

Universität für Bodenkultur Wien
Department für Nachhaltige Agrarsysteme

Institut für Nutztierwissenschaften

Departmentleiter: Ao. Univ. Prof. Dr. Herbert Weingartmann
Institutsvorstand: Univ.-Prof. Dr. Christoph Winckler

Gregor-Mendel-Straße 33, A-1180 Wien

T: (+43 1) 47 654/3250 - F: (+43 1) 47 654/3254 - eMail: michaela.buertlmair@boku.ac.at

Abschlussbericht

Laufzeit:	03/2008 – 11/2008
Projekttitlel:	Genetische Charakterisierung österreichischer Rinderrassen
Projektleiter:	Institut für Nutztierwissenschaften, Universität für Bodenkultur Wien: Dr. Roswitha Baumung
Projektpartner:	Institut für Biologische Landwirtschaft und Biodiversität, HBLFA-Raumberg -Gumpenstein Dr. Franz Fischerleitner
Auftraggeber:	Österreichische Nationalvereinigung für Genreserven (ÖNGENE)

Verfasser des Berichts:
PD Dr. Dipl. Ing. Roswitha BAUMUNG
MSc. Supawadee MANATRINON
Dr. Franz FISCHERLEITNER
Dr. Ivica Medugorac
Bakk.rer.nat. Anna Preinerstorfer

Wien, im November 2008

Danksagung

An dieser Stelle soll all jenen herzlich gedankt werden, die durch Ihre finanzielle Unterstützung, die Bereitstellung von Probenmaterial bzw. von Genotypen die Durchführung dieses Projektes möglich gemacht haben:

- dem Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft,
- der Österreichischen Nationalvereinigung für Genreserven,
- dem Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft, Deutschland, das die Genotypisierung der Proben des Tiroler Grauviehs und der Murbodner Rinder finanzierte,
- der bayrischen Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Tierzucht, Deutschland,
- dem RESGEN Konsortium, das die Daten aller nicht Österreichischer Rinderrassen unentgeltlich bereitstellte,
- den zuständigen Rinderzucht-Verbänden:
 - Tiroler Grauviehverband, Herrn Ing. Otto Hausegger
 - NÖ Genetik Rinderzuchtverband Zwettl, Herrn Ing. Fleischhacker
 - Rinderzuchtverband Steiermark, Herrn Ing. Franz Pirker
 - Kärntner Rinderzuchtverband, Herrn Georg Moser
 - Vorarlberger Braunviehzuchtverband, Herrn Kuno Staudacher
 - Tiroler Rinderzuchtverband, Herrn Ing. Christian Moser
- Dr. Laszlo Radnoczi vom Central Agricultural Office in Budapest für die Bereitstellung der Proben des Ungarischen Steppenrindes,
- den Mitarbeitern der zuständigen Organisationen, denen teils zusätzliche Arbeit aufgebürdet wurde
- und allen, die in irgendeiner Weise zum Gelingen des Projektes beigetragen haben.

1	Hintergrund und Ziele des Projektes.....	1
2	Die Rassen	3
3	Material und Methoden	10
3.1	Untersuchte Teilpopulationen.....	10
3.2	Molekulargenetische Untersuchung	11
3.3	Statistische Auswertungsmethoden.....	12
3.3.1	Nullallelfrequenz und Hardy- Weinberg Gleichgewicht	13
3.3.2	Genetische Diversität und genetische Distanzen.....	13
3.3.3	Grafische Darstellung der genetischen Verwandtschaft	15
3.3.4	Populationsstruktur und Zuordnung von Einzeltieren.....	15
3.3.5	Genetischer Flaschenhals.....	16
4	Ergebnisse und Diskussion.....	18
4.1	Nullallele und Hardy Weinberg Gleichgewicht.....	18
4.2	Genetische Diversität und genetische Distanzen	18
4.2.1	Molekulargenetische Marker und genetische Diversität zwischen den Rassen	18
4.2.2	Genetische Variabilität innerhalb der Rassen	20
4.2.3	Genetische Struktur und Genfluss	22
4.2.4	Genetische Distanzen und genetische Verwandtschaft zwischen den Rassen	25
4.3	Populationsstruktur und Zuordnung von Einzeltieren	32
4.4	Genetischer Flaschenhals	36
5	Zusammenfassung und Schlussfolgerungen	37
6	Literaturverzeichnis.....	40
	Abbildungsverzeichnis.....	44
	Tabellenverzeichnis.....	45

1 Hintergrund und Ziele des Projektes

In Österreich existieren auch heute noch eine Reihe autochthoner Rinderrassen, die aufgrund ihrer Zuchtgeschichte mehr oder weniger stark verwandt sind. Mit Hilfe molekulargenetischer Untersuchungen kann der Frage der Rassendifferenzierung nachgegangen werden. Neben der Abgrenzung von einzelnen Rassen und Rassengruppen kann auch ermittelt werden, wie gut ein Einzeltier aufgrund molekulargenetischer Informationen einer bestimmten Rasse zugeordnet werden kann bzw. wie homogen die Populationen sind.

Im vorliegenden Projekt erfolgte erstmals die molekulargenetische Untersuchung basierend auf Mikrosatelliten Loci aller heimischen Rinderrassen. Durch die Verknüpfung der genetischen Daten mit Ergebnissen aus internationalen Projekten ist ein enormer Informationsgewinn für die gesamte europäische Rinderzucht gegeben. Die Bestimmung der genetischen Distanz österreichischer Rinderrassen zu denen aus anderen Ländern stellt die heimische Rinderzucht erstmals in einen europaweiten Vergleich. Die Überprüfung der Verwandtschaftsverhältnisse insbesondere zwischen eng verwandten Populationen gibt wichtige Informationen über durchgeführte Reinzuchtprogramme. Durch die Schaffung dieser zusätzlichen Datengrundlage können züchterische Empfehlungen für Erhaltungszuchtmaßnahmen gegeben werden.

Im durchgeführten Projekt wurden zunächst zwölf österreichische Rinderrassen (Kärntner Blondvieh, Ennstaler Bergschecken, Holstein Friesian, Murbodner Rind, Original Braunvieh, Original Pinzgauer, Pinzgauer, Pustertaler Sprinzen, Fleckvieh, Tux Zillertaler Rind, Tiroler Grauvieh und Waldviertler Blondvieh) untersucht, wobei besonderes Augenmerk auf die gefährdeten Rassen gelegt wurde. Zusätzlich wurden Vergleichsrassen herangezogen, um einen möglichen Einfluss auf die gefährdeten Rassen in jüngerer Zuchtgeschichte abzuklären. So wurden neben dem Original Braunvieh in Österreich auch Braunvieh aus Deutschland und der Schweiz und neben dem Original Pinzgauer auch das „moderne“ Pinzgauerrind untersucht. Der Bezug zur Österreichischen „Hauptrasse“, dem Fleckvieh wurde ebenso hergestellt. Eine objektive Beurteilung der genetischen Diversität einer Population kann nur anhand einer solchen Vergleichsstudie erfolgen. Dabei ist es wichtig Nachbarpopulationen und auch geografisch und genetisch entferntere Rassen als Anhaltspunkte festzusetzen.

