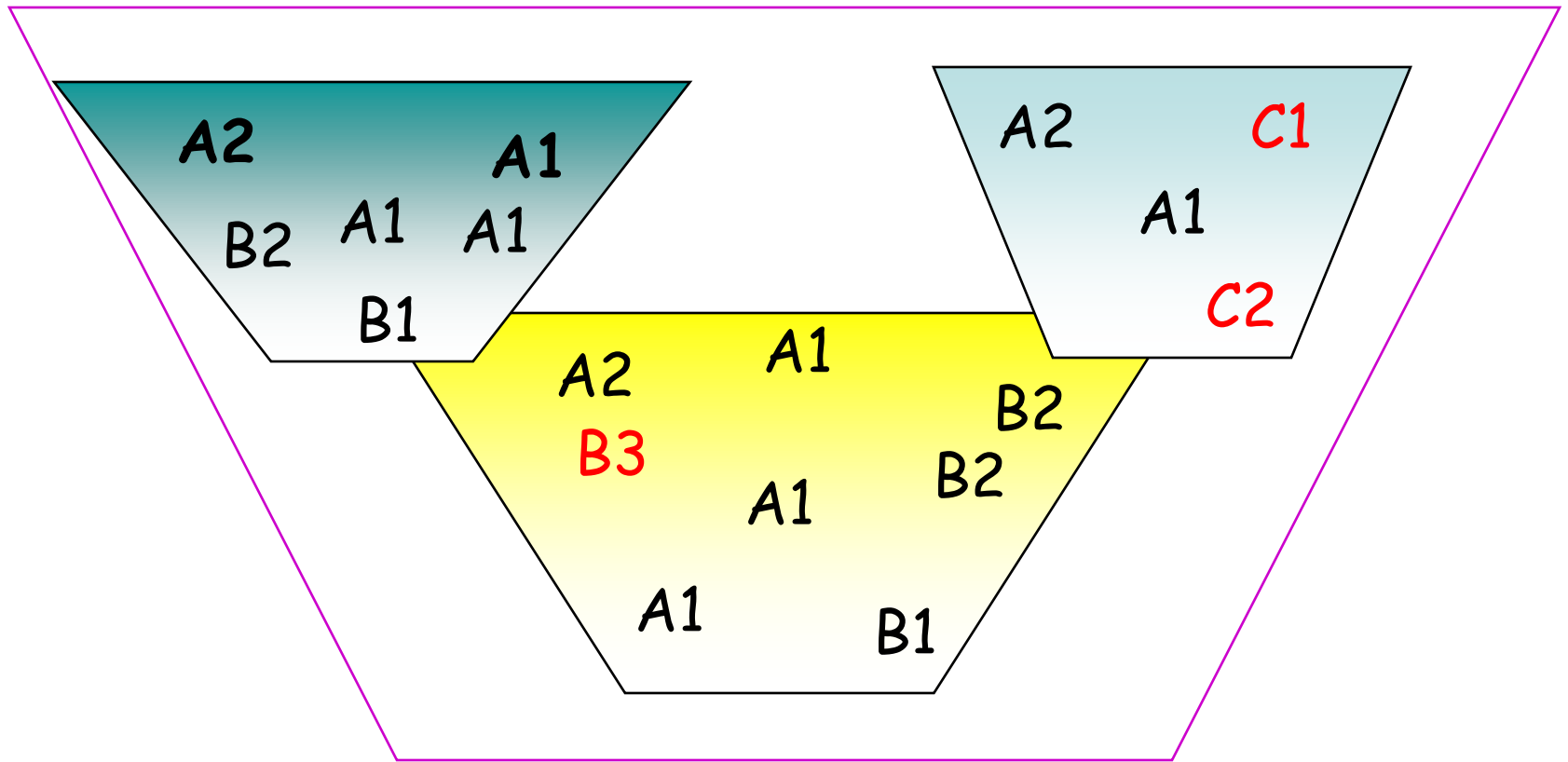
Franz Fischerleitner



Was ist genetische Diversität ?



Genetische Diversität



Der Hintergrund

- **Seit tausendenden Jahren „Haus- bzw. Nutztiere“**
- **Seit etwa Mitte des 18. Jahrhunderts „moderne“ Tierzucht**
- **Unterschiedliche Bedürfnisse – Zuchtziele -> Bildung von RASSEN**

Der Hintergrund

- **Rasse: Gruppe von Tieren mit gemeinsamer Zuchtgeschichte, die sich weitgehend gleichen in:**
 - Aussehen
 - Stoffwechsel
 - Verhaltensmerkmalen
 - Leistungen...

Der Hintergrund

- **„Rasse“ willkürliche, menschengemachte Definition**
 - Tiere verschiedener Rassen kreuzbar
 - äußerliche Unterschiede zwischen Rassen oft gering (getrennte Zuchtgeschichte aber gleiches Zuchtziel)
 - Rassen ändern sich, Rassenbezeichnungen ändern sich...
 - Unterscheidbarkeit?

Der Hintergrund

- **Viele Rassen im Alpenraum entstanden**
- **Rationale (wirtschaftliche) und irrationale (Mode) Beweggründe -> Rassen in ihrem Fortbestand gefährdet**
- **Versuch Rassen für Zukunft zu erhalten**

Das Ziel: Erhaltung von Rassen

- **Zum Erhalt einer Rasse: Reinzucht innerhalb der Rasse**
- **Grosse Sicherheit, dass Tier der gefragten Rasse angehört braucht...**
 - **Der Züchter/die Zuchtorganisation beim Zukauf**
 - **Der Geldgeber, der am Erhalt einer best. Rasse interessiert ist**
 - **Der Tierhalter, der Geld für sein Engagement erhalten und behalten möchte...**

Die Lösung

- **Alle verfügbaren Informationsquellen (Phänotyp, Abstammungsdaten, Auskünfte vom Züchter...) verwenden**
- **Zusätzlich Verwendung molekulargenetischer Information**

Genetische Grundlagen

- **äußerlich ähnliche Rassen können sich trotzdem genetisch stark unterscheiden**
- **Phänotyp = Genotyp+Umwelt**
- **Moderne molekulargenetische Methoden erlauben Blick in das Erbmateriale**

Genetische Grundlagen

- **Erbgut besteht aus DNS**
- **DNS liegt in Form von Chromosomen im Zellkern vor**
- **Bestimmte Abschnitte (Loci) enthalten Code für Eiweißstoffe (Gene)**
- **Unterschiedliche Genvarianten: Allele**

Genetische Grundlagen

- **Jedes Tier trägt 2 Allele pro Locus (AA, AB)**
- **Innerhalb einer Rasse kann es aber mehr als 2 verschiedene Allele geben (z.B.: A, B, C)**
- **Die Häufigkeit mit der ein Allel in einer Rasse vorkommt = Allelfrequenz**

Hilfe durch Molekulargenetik

- **Abschnitte auf der DNS (Allele) werden sichtbar gemacht – genetische Marker**
- **Allelfrequenzen können ermittelt werden**

Allelfrequenz

- Rasse 1
 - Allel A: 80%
 - Allel B: 15%
 - Allel C: 5%
- Rasse 2
 - Allel A: 50%
 - Allel B: 30%
 - Allel C: 20%
- Rasse 3
 - Allel A: 90%
 - Allel B: 10%
 - Allel C: 0%
- Rasse 4
 - Allel A: 55%
 - Allel B: 30%
 - Allel C: 15%