Hierfür wurden die Daten mit Informationen aus anderen Projekten (EU RESGEN CT 98-118 Cattle Genetic Diversity Project und MuD Projekt 05BM015 der Ludwig-Maximilians Universität München) zur Untersuchung der genetischen Diversität von Rinderrassen zusammengeführt. Mit dieser Vorgangsweise wurde eine unnötige doppelte Typisierung gleicher Rassen vermieden. Um darüber hinaus ein Zusammenführen der Daten verschiedener Projekte zu ermöglichen und weitere Kosten für eine unnötige Mehrfachtypisierung einer Rasse zu vermeiden, wurde ein Markersatz gewählt, der den FAO-Empfehlungen entspricht und in allen oben genannten Diversitätsprojekten zum Einsatz kam. Weiters wurde die Typisierung eines Referenztieres (INRA2000) durchgeführt, sodass auch Ergebnisse unterschiedlicher Labors vergleichbar gemacht werden können.

Das wesentliche Ziel des Projektes war es, die Ähnlichkeiten der untersuchten Rinderrassen aufzuklären, Rassengruppen und Abgrenzungen zwischen phänotypisch schwer unterscheidbaren Rassen ausfindig zu machen. Diese Ergebnisse können in Zukunft im Rahmen der praktischen Erhaltungsarbeit Anwendung finden, um genetische Engpässe zu vermeiden oder zu entscheiden, welche Tiere einer anderen, eng verwandten Rasse zum Einsatz kommen können. Des Weiteren ist eine gute Zuordnung von Einzeltieren zu einer bestimmten Rasse gerade für sehr kleine, gefährdete Populationen, bei denen jedes Tier von großer Bedeutung für das weitere Bestehen der Rasse sein kann, wichtig. Die Ergebnisse dieser Arbeit liefern einen wichtigen Einblick in die jüngere Zuchtgeschichte der Rassen.

2 Die Rassen

Im Rahmen des Projektes wurden Daten von insgesamt 23 Rassen untersucht. In diesem Abschnitt erfolgt eine kurze Rassenbeschreibung der analysierten Populationen. Als Grundlage für die Beschreibungen wurden folgende Quellen verwendet: Broschüre der ÖNGENE (1992 und 2005) sowie die aktuelle Website, SAMBRAUS (1994) und die aktuellen Websites der Zuchtverbände und der zuständigen Organisationen.

Die **Ennstaler Bergschecken** sind aus dem bajuwarischen Weißkopfschecken entstanden. Im 18. Jahrhundert wurde die Rasse weitgehend von Rassen wie dem Murbodner, Pinzgauer oder dem Blondvieh verdrängt. Bekannt sind die Ennstaler Bergschecken als die frühreifste Alpenrasse. Bereits nach zwei Jahren in alpinen Höhenlagen können sie ihre volle Höhe entwickeln. Im Jahre 1986 gab es in drei Betrieben nur mehr wenige rassetypische Tiere (ÖNGENE, 2005). Der Gefährdungstatus wird weiterhin als kritisch eingestuft, da die Rasse in ihrer ursprünglichen genetischen Vielfalt nur noch in den Ansätzen existiert und nur rund 84 Zuchttiere in 25 Betrieben aufweist (<http://www.oengene.at/index.jsp?catId=33>).

Das **Murbodner Rind** ist auf das keltisch-illyrische Mischvieh und das graue Slowenenrind zurückzuführen. Im 18. Jahrhundert bildete das Mürztaler Rind, welches in das Murtal vordrang, die Grundlage für die Zucht. Es vermischte sich mit den Bergschecken und dem Blondvieh. Daraus entstand ein neuer, muskulöser Typ, der für Zug und Mastleistungen bestens geeignet war. Bereits im 19. Jahrhundert verdrängte das Murbodner Rind das Mürztaler Rind und wurde zur steirischen Landesrasse. Aufgrund fehlender Nachfrage an Zugochsen nach dem zweiten Weltkrieg kam es zur Wende in der Zucht und zur Verbesserung der Milchleistung wurde Gelbvieh eingekreuzt (<http://www.murbodner.at>). Zurzeit werden rund 2006 Zuchttiere in 406 Betrieben überwiegend in Mutterkuhhaltung gehalten. Durch die konsequente Befolgung des Anpaarungsprogramms hat diese hochgefährdete Rasse bereits sichtbare Verbesserungen in den populationsgenetischen Kenndaten erreicht (<http://www.oengene.at/index.jsp?catId=33>).

Das **Kärntner Blondvieh** und das **Waldviertler Blondvieh** waren im bzw. um das Alpengebiet bis um 1900 weit verbreitet, jedoch kam es im folgenden Jahrhundert zu einer drastischen Reduzierung der Bestandeszahlen während sich dagegen

Fleckvieh und Braunvieh stark durchsetzten. Heute werden Kärntner Blondvieh und Waldviertler Blondvieh offiziell als hoch gefährdet eingestuft (ÖNGENE, 2007).

Kärntner Blondvieh entstand vermutlich aus Kreuzungen von einfarbigen Slawischen Rindern mit dem roten Frankenvieh aus Deutschland, das Waldviertler Blondvieh hingegen stellt eine Komposition aus dem altillyrisch-keltischem Rind mit Ungarischem Steppenrind und Frankenvieh dar (ÖNGENE, 2007). Nach SAMBRAUS (1994) ist die Herkunft des Waldviertler Blondviehs jedoch umstritten, aber auch er führt an, dass Ungarische Steppenrinder an der Entstehung dieser Rasse beteiligt gewesen sein sollen. Darüber hinaus sollen noch bis 1880 regelmäßig Mürztaler und Mariahofer eingekreuzt worden sein. Damit kann eine enge Verwandtschaft zum Kärntner Blondvieh angenommen werden. Bevor das Kärntner Blondvieh ihren heutigen Namen erhielt war es als Mariahofer bzw. Lavanttaler bekannt war (SAMBRAUS, 1994). Der Bestand des Kärntner Blondviehs beläuft sich derzeit auf 647 Tiere in 131 Betrieben, der Bestand des Waldviertler Blondviehs liegt bei 632 Zuchttieren in 108 Betrieben (<http://www.oengene.at/index.jsp?catId=33>).

Das **Ungarische Steppenrind**, meinen BODO et al. (1996), findet seine engsten Verwandten unter den heute existierenden Rinderrassen bei den Maremmana bzw. dem einfarbigen Kroatischen Rind. Die österreichischen Rinderrassen werden von BODO et al. (1996) nicht als nahe Verwandte des Ungarischen Steppenrindes in Betracht gezogen.

Die **Braunviehrassen** entstanden aus verschiedenen, unifarbenen Schlägen im Alpengebiet der Schweiz, Westösterreichs und Norditaliens. Die Ahnen dieser Schläge waren die kleinen, grauschwarzen bis rostrot geschilderten Torfrinder, die bereits in der La-Tène Zeit gehalten wurden (ÖNGENE, 2005). Auswandernde Landbevölkerung hatte diese beliebte Rasse in alle Teile der Welt gebracht und besonders auf Milchleistung selektiert. Seit 1966 wurde das Original BV durch Einkreuzung mit Amerikanischem Brown Swiss fast völlig verdrängt. Man wollte das Braunvieh in Richtung Milchleistung und Euterform veredeln und verdrängte das heimische Braunvieh beinahe vollständig. Das Original Braunvieh wird heute in Österreich als mittelgroße Zweinutzungsrasse gezüchtet. Im Vergleich zum Brown Swiss ist es kleiner und leichter und daher insbesondere für Bergbauernregionen geeignet. Der Bestand des Original Braunviehs in Österreich steigt langsam, so gibt

es im Jahre 2007 rund 336 Zuchttiere auf 125 Betrieben, wobei 90 % der Betriebe in Tirol und Vorarlberg liegen (<http://www.tiroler-braunvieh.at/obv.html>).

Das **Pinzgauer Rind** hat sich aus den rotscheckigen Bajuwarenrindern und den einfärbigen (braunen, grauen oder semmelgelben) Slawenrindern entwickelt und war ursprünglich ein Dreinutzungs- (Fleisch, Milch und Arbeit). Eine Besonderheit sind die schwarz-weiß gefärbten Typen sowie die genetisch hornlosen „Jochberger Hummeln“. Bereits 1820 wurden die ersten Tiere dieser Rasse nach Osteuropa exportiert, und heute werden in 25 Staaten weltweit etwa eine Million Pinzgauer Rinder gehalten (<http://www.pinzgauer-cattle.com>). In Österreich liegt die Zahl der Pinzgauer Rinder zurzeit bei rund 42.200 Tieren (<http://www.pinzgauerrind.at/pages/zucht.php?PHPSESSID=2537b795ea3b0ad41b7eab6a572389c0>). Der Bestand an reinrassigen Tieren, hier als **Original Pinzgauer** bezeichnet, ist jedoch in den letzten hundert Jahren von ehemals 85.000 Tieren dramatisch zurückgegangen. Der Bestand an Original Pinzgauern in Österreich beläuft sich auf 4.833 Tiere (<http://www.oengene.at/index.jsp?catId=33>). Heute ist das Pinzgauer Rind ein auf Milch und Fleisch gezüchtetes Zweinutzungs- und zählt zu den europäischen Höhenviehassen. Die Population der Original Pinzgauer ist weiterhin rückläufig, daher müssen weitere Maßnahmen zur Erhaltung dieser Rasse getroffen werden.

Ursprungsgebiet der **Pustertaler Sprintzen** ist das gleichnamige Pustertal und die benachbarten Seitentäler. Durch die Einkreuzung von Eringern und Tuxern in die gelb- roten und rot- weißen Landschläge entstand diese Rasse. Die spezielle Zeichnung der Tiere an den Übergängen zwischen ungefärbten weißen Körperpartien und der Rot-, Braun-, Schwarzfärbung verlieh ihnen den Namen der Pustertaler Sprintzen. Nach dem Verbot der Rasse 1927 kam es zum drastischen Rückgang der Sprintzenpopulation (ÖNGENE, 2005). Mittlerweile gibt es in Österreich wieder 61 Züchter mit insgesamt 157 Tieren (<http://www.oengene.at/index.jsp?catId=33>).

Über die genaue Herkunft der **Tux-Zillertaler Rinder** ist relativ wenig bekannt. Es wird angenommen, dass sie von den Eringern aus dem Schweizer Kanton Wallis abstammen. Das Eringer Rind ist im Gegensatz zum Tux-Zillertaler einfarbig, in Typ und Form sind sich die beiden Rassen jedoch sehr ähnlich. Auch die Eigenschaften wie Kampflust, Widerstandsfähigkeit, Trittsicherheit, Winterhärte und Genügsamkeit lassen auf eine Verwandtschaft der Tux-Zillertaler mit den Eringern schließen. Ursprünglich gab es nur den Tuxerschlag, der schwarz gefärbt mit der typischen

Weißfärbung im Lenden- und Schwanzbereich war. Besonders beliebt war die sogenannte Feder (federartige Weißfärbung in der Kreuzgegend). Durch die Einkreuzung von rot gefärbten Rindern entstand der Zillertalerschlag. Die Zillertaler waren in Typ, Form und Aussehen dem Tuxerschlag sehr ähnlich, nur die rote Farbe ließ die beiden Schläge unterscheiden. Durch die Selektion auf gute Kampfeigenschaften wurde die Leistung bei den Tux-Zillertaler stark vernachlässigt, wodurch sie nicht mehr konkurrenzfähig mit anderen Rassen waren und die Zahl der Tux-Zillertaler stark zurückging. Mit der Gründung der Vereinigung der Tux-Zillertalerzüchter Tirols im Jahre 1986 war der Grundstein für die Erhaltung dieses Tiroler Kulturguts gelegt (<http://www.rinderzucht-tirol.at/rassen/tux-zillertaler/beschreibung.html>). Durch die Einhaltung eines kontrollierten Generhaltungsprogramms konnte die Zahl der Rinder wieder auf 679 Tiere in 191 Betrieben erhöht werden (<http://www.oengene.at/index.jsp?catId=33>).

Beim **Tiroler Grauvieh** handelt sich es um eine sehr alte autochthone Rinderrasse Österreichs. Durch archäologische Funde wird bereits tausende Jahre vor Christus auf die Besiedlung des Tiroler Oberlandes durch vorderasiatische Völker geschlossen, die einfarbige Kurzhornrinder besaßen. Zur Zeit der Völkerwanderung durchmischte sich das heimische bodenständige ligurisch-keltische Rind mit dem Vieh der sich ansiedelnden Alemannen. Aus dieser Kreuzung entwickelten sich im Laufe vieler Jahrhunderte verschiedenste Landschläge (die Lechtaler, die Wipptaler, die Oberinntaler). Mit Ende des 19. Jahrhunderts trennten sich die Schläge in die Rassen Braunvieh und Grauvieh auf (ÖNGENE, 2005). Das Tiroler Grauvieh ist eine sehr bodenständige Rasse und wird heute als ein mittelrahmiges Zweinutzungs- und Milchschaffrind gezüchtet (<http://www.tiroler-grauvieh.at/rassenbeschreibung.html>). Diese Rasse weist noch einen ausreichenden Populationsumfang für eine gezielte Zuchtarbeit mit Leistungskontrolle auf. Allerdings sind die Bestandeszahlen stagnierend bzw. leicht rückläufig, daher gilt diese Rasse als gefährdet. Der derzeitige Tierbestand beträgt 4.003 Zuchttiere in 1.112 Betrieben (<http://www.oengene.at/index.jsp?catId=33>).