Allelfrequenz

- Rasse 1

- Allel A: 80%
- Allel B: 15%
- Allel C: 5%

- Rasse 2

- Allel A: 50%
- Allel B: 30%
- Allel C: 20%

- Rasse 3

- Allel A: 90%
- Allel B: 10%
- Allel C: 0%

- Rasse 4

- Allel A: 55%
- Allel B: 30%
- Allel C: 15%

Allelfrequenz

- Rasse 1

- Allel A: 80%
- Allel B: 15%
- Allel C: 5%

- Rasse 2

- Allel A: 50%
- Allel B: 30%
- Allel C: 20%

- Rasse 3

- Allel A: 90%
- Allel B: 10%
- Allel C: 0%

- Rasse 4

- Allel A: 55%
- Allel B: 30%
- Allel C: 15%

Allelfrequenz

- Rasse 1

- Allel A: 80%
- Allel B: 15%
- Allel C: 5%

- Rasse 2

- Allel A: 50%
- Allel B: 30%
- Allel C: 20%

- Rasse 3

- Allel A: 90%
- Allel B: 10%
- Allel C: 0%

- Rasse 4

- Allel A: 55%
- Allel B: 30%
- Allel C: 15%

Nutzen genetischer Marker

- **Unterschiedliche Allelfrequenzen als Basis für Berechnung **genetischer Distanzen** (Abstände) zwischen Rassen**
- **Große Distanz: lange getrennte Zuchtgeschichte – eigenständige Rassen**
- **Kurze Distanz: keine eigenständigen Rassen oder Einkreuzung**

ÖNGENE Projekt

- 1. Beschreibung der genetischen Diversität innerhalb und zwischen heimischen Rinderrassen**
- 2. Aufklärung von Verwandtschaftsbeziehungen zu Rassen in Nachbarländern**
- 3. Information über Auswirkungen, Nutzen bzw. Notwendigkeit der Erhaltungszuchtprogramme**
- 4. Basis für zukünftige züchterische Entscheidungen in der Erhaltungszucht**

Die Rassen (23 Rassen, 1004 Tiere)

Land	Rasse	Abkürzung	Anzahl
A	Kärntner Blondvieh	CBA	60
	Ennstaler Bergschecken	EBA	41
	Murbodner	MUA	48
	Original Braunvieh	OBA	43
	Original Pinzgauer	OPA	40
	Pinzgauer	PIA	26
	Pustertaler Sprintzen	PUA	44
	Tux-Zillertaler	TXA	34
	Tiroler Grauvieh	TGA	48
	Waldviertler Blondvieh	WBA	60
	Holstein	HFA	40
	Fleckvieh	FVA	40

Land	Rasse	Abkürzung	Anzahl
G	Bayrisches Braunvieh	BBG	50
	Original Braunvieh	OBG	25
	Deutsches Gelbvieh	GYG	50
	Holstein	HFG	50
	Fleckvieh	FVG	50
S	Eringer	ERS	50
	Evolener	EVS	15
	Braunvieh	OBS	50
F	Aubrac	AUF	50
	Montbeliard	MOF	30
H	Ungar. Steppenrind	HGH	60

Marker und Methoden

30 Microsatelliten

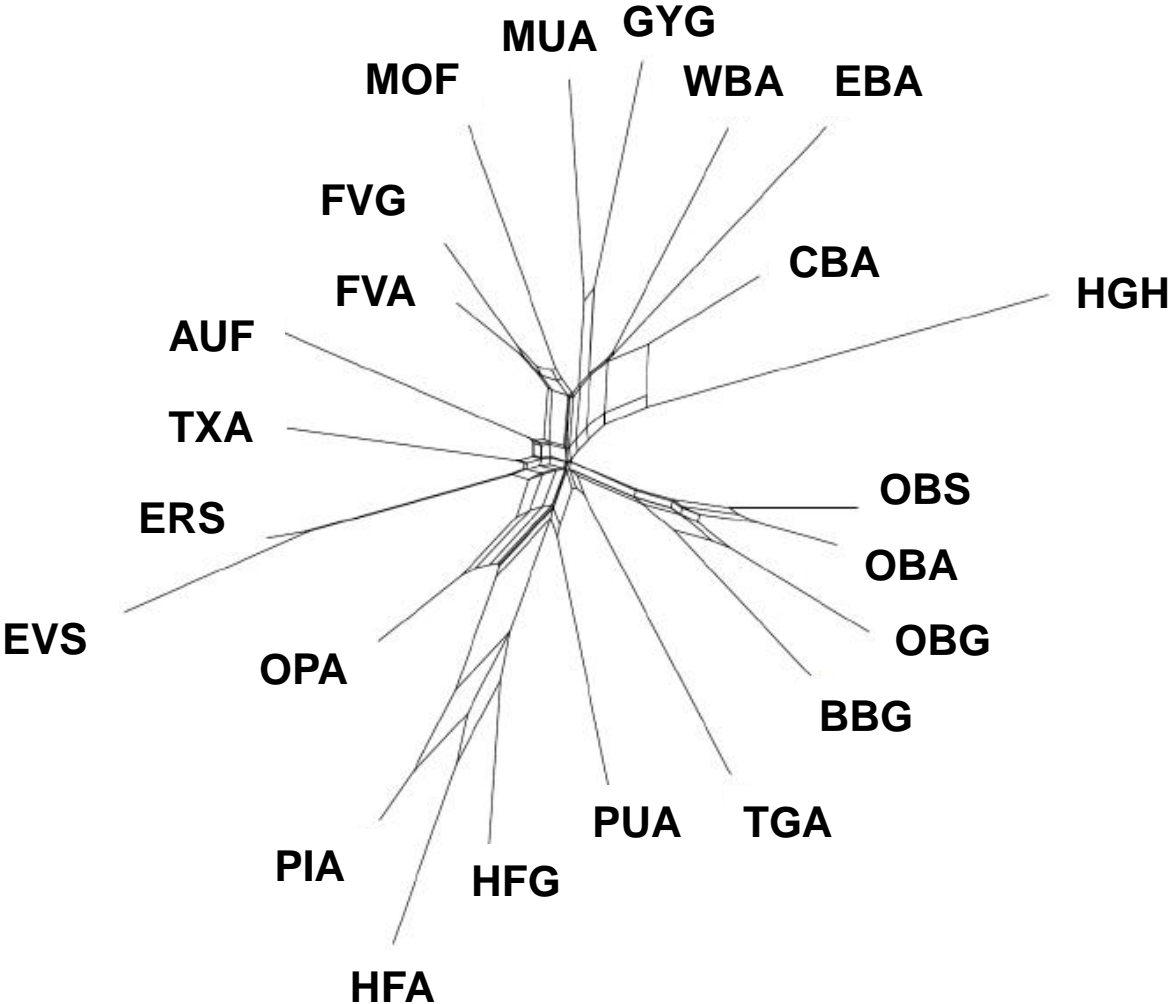
- empfohlen von der FAO, verwendet in internationalen Großprojekten