Die Urheimat des **Fleckviehs** ist vermutlich das Berner Oberland (Simmental). Das Simmentaler Fleckvieh ist aus verschiedenen lokalen Schlägen entstanden. Bereits im Mittelalter waren die großwüchsigen, gescheckten Rinder bekannt. Im 18. Jahrhundert wurden sie wiederholt in deutsche Rassen eingekreuzt. Nach Österreich kamen die ersten Simmentaler im Jahre 1830 (SAMBRAUS, 1994). Die Fleckviehzucht hat eine über 150-jährige Tradition. Fleckviehtiere sind weltweit

verbreitet und sie werden sowohl zur spezialisierten Milchproduktion als auch in der Mutterkuhhaltung mit Erfolg eingesetzt. In Europa ist die Rasse Fleckvieh weit verbreitet. In den 18 Mitgliedstaaten der EVF (Europäischen Vereinigung Fleckviehzüchter) werden rund 10 Millionen Tiere in Doppelnutzung gehalten (http://www.fleckvieh.at/index_n1.php?ist_menuentnr=343&search=Stichwort).

Sowohl in der Reinzucht als auch in Kreuzungen mit anderen Rassen ist Fleckvieh vor allem unter dem Namen „Simmental“ eine in allen Erdteilen der Welt erfolgreiche Rasse. Das Fleckvieh ist eine klassische Zweinutzungsrasse mit gleicher Betonung von Milch- und Fleischleistung.

Bei der Rinderrasse **Holstein** handelt es sich um eine der weltweit bedeutendsten Milchviehassen. Sie stellt gemeinhin das Synonym für die leistungsstarke Milchkuh dar. In Deutschland ist sie die am häufigsten eingesetzte Rasse in der Milchproduktion. Mit mehr als 1,6 Millionen eingetragenen Zuchttieren besitzt Deutschland gleichzeitig die weltweit größte Zuchtpopulation. Es wird in der Farbrichtung schwarz-weiß (Holstein-Friesian, HF) und rot-weiß (Red Holstein) gezüchtet. Die Ursprünge dieser Rasse liegen in Nordamerika, als deutsche Auswanderer im 17. Jahrhundert ihre friesischen und holsteinischen Landschläge mit in die neue Heimat nahmen. In den USA und Kanada wurde aus den importierten Tieren eine Rasse mit sehr hoher Milchleistung gezüchtet (SAMBRAUS, 1994). Erst über den Umweg Kanada und USA gelangte das nun Holstein-Friesian (HF) genannte Rind wieder nach Deutschland, wo das erste Herdbuch 1876 gegründet wurde (<http://www.holstein-dhv.de/geschichte.html>).

In seinem Ursprung ist das heutige **deutsche Gelbvieh** oder auch Frankenvieh genannt auf einen roten bis rotbraun gefärbten keltisch-germanischen Landschlag zurückzuführen. Ab dem Jahre 1860 wurde begonnen Simmentaler aus der Schweiz zu importieren und einzukreuzen, wodurch sich die Frühreife und Wüchsigkeit verbesserte. Das gelbe Frankenvieh wurde bis zum Ende des zweiten Weltkrieges als Dreinutzungs- und Milchleistungsrind gehalten. Durch die steigende Mechanisierung in der Landwirtschaft waren Zugtiere immer weniger gefragt. Steigende Milchpreise erforderten nun eine Verbesserung der Milchleistung. Im aktuellen Zuchtziel des Frankenviehs wird die Milch- und Fleischleistung gleichmäßig betont. Das Gelbvieh selbst wurde teilweise in den Rinderrassen Kärntner Blondvieh, Murbodner und Glanvieh verwendet. Diese Rasse ist derzeit nicht akut vom Aussterben bedroht, jedoch ist der stark rückläufige Gesamtbestand besorgniserregend (<http://www.g-e->

h.de/geh-rind/gelb.htm).

Die **Eringer** sollen bereits mit den Römern in das Gebiet des Wallis gekommen sein. Erst 1844 wurde ein einheitlicher Rassestandard eingeführt und die Zucht auf Einfarbigkeit führte zur Abspaltung des Evolèner Viehs. Im Laufe der Jahre bildete das Eringer Rind die Grundlage für viele andere Rinderrassen im Alpenraum. Das Eringervieh ist hauptsächlich in den französischsprachigen Seitentälern des Wallis verbreitet (SAMBRAUS, 1994). Neben der wirtschaftlichen Bedeutung kommt dieser Rasse eine besondere kulturelle Rolle durch die traditionellen Kuhkämpfe zu. Deshalb gilt das Eringer Rind auch heute noch als Dreinutzungsrasse (SAMBRAUS, 1994).

Im Jahre 1859 wurde die **Evolèner** Rasse zum ersten Mal explizit in einem Bericht des Walliser Staatsrates erwähnt. Sie wurde damals noch der Eringer Rasse gleichgestellt. Die Evolèner Züchter widersetzten sich der Selektion auf Einfarbigkeit, die 1885 eingeleitet wurde und so trennten sich die Wege der beiden Rassen. Nur ein kleiner Bestand der gescheckten, leichten und milchbetonten Evolèner konnte sich in Seitentälern der Rhône halten. Fallweise kommen in der Eringerpopulation gescheckte Rinder vor, die nicht von Evolèner unterschieden werden können (SAMBRAUS, 1994).

Vor rund 30 Jahren entdeckte der französische Staat das **Aubrac Rind** in den Bergen von Aubrac, südlich des Zentralmassivs wieder und unterstützte den Wiederaufbau dieser Rasse. Aufgrund der seit vielen Jahren durchgeführten Selektion unter extensiven Haltungsbedingungen entwickelte sich eine robuste Rasse. Somit ist diese Rasse besonders für die Mutterkuhhaltung geeignet. In Frankreich werden bis zu 60 % der Kühe von Charolais Stiere bedeckt, da sich die Kühe besonders für die Kreuzung mit schweren Fleischrinderrassen eignen (<http://www.race-aubrac.com/d/race/caracteristiques.php>).

Die Rasse **Montbeliard** ist nach der gleichnamigen Region in Frankreich benannt. Es handelt sich um eine mittel- bis großrahmige Zweinutzungsrasse mit stärkerer Betonung der Milchleistung. Die Rasse entstand aus der Kreuzung von Landrassen der Franche-Comté mit Berner Simmentalern zu Beginn des 18. Jahrhunderts. Dadurch ist auch die Ähnlichkeit mit dem Fleckvieh erklärbar. Nachdem die Rasse Montbeliard im Jahre 1872 erstmals erwähnt wurde, erfolgte im Jahre 1889 die offizielle Anerkennung mit der Eröffnung eines Herdenbuchs (<http://www.montbeliarde.org/historique-de.php>). Heute wird das Montbeliard Rind in

Frankreich reingezüchtet, in Österreich findet eine starke Einkreuzung mit dem Fleckvieh statt. Daher gilt diese Rasse in Österreich als eine Äquirasse des Fleckviehs, d.h. der eingekreuzte Genanteil wird registriert, jedoch werden diese Rassen als eine einheitliche behandelt. (FÜRST, 2008)

3 Material und Methoden

3.1 Untersuchte Teilpopulationen

Insgesamt wurden Blutproben für 23 Rassen für die Analyse gesammelt. Darunter zwölf Rassen aus Österreich, fünf Rassen aus Deutschland, drei Rassen aus der Schweiz, zwei Rassen aus Frankreich und eine Rasse aus Ungarn.

Die Probenentnahme erfolgte für alle österreichischen Rassen mit Ausnahme des Tiroler Grauviehs durch Mitarbeiter des Instituts für biologische Landwirtschaft und Biodiversität landwirtschaftlicher Nutztiere. Die Proben des Tiroler Grauviehs wurden vom zuständigen Zuchtverband, dem Tiroler Grauviehverband, gesammelt und zur Verfügung gestellt. Für das Kärntner Blondvieh und das Waldviertler Blondvieh standen bereits aus einem vorangegangenen Projekt zur genetischen Differenzierung vom Blondvieh Daten bereit. Die Daten für das Ungarische Steppenrind stellte für das Projekt Dr. Laszlo Radnoczi (Central Agricultural Office, Budapest) zur Vergleichstudie bereit. Die Informationen aller anderen Rassen außerhalb Österreichs waren durch das EU- Projekt RESGEN vorhanden und könnten dankenswerterweise für dieses Projekt verwendet werden.

Tabelle 1 zeigt die einbezogenen Rassen, die Länder der Probenentnahme, die im Bericht verwendeten Abkürzungen und die Anzahl der untersuchten Tiere pro Rasse. Für jedes Tier wurden 30 Mikrosatelliten Marker, empfohlen für Diversitätsstudien von der FAO (<http://www.projects.roslin.ac.uk/cdiv/markers.html>), untersucht.

Tabelle 1: Rassen aus den teilnehmenden Ländern, Abkürzungen der Rassebezeichnung, Anzahl der Tiere pro Rasse

Länder	Rassen	Abkürzung	Anzahl untersuchter Tiere
Österreich	Kärntner Blondvieh	CBA	60
	Ennstaler Bergschecken	EBA	41
	Holstein Friesian	HFA	40
	Murbodner Rind	MUA	48
	Original Braunvieh	OBA	43
	Original Pinzgauer	OPA	40
	Pinzgauer	PIA	26
	Pustertaler Sprintzen	PUA	44
	Fleckvieh	FVA	40
	Tux-Zillertaler Rind	TXA	34
	Tiroler Grauvieh	TGA	48
Waldviertler Blondvieh	WBA	60	
Deutschland	Bayrisches Braunvieh	BBG	50
	Original Braunvieh	OBG	25
	Deutsches Gelbvieh	GYG	50
	Holstein Friesian	HFG	50
	Fleckvieh	FVG	50
Schweiz	Eringer	ERS	50
	Evolèner	EVS	15
	Braunvieh (Brown Swiss)	OBS	50
Frankreich	Aubrac	AUF	50
	Montebliard	MOF	30
Ungarn	Ungarisches Steppenrind	HGH	60

3.2 Molekulargenetische Untersuchung

Molekulargenetischen Verfahren ermöglichen eine Beschreibung der genetischen Diversität bzw. eine Abgrenzung von Teilpopulationen innerhalb einer Gruppe verschiedener Rassen auf Ebene der Basensequenz der Erbsubstanz über

molekulargenetische Marker. In der Populationsbiologie werden sogenannte Mikrosatelliten Marker herangezogen. Dabei handelt es sich um kurze DNA-Segmente definierter chromosomaler Lokalisation, bei denen sich ein spezifisches Motiv von ein bis sechs Basen bis zu 60mal wiederholt (KARP et al., 1996). Der Allelzustand heterozygoter Tiere kann identifiziert werden, da Mikrosatelliten Marker kodominant sind. Dieses Markersystem weist einen hohen Polymorphiegrad auf, d.h. es können mehrere Allelvarianten beobachtet werden (BASEDOW, 1998). Diese hohe Variabilität kann unter Verwendung der Polymerase-Chain-Reaction und automatischer Verfahren relativ schnell dargestellt werden. Mikrosatelliten Marker sind besonders gleichmäßig und in hoher Dichte über das Genom verteilt. Aufgrund dieser positiven Eigenschaften wurde von der FAO (1998) ein Set an Mikrosatelliten Loci definiert, die für Untersuchungen zur genetischen Diversität herangezogen werden sollen.

Für dieses Projekt wurden die molekulargenetischen Untersuchungen der österreichischen Rinderrassen und des Ungarische Steppenrindes am Dr. Van Haeringen Laboratorium (<http://www.vhlgenetics.com/vhl/index.html>) durchgeführt und durch die für dieses Projekt vorgesehenen Fördermittel finanziert. Die Genotypisierung der Proben des Murbodner Rindes und des Tiroler Grauviehs erfolgte an der Ludwig-Maximilian Universität (LMU) München und wurde vom deutsche Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL) finanziert. Alle weiteren Rassen wurden im Rahmen des RESGEN-Projektes genotypisiert, finanziert durch die EU. Die Analyse der 30 Mikrosatelliten Marker aus der FAO-Liste ermöglichten eine korrekte Differenzierung und Zuordnung von Einzeltieren zu alternativen Populationen und die Verknüpfung mit Datensätzen aus vorangegangenen und ähnlichen Projekten.

3.3 Statistische Auswertungsmethoden

Die statistischen Auswertungen der Daten erfolgte an der Universität für Bodenkultur Wien am Institut für Nutztierwissenschaften. Die statistischen Analysen gliedern sich in die Beurteilung der Markerloci Qualität und der darauf aufbauenden Auswahl der Loci für weitere Berechnungen, die Schätzung genetischer Distanzen zwischen den Rassen und der korrekten Einzeltier Zuordnung, sowie der Aufdeckung der Populationsstruktur.