Software Programme

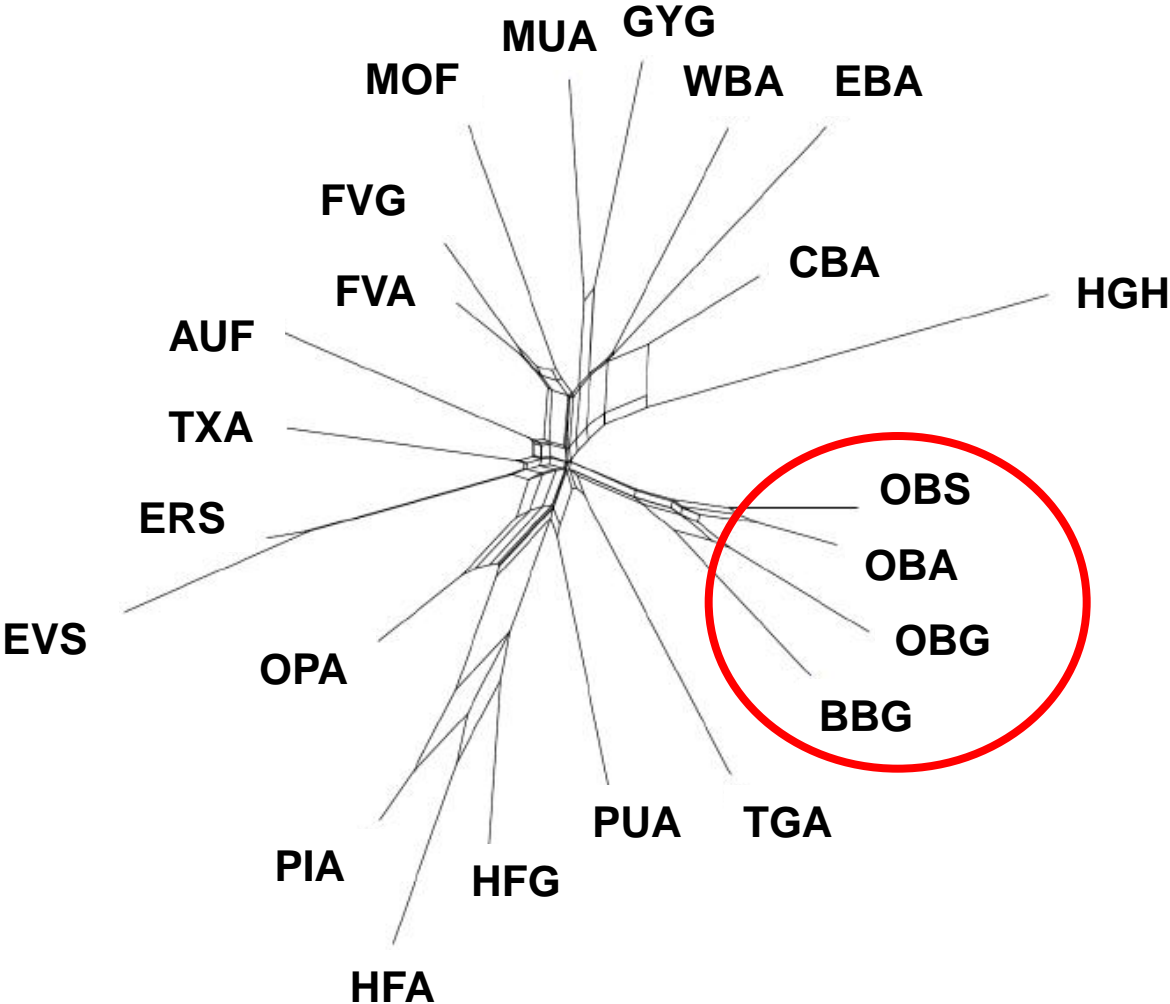
- genetische Distanzen
- Aufdeckung von genetischen Strukturen

Ergebnisse

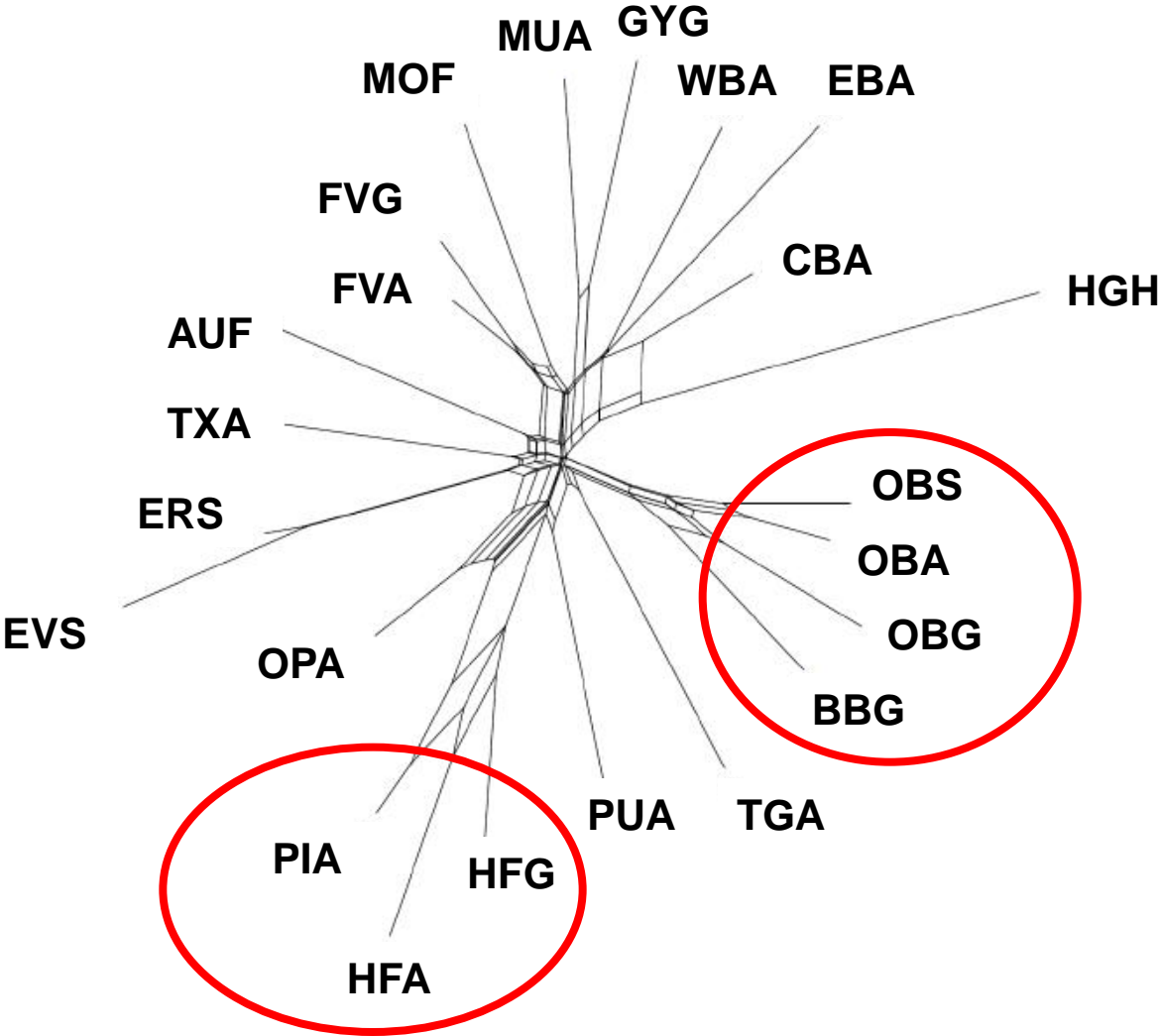
Cavalli-Sforza and
Edwards (1976)