3.3.1 Nullallelfrequenz und Hardy-Weinberg Gleichgewicht

Als Nullallele werden Allele bezeichnet, die sich nicht mittels PCR (polymerase chain reaction) amplifizieren lassen und folglich nicht als unterschiedliches „Allel“ erkannt werden. Derartige Allele können somit ein Hauptgrund für das Vorliegen eines Heterozygotendefizits sein (CHAKRABORTY et al., 1992), heterozygote Genotypen werden fälschlicherweise für homozygot gehalten und führen zu verfälschten Schätzwerten in weiteren Analysen. Nullallelfrequenzen für alle Loci wurden basierend auf dem EM Algorithmus (DEMPSTER et al., 1977) mit dem Softwarepaket FREENA (<http://www.montpellier.inra.fr/URLB/>) unter Verwendung von 10.000 Wiederholungen geschätzt.

Mit der Software GENEPOP v3.4 (<http://genepop.curtin.edu.au/>; RAYMOND und ROUSSET, 1995) wurde jede Population auf Vorliegen von Hardy-Weinberg Gleichgewichtsbedingungen getestet. Zur Korrektur auf ein multiples Test-Niveau wurde eine sequentielle Bonferroni Korrektur ($\alpha = 0.05$) durchgeführt (HOLM, 1979). Dieser Schritt ist notwendig, da signifikante Abweichungen vom Hardy-Weinberg Gleichgewicht zu verzerrten Schätzwerten für diverse Distanzmaße führen.

3.3.2 Genetische Diversität und genetische Distanzen

Beobachtete und erwartete Heterozygotie über die Populationen hinweg wurde mit Hilfe des Software-Paketes GENETIX v4.05 (<http://www.genetix.univ-montp2.fr/genetix/intro.htm>) berechnet und mit einem paarweisen *t*-Test (SAS 9.1.1 für Windows) auf signifikante Unterschiede zwischen den Populationen bzw. Loci getestet. Zusätzlich wurde die durchschnittliche Anzahl von Allelen über Loci hinweg mit EXEL MICROSATELLITE TOOLKIT (S.D.E.Park, <http://animalgenomics.ucd.ie/sdepark/ms-toolkit/>) ermittelt. Die Schätzung der Frequenz privater Allele erfolgte über das Programm CONVERT (<http://www.agriculture.purdue.edu/fnr/html/faculty/Rhodes/Students%20and%20Staff/glaubitz/software.htm>).

Als Kennzahlen zur Abschätzung der genetischen Differenzierung in strukturierten Populationen, wurden die Fixationsindices F_{is} , F_{it} und F_{st} berechnet. Diese auch als F-Statistik bekannten Kennzahlen wurden ursprünglich von WRIGHT (1951, 1965)

eingeführt und von einer Reihe von Wissenschaftlern (z.B. WEIR und COCKERHAM, 1984) weiterentwickelt. NEI (1987) konnte zeigen, dass diese Fixationsindices in direkter Beziehung mit Maßen für die Heterozygotie, die genetische Diversität der Gesamtpopulation, innerhalb von Subpopulationen sowie zwischen Subpopulationen beschreiben, stehen. Die drei Kennzahlen F_{is} , F_{it} und F_{st} können auch als Inzuchtkoeffizienten interpretiert werden, wobei F_{is} den Verlust an Heterozygoten aufgrund nicht zufälliger Paarung beschreibt. F_{is} und F_{it} können auch als Maß für eine Abweichung vom HWG innerhalb der Subpopulation bzw. der Gesamtpopulation herangezogen werden. Nach HEDRICK (2000) weisen positive Werte auf ein Heterozygotendefizit und negative auf einen Heterozygotenexzess hin. Der F_{st} Wert wird, ähnlich wie genetische Distanzmaße, als Maß für die genetische Differenzierung zwischen Subpopulationen verwendet. Er kann Werte zwischen 0 (keine Differenzierung zwischen Subpopulationen) und 1 (unterschiedliche Allele in Subpopulationen fixiert) annehmen. Die so genannten Fixationsindices (F_{IS} , F_{IT} und F_{ST}) wurden mit dem Programm POPGEN v1.32 (<http://www.ualberta.ca/~fyeh/download.htm>) errechnet. Basierend auf den F_{ST} Werten wurde die effektive Anzahl von Migranten pro Generation (Nm) mit einer von Wright (1969) vorgeschlagenen Methode mit dem Programmpaket GENETIX v4.05 folgendermaßen berechnet: $Nm = (1-F_{ST})/4 * F_{ST}$.

Distanz Matrizen wurden mit Hilfe von POPULATION v1.2.30beta2 (Olivier Langella; <http://ftp.bioinformatics.org/pub/populations/>) berechnet. Eine Population bzw. eine Rasse kann nach der klassischen Populationsgenetik- Theorie über die Frequenz der segregierenden Allele definiert werden. Eine Reihe von genetischen Distanzmaßen basiert auf diesen Allelfrequenzen. In der vorliegenden Studie wurden die von EDING und LAVAL (1999) empfohlenen Distanzmaße, die sich für Populationen mit einer kurzer bis mittleren Divergenzzeit eignen, verwendet: NEI et al.'s D_A (1983), Chord distance von CAVALLI-SFORZA (1967) und Reynolds distance (REYNOLDS, 1983). Die Distanzmaße von Cavalli-Sforza und Nei sind nicht linear zur Divergenzzeit einer Population, daher wird bei der Verwendung von Mikrosatelliten ein besseres Ergebnis in der Topographie der phylogenetischen- Distanzbäume erreicht.

3.3.3 Grafische Darstellung der genetischen Verwandtschaft

Die genetische Distanz ist ein objektives Maß der genetischen Diversität zwischen Rassen und Populationen. Um diese Diversität grafisch darzustellen gibt es mehrere, unterschiedliche Methoden. Die UPGMA Methode (Unweighted Pair Group Method Average), von SOKAL und SNEATH (1963) entwickelt, ist neben der NJ-Methode (Neighbor Joining) von SAITOU und NEI (1987) die am weitesten verbreitete Darstellungsmethode. Die UPMGA Methode eignet sich besonders für Datenmaterial mit einheitlicher Evolutionsrate aller Populationen (NEI, 1987). Die NJ- Methode ist flexibel im Bezug auf Variationen in der Evolutionsrate. Die Robustheit des UPGMA Baumes wurde mittels 10 000 „bootstraps“ über Loci eruiert. (Die UPGMA Darstellungsform wurde in diesem Projekt verwendet. Die Ergebnisse werden hier nicht dargestellt, da beim Auftreten von Bootstraps-Werten unter 50 keine aussagekräftige Interpretation erfolgen kann).