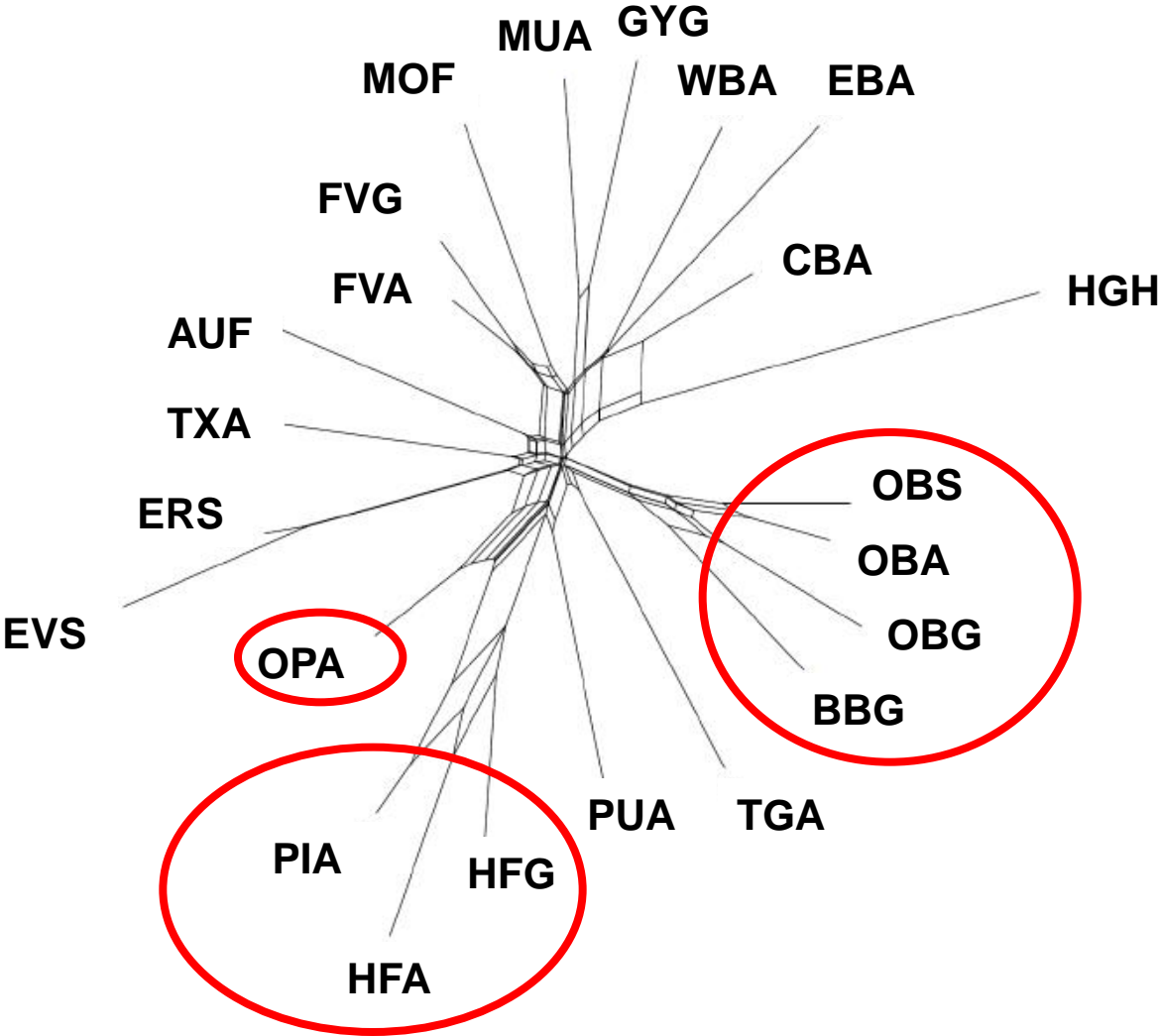
Cavalli-Sforza and
Edwards (1976)



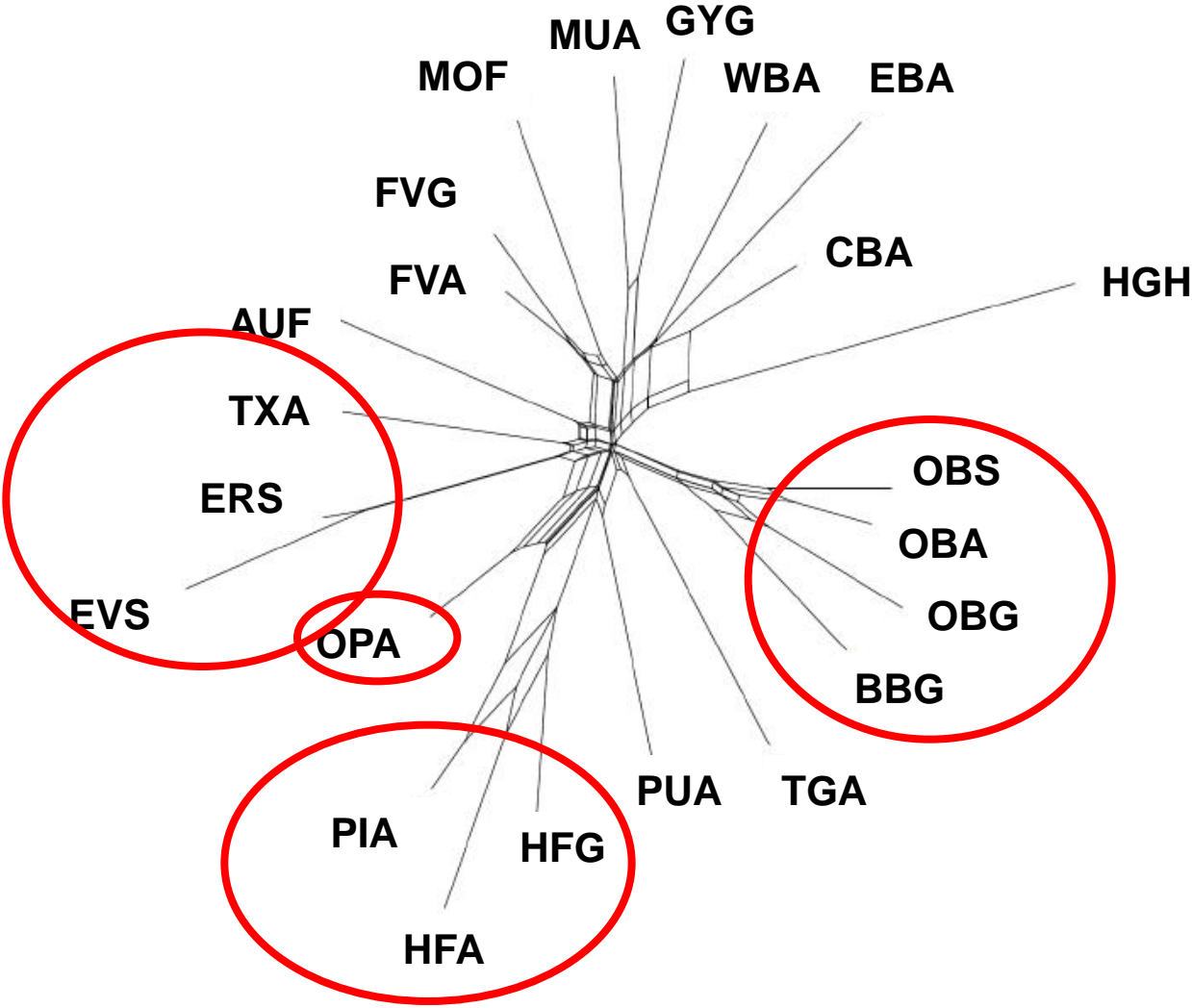
Cavalli-Sforza and
Edwards (1976)



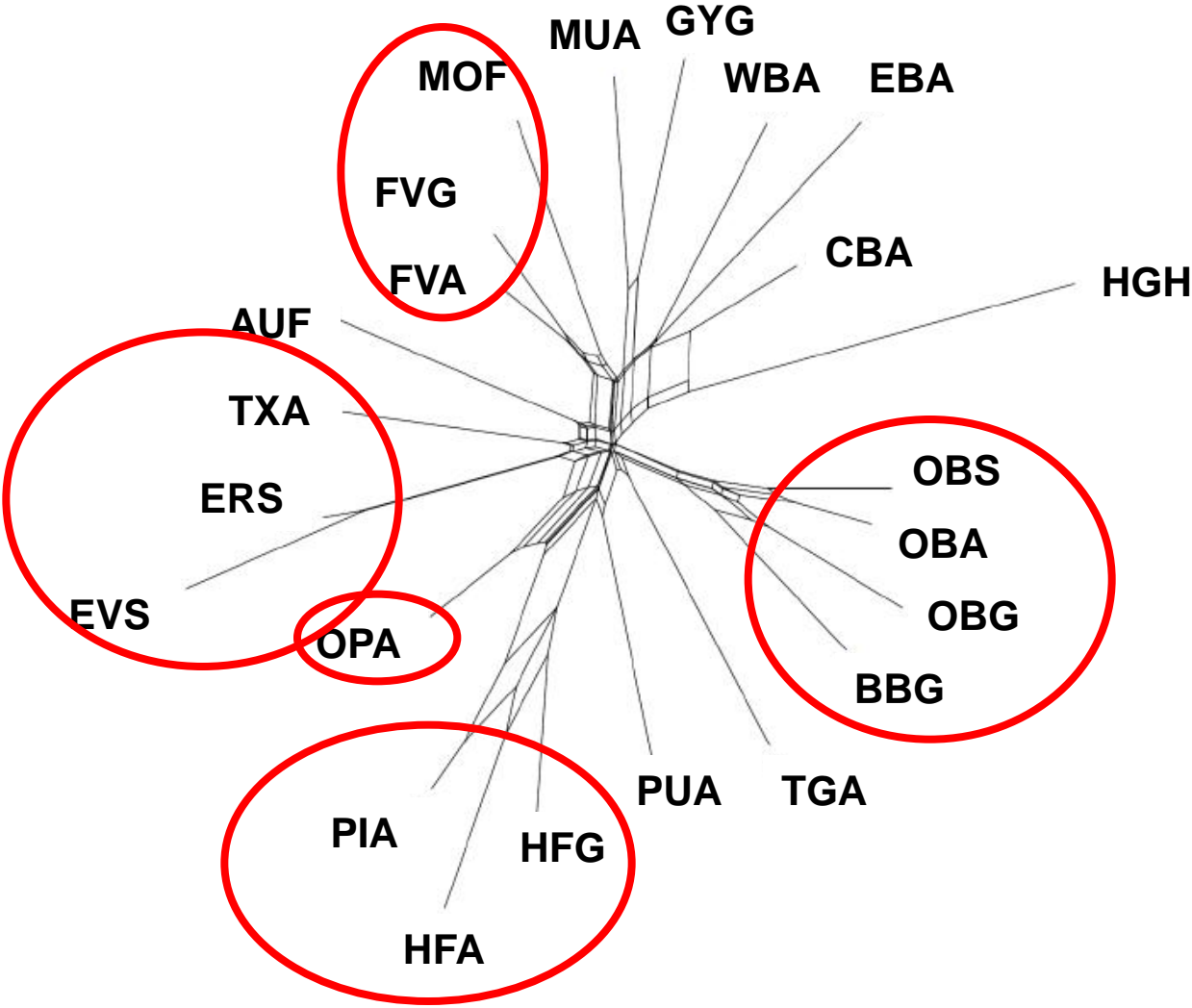
Cavalli-Sforza and
Edwards (1976)



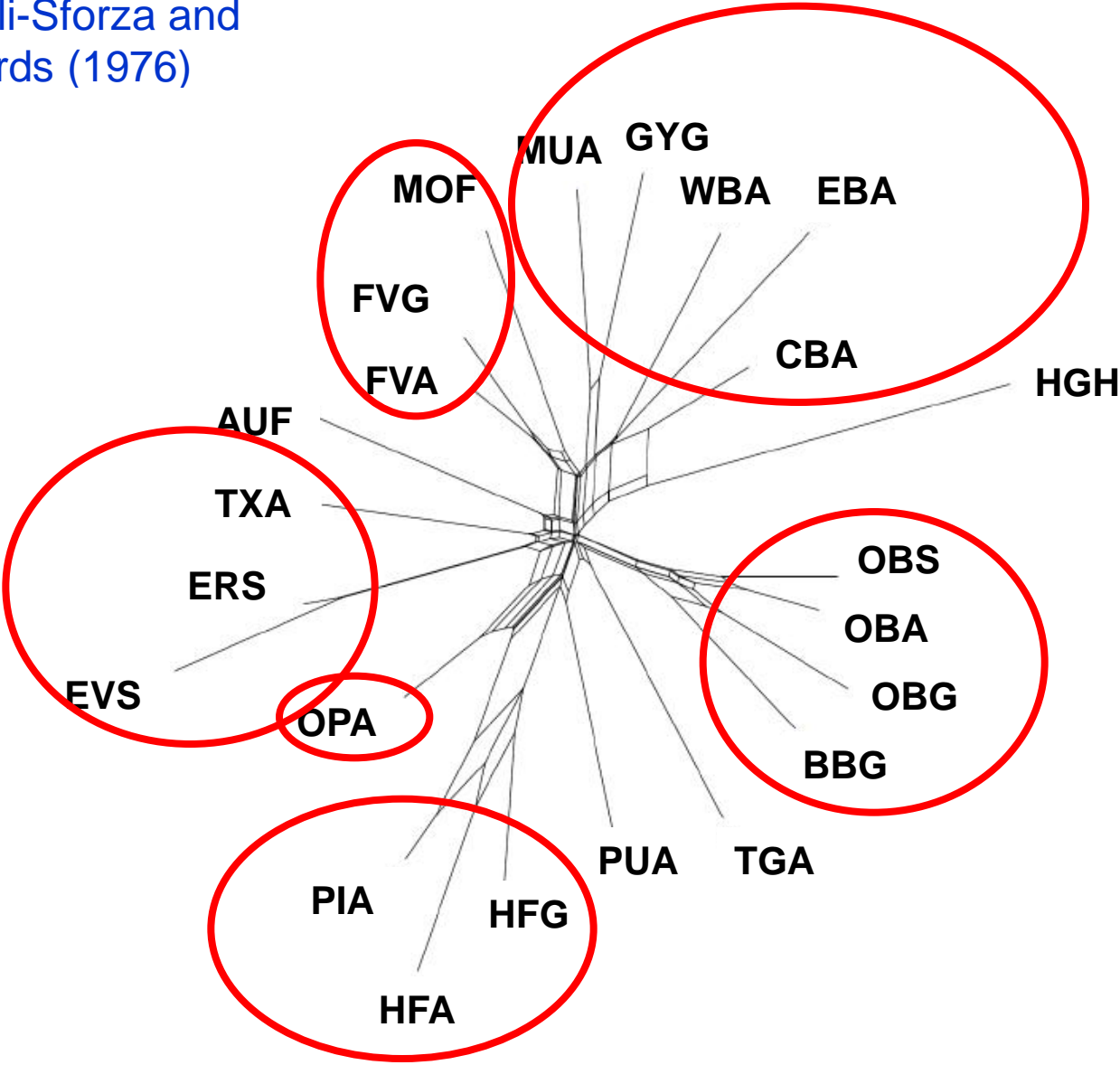
Cavalli-Sforza and
Edwards (1976)