Weiters wurde hier für die grafische Darstellung der genetischen Distanzen das Programm SPLITS TREE4 (HUSON und BRYANT, 2006) verwendet, dabei entstehen sogenannte Split-Tree-Netzwerke. Diese phylogenetischen Netzwerke verdeutlichen die unterschiedliche Evolutionsgeschwindigkeit durch die unterschiedliche Zweiglänge jeder einzelnen Population.

Die PCA (Principle Component Analysis) basierend auf der genetischen Distanz nach NEI et al.'s D_A (1983) wurde mit dem Programmpaket SAS (2003) durchgeführt.

3.3.4 Populationsstruktur und Zuordnung von Einzeltieren

Die Software STRUCTURE v2.2 (PRITCHARD et al., 2000, http://pritch.bsd.uchicago.edu/software/structure2_2.html) fand Anwendung, um die Anzahl möglicher Subpopulationen (K) denen die 1.004 Individuen zugeordnet werden können, zu ermitteln. Das grundlegende Ziel ist, festzustellen wievielen Subpopulationen die 1.004 Tiere am wahrscheinlichsten zugeordnet werden können und inwieweit die 23 „Rassen“ durch diese gefundenen Strukturen widergespiegelt werden.

Um Populationsstrukturen aufzudecken, wurden die 1.004 Individuen basierend auf Genotypwahrscheinlichkeiten Subpopulationen zugeordnet. Zu diesem Zweck wurde ein Bayes-Ansatz gewählt. Hierbei wurde ein „admixture“ Model mit korrelierten

Allelfrequenzen und keine Vorinformation über individuelle Gruppenzugehörigkeit unterstellt. Jeweils zehn unabhängige Durchläufe für eine vordefinierte Anzahl an Subpopulationen K mit $K = 2-23$ mit 100.000 Markov chain Monte Carlo (MCMC) Iterationen und einer „burn-in“ Periode von 100.000 wurden durchgeführt. Als Kennzahl zur Entscheidung welche Struktur am wahrscheinlichsten ist wird der natürliche Logarithmus der Wahrscheinlichkeit für eine beobachtete genetische Komposition (G) ermittelt, wenn eine bestimmte vorgegebene Zahl an Subpopulationen (K) gegeben ist: $\ln \Pr(G|K)$.

Weiters wurde die individuelle Zuordnung der Rinder zu den vordefinierten Rassen mit dem Programmpaket WHICHRUN (BANKS UND EICHERT, 2000) ermittelt. Im Unterschied zum vorher genannten Programm werden hier die Substrukturen (Rassen) nicht gesucht, sondern vorgegeben. Dieses Programm errechnet anhand von Multi- Locus Genotypen eine Wahrscheinlichkeit für die Zugehörigkeit jedes Individuums zu einer Gruppe. So können falsch zugeordnete Tiere gefunden werden.

3.3.5 Genetischer Flaschenhals

Mit Hilfe der Software BOTTLENECK v1.2.02 (<http://www.montpellier.inra.fr/URLB/bottleneck/bottleneck.html>) wurde untersucht, ob es in der jüngeren Vergangenheit der drei Rassen eventuell zu genetischen Engpässen („bottlenecks“, genetischer Flaschenhals) gekommen ist. Unter einem Flaschenhals versteht man in der Populationsgenetik die genetische Verarmung einer Population bzw. Rasse, die durch Schrumpfen dieser Population auf wenige Individuen hervorgerufen wird. Somit spielen genetische Flaschenhälse gerade für die Erhaltung hochgefährdeter Rassen, die Definitionsgemäß nur geringe Individuenzahlen aufweisen, eine bedeutende Rolle. Verschiedene Methoden kamen hier zur Anwendung. Die erste Methode beruht auf der Suche nach einem Exzess an Heterozygoten und wurde von CORNUET und LUIKART (1996) beschrieben. Hier wird die Tatsache ausgenutzt, dass genetische Diversität rascher reduziert wird als der Grad der Heterozygotie, wenn eine Population durch einen genetischen Flaschenhals geht, da seltene Allele zwar rasch verloren gehen, dies aber kaum Einfluss auf die Heterozygotie hat. Dadurch entsteht ein relativer Überhang an heterozygoten Genotypen verglichen zu den erwarteten Werten in einer Population in

Mutations-Drift Equilibrium, d.h. wo der Verlust an Allelen durch Zufallsdrift durch Neuentstehung von Allelen aufgrund von Mutationen ausgeglichen ist. Zur Beurteilung dieser Diskrepanz zwischen Heterozygotie und Allelzahl können verschiedene statistische Tests herangezogen werden. Hier wurden der „Standardized differences test“ und ein Vorzeichenrangtest nach Wilcoxon verwendet. LUIKART et al. (1998) schlagen weiters eine graphische Methode vor, die hier ebenfalls eingesetzt wurde. Diese Methode basiert auf folgender Idee: In einer Population mit konstanter Größe kann man davon ausgehen, dass es viele seltene Allele gibt. Geht eine Population aber durch einen genetischen Flaschenhals werden gerade solche seltenen Allele verloren gehen. Über ein Histogramm der relativen Anzahl an Allelen für verschiedene Frequenzklassen (häufige bis seltene Allele) kann daher ein Defizit an seltenen Allelen bzw. eine Verschiebung des Modalwertes visualisiert werden. Zur Ermittlung der erwarteten Verteilung bzw. Heterozygotie unter Mutations-Drift Equilibrium wurden 10.000 Wiederholungen simuliert. Da die Beziehung zwischen Heterozygotie und Anzahl an Allelen vom Mutationsprozess abhängt, wurden zwei unterschiedliche Mutationsmodelle, die für Microsatelliten Loci realistisch erscheinen, unterstellt: zum einen ein Single-Step-Mutation-Model (SMM) zum anderen ein Zwei-Phasen-Mutations-Model (TPM). Für das TPM wurden zu 95% Single-Step Mutationen und zu 5% Multi-Step Mutationen gemäß den Empfehlungen von PIRY et al. (1999) angenommen.

4 Ergebnisse und Diskussion

4.1 Nullallele und Hardy Weinberg Gleichgewicht

Die Schätzung der Nullallelfrequenzen führte zum Ausschluss von vier Loci (HAUT27, INRA37, INRA35, TGLA53) für die weiteren Berechnungen, da eine Nullallelfrequenz von über 10% in mehreren Rassen festgestellt wurde. Alle weiteren Berechnungen basieren somit auf der Information von 26 Mikrosatelliten Loci. Für sechs Loci wurde ein signifikantes Heterozygotendefizit ($P < 0,01$) gefunden, für zwei weitere Loci konnte ein Heterozygotenüberschuss ($P < 0,05$) festgestellt werden. Als Maß für die Abweichung vom HWG sind die F_{IS} Werte nach WEIR & COCKERHAM (1984) angeführt. Als Ursache für das Abweichen können Nullallele angenommen werden, wenn die Anzahl der betroffenen Loci nur gering ist. Nach der Durchführung der sequentiellen Bonferroni Korrektur konnten keine Abweichungen vom HWG beobachtet werden.