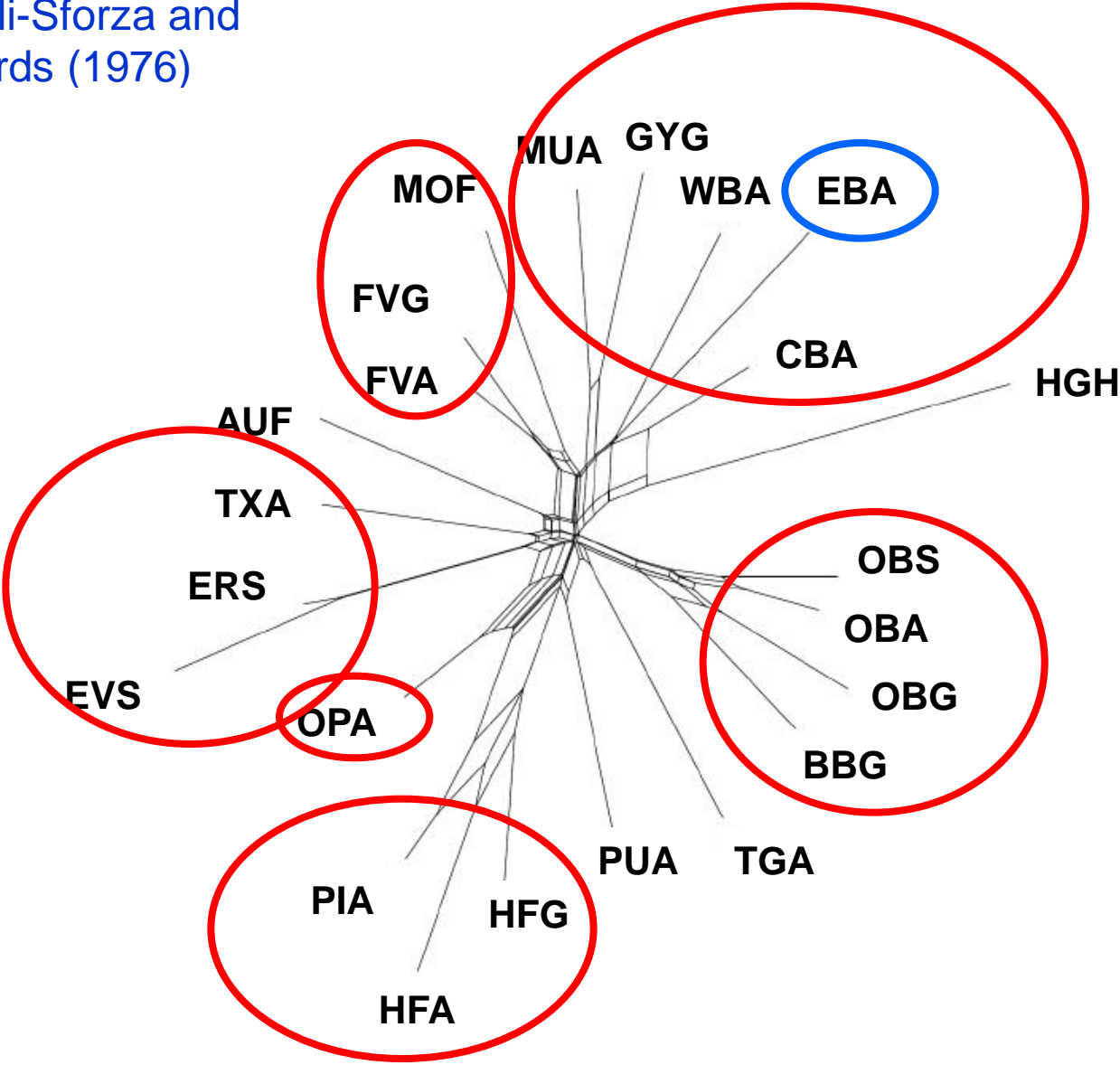
Cavalli-Sforza and Edwards (1976)



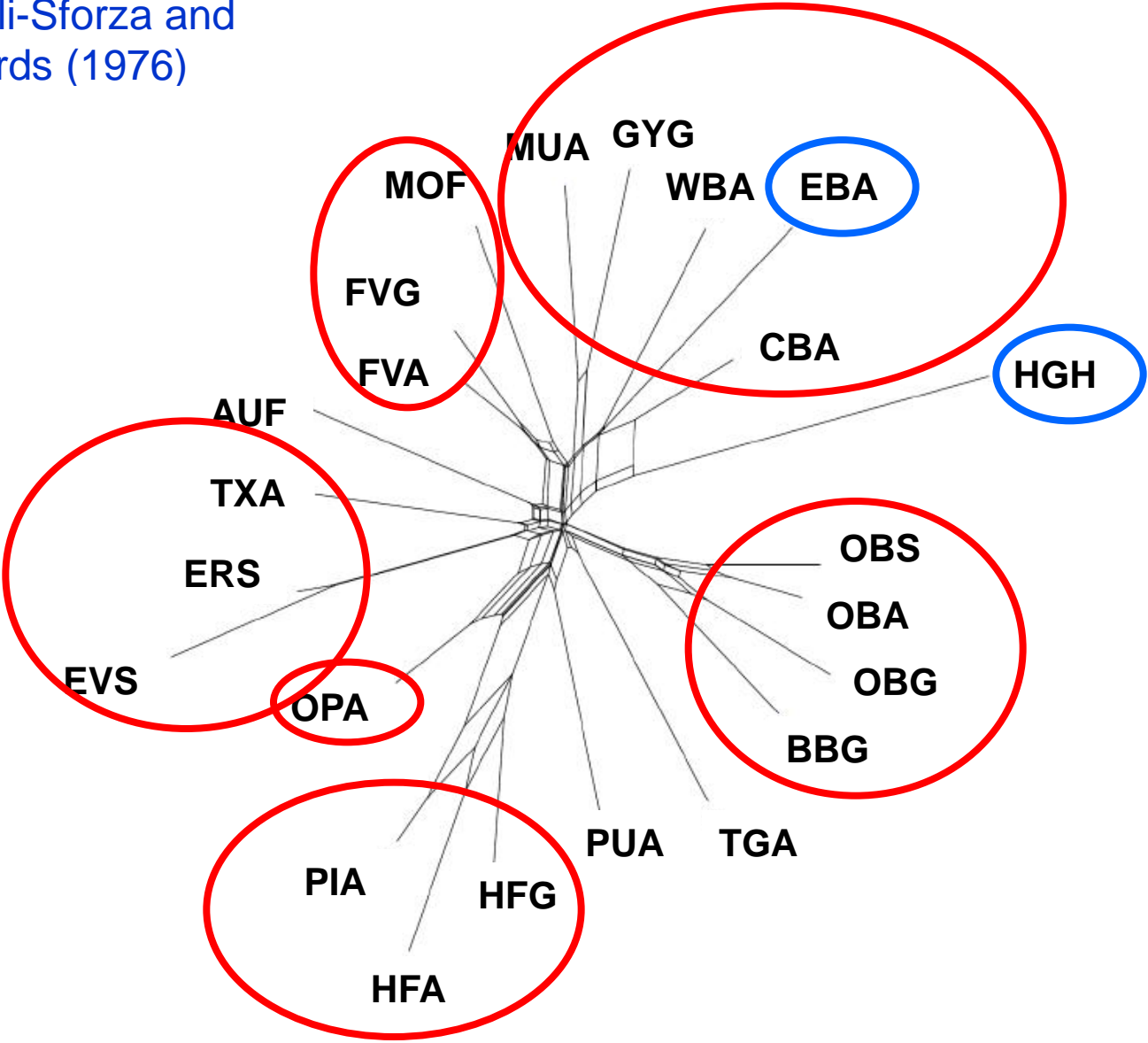
Cavalli-Sforza and
Edwards (1976)



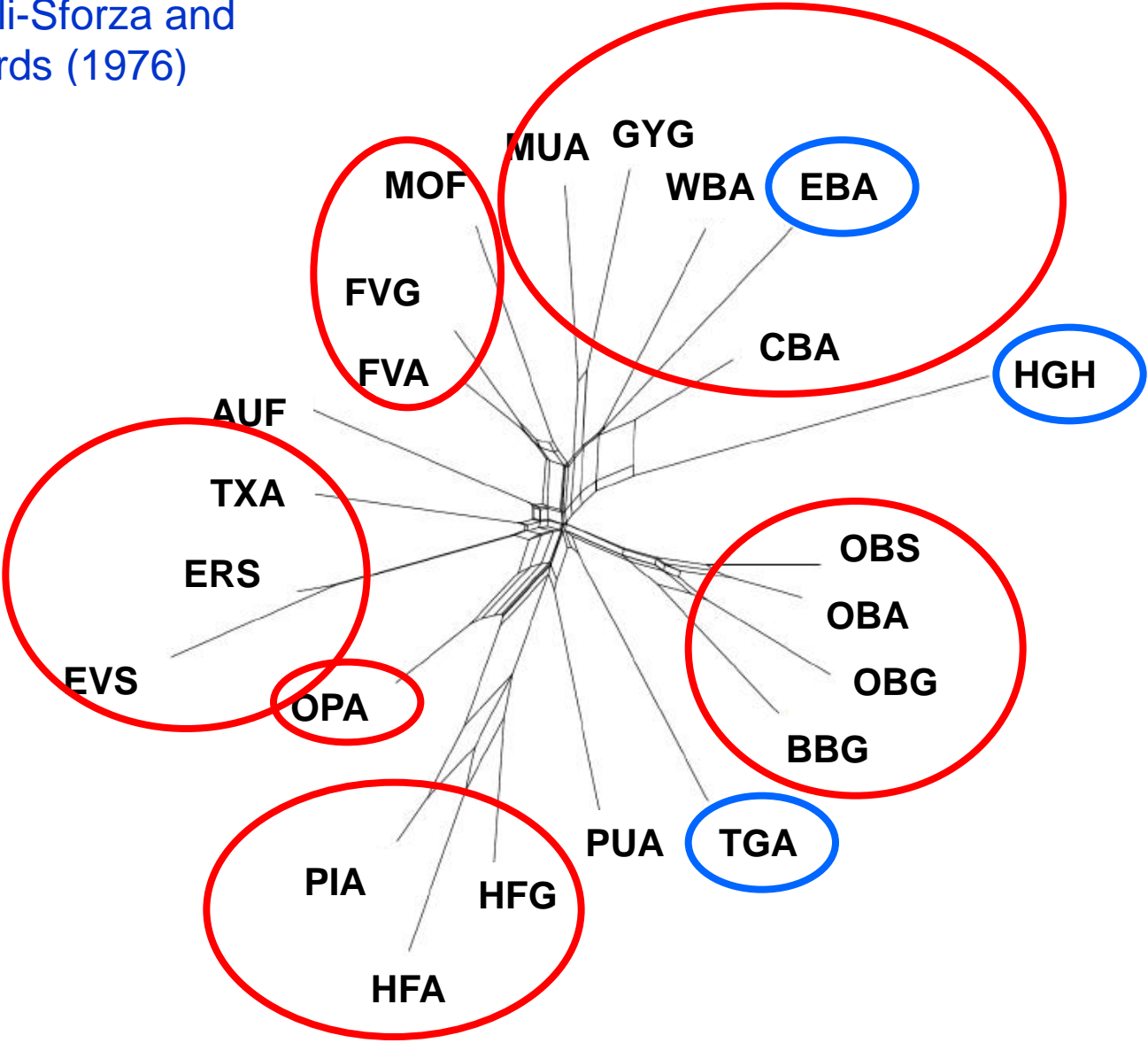
Cavalli-Sforza and Edwards (1976)



Cavalli-Sforza and
Edwards (1976)



Cavalli-Sforza and
Edwards (1976)



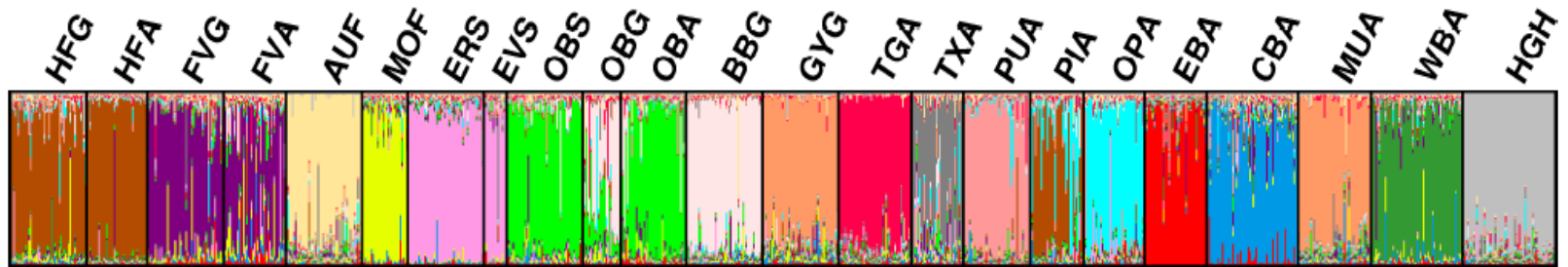
Aufdecken von Strukturen

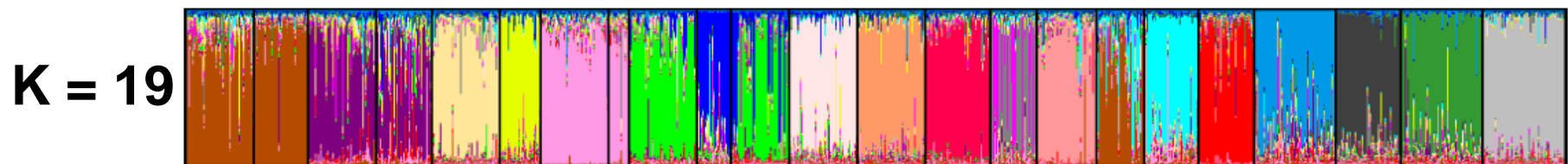
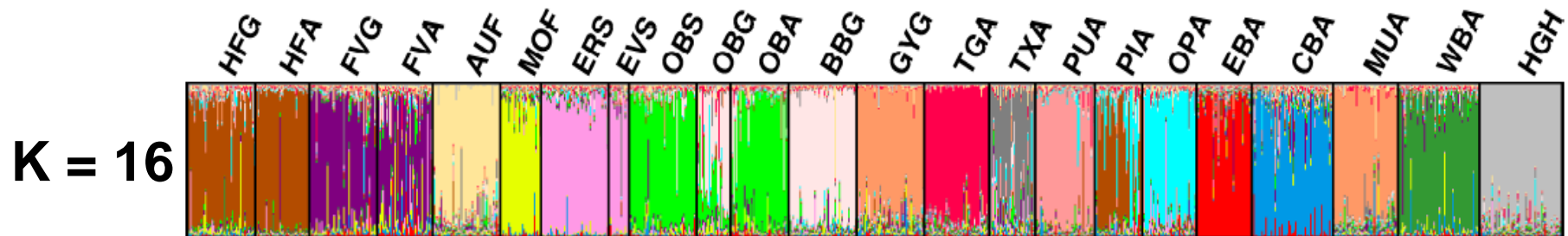
**Zu wie vielen Rassen gehören die 1004 Tiere
wirklich?**

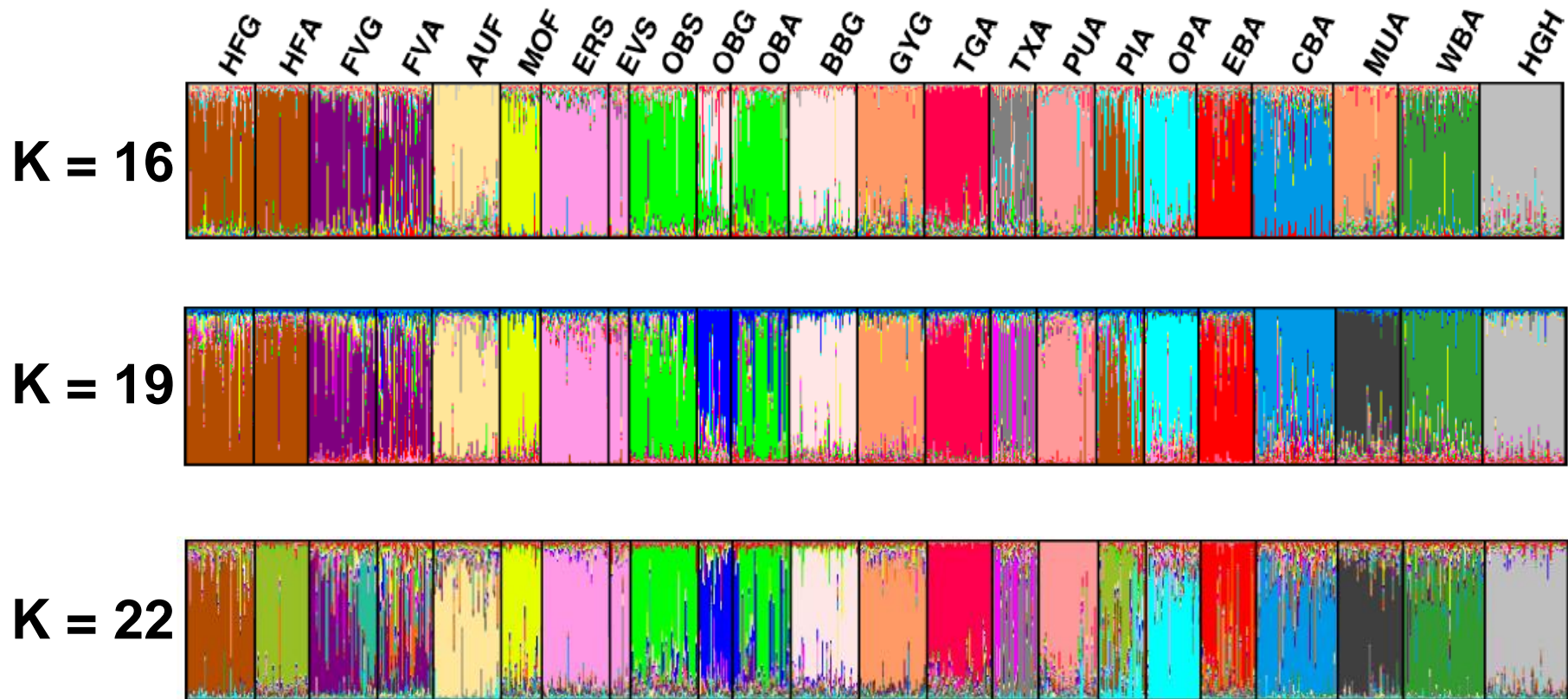
**Programm „STRUCTURE“ sucht nur auf Grund der
molekulargenetischen Info „Rassengruppen“ zu
bilden**

**Alle Varianten von 2 bis 23 Gruppen werden
ausprobiert und die wahrscheinlichste Struktur
für Rassengruppen ermittelt**

K = 16







Zuordnung von Tieren zu ihrer Rasse

98% (von 1004 Tieren) korrekt zugeordnet

24 Tiere aus 14 Rassen falsch zugeordnet

Für die 10 gefährdeten Österreichischen Rassen

- KEINE Fehlzugeordnungen bei
MUA, TGA, PIA and TXA**

Schlussfolgerungen

1. Fünf bis Sechs Rassengruppen:

- Holstein**
- Fleckvieh**
- Blondvieh**
- Braunvieh**
- „Kampfkühe“**
- Alpine Mehrnutzungsrasen**

2. Ungarisches Steppenrind

- geringste Verwandtschaft**
- Ursprung im asiatischen Raum?**

Schlussfolgerungen

- 3. Bedeutung von Fördermaßnahmen auch für größere Rassen (Pinzgauer, Tiroler Grauvieh, für Murbodner in der Zukunft?)**
- 4. Nähe von Original Braunvieh Österreich-Schweiz**
- 5. Tuxer sind keine Eringer**
- 5. Ennstaler Bergschecken sind kein Fleckvieh**

Schlussfolgerungen

6. **Obwohl Rassennamen nicht unbedingt genetisch wieder gespiegelt werden, funktioniert die Zuordnung zu Rassen recht gut**
7. **Erhaltungszuchtprogramme haben gut funktioniert und sind auch für die Zukunft wichtig**

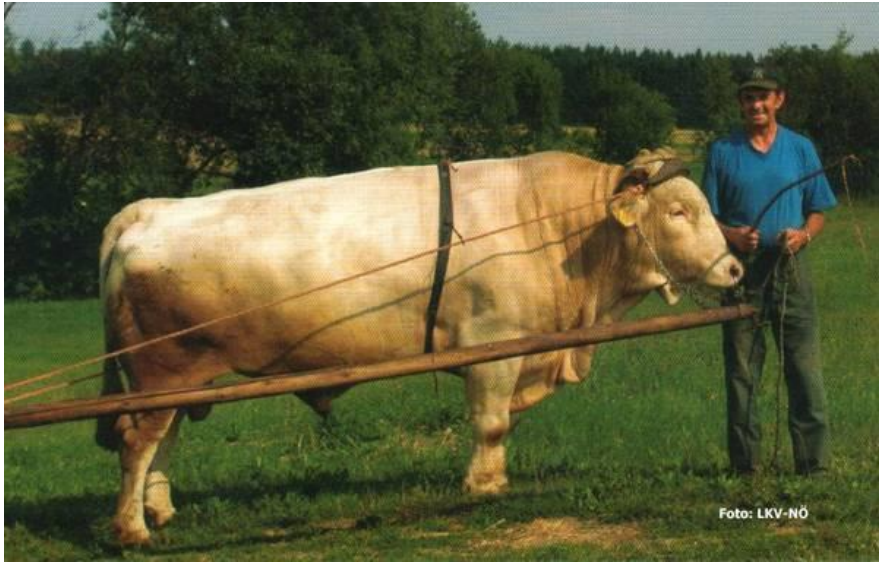


Foto: LKV-NÖ



Foto: Farbatlas Nutztierassen, Ulmer

DANKE



Foto: Hausegger, ZAR



Foto: Atlas Nutztierassen, Ulmer