4.2 Genetische Diversität und genetische Distanzen

4.2.1 Molekulargenetische Marker und genetische Diversität zwischen den Rassen

An den 26 verwendeten Loci wurden insgesamt 298 Allele beobachtet. In Tabelle 2 werden die Informationen der genetischen Diversität, berechnet für alle untersuchten Rassen, gegenübergestellt. Für phylogenetische Studien sollten möglichst informationsreiche Marker gewählt werden, die hier verwendeten 26 Loci waren in allen Rassen polymorph. Die Zahl der Allele pro Locus variierte von 4 (INRA5) bis 24 (TGLA122). Im Durchschnitt weisen die hier verwendeten Marker 11,46 ($\pm 3,93$) Allele pro Locus auf. Die höchste Anzahl privater Allele wurde an ETH185 und TGLA126 mit fünf privaten Allelen gefunden. An acht Loci konnten keine privaten Allele festgestellt werden. Die durchschnittliche erwartete Heterozygotie über alle Loci beträgt 0,72 (0,41-0,87), die beobachtete Heterozygotie wies einen Durchschnittswert von 0,67 (0,39-0,80) auf. Die erwartete und beobachtete Heterozygotie weisen in allen Loci einen Wert höher als 0,50 auf, außer die Loci ILS5

und HEL13. Es konnte kein signifikanter Unterschied zwischen H_e und H_o festgestellt werden ($P > 0,01$). Ein exakter Test für Populationsdifferenzierung basierend auf Allelfrequenzen bestätigte signifikante Unterschiede zwischen allen untersuchten Rassen ($P < 0,001$). Die F_{ST} Werte (0,0925) zeigen, dass rund 9% der gesamten genetischen Variation durch Rassenunterschiede und die verbleibenden 91% durch die Verschiedenheit der Individuen erklärt werden können. MANATRINON et al. (2008) fanden eine etwas geringere Differenzierung ($F_{ST} = 0,063$) zwischen österreichischen Blondviehrassen. SIMIANER (2002) fand ähnliche Ergebnisse in 13 Rotviehpopulationen. Bei engverwandten Rassen können solche Ergebnisse erwartet werden, dennoch ist eine eindeutige Abgrenzung der Populationen nach SIMIANER (2002) möglich. In einer Studie von RENDO et al. (2004) wurden anhand von 11 Mikrosatelliten Markern eine geringe genetische Distanz zwischen vier spanischen Rinderrassen ($F_{ST} = 0,04$) gefunden. MAUDET et al. (2002) entdeckte eine mittlere Distanz ($F_{ST} = 0,08$) zwischen den Populationen von sieben französischen Rassen basierend auf der Information von 23 Mikrosatelliten Marker. Unter drei italienischen Rinderrassen konnte ein F_{ST} Wert von 0,06 beschrieben werden (MOIOLI et al., 2004). Tabelle 2 enthält Informationen zu der Anzahl der Allele pro Locus, der Anzahl der privaten Allele, der erwarteten Heterozygotie und der beobachteten Heterozygotie, den Fixationsindices und der effektiven Migrationsrate.

Tabelle 2: Anzahl der Allele pro Locus, Anzahl privater Allele pro Locus, erwartete Heterozygotie (H_e), beobachtete Heterozygotie (H_o), Fixationsindices (F_{IS} , F_{IT} , F_{ST}) nach WEIR & COCKERHAM (1984), effektive Migrationsrate (N_m) für 26 Mikrosatelliten Loci

Loci	Anzahl Allele	Private Allele	H_e	H_o	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}	N_m
BM1818	11	2	0,6916	0,6178	0,0138	0,1060	0,0935	2,42
BM1824	7	-	0,7660	0,7159	-0,0467	0,0576	0,0997	2,26
BM2113	10	-	0,8514	0,7592	0,0065	0,0983	0,0924	2,46
CSRM60	11	3	0,7364	0,7049	-0,0503	0,0437	0,0895	2,54
CSSM66	14	2	0,7775	0,7348	-0,0318	0,0568	0,0859	2,66
ETH10	9	-	0,6851	0,5739	-0,0086	0,1558	0,1630	1,28
ETH152	10	1	0,7201	0,6650	0,0009	0,0725	0,0716	3,24
ETH185	17	5	0,7708	0,7183	-0,0279	0,0561	0,0817	2,81
ETH225	10	1	0,7604	0,7607	-0,0207	0,0492	0,0685	3,40
ETH3	12	1	0,6952	0,6727	-0,0398	0,0264	0,0637	3,67
HAUT24	12	2	0,8002	0,7134	0,0161	0,1140	0,0996	2,26
HEL1	9	1	0,7073	0,6440	-0,0094	0,0848	0,0933	2,43
HEL5	11	-	0,7698	0,6977	-0,0400	0,0775	0,1129	1,96
HEL9	14	1	0,7443	0,7447	0,0110	0,0913	0,0812	2,83
HEL13	9	3	0,5832	0,4922	0,0578	0,1671	0,1160	1,91
ILSTS5	7	3	0,4076	0,3916	-0,0768	0,0449	0,1130	1,96
ILSTS6	11	1	0,7476	0,6730	0,0134	0,0969	0,0846	2,71
INRA5	4	-	0,6683	0,6224	-0,0429	0,0620	0,1006	2,23
INRA23	13	2	0,8064	0,7263	-0,0127	0,1103	0,1214	1,81
INRA32	12	4	0,6738	0,6192	-0,0179	0,0738	0,0901	2,52
INRA63	10	1	0,6352	0,6030	-0,0282	0,0424	0,0686	3,39
MM12	13	-	0,7778	0,7347	-0,0227	0,0519	0,0729	3,18
SPS115	7	-	0,6423	0,6082	-0,0056	0,0560	0,0612	3,84
TGLA122	24	3	0,7946	0,7098	-0,0007	0,1114	0,1121	1,98
TGLA126	17	5	0,7269	0,7206	-0,1063	0,0154	0,1100	2,02
TGLA227	14	-	0,8654	0,7952	0,0215	0,0890	0,0689	3,38
Gesamt	298	41	0,7233	0,6656	-0,0162	0,0778	0,0925	2,45

4.2.2 Genetische Variabilität innerhalb der Rassen

Die Werte für die erwartete und beobachtete Heterozygotie innerhalb der Rassen liegen in einem Bereich von 0,61 (EBA) bis 0,70 (HFG) für die erwartete Heterozygotie, die Werte für beobachtete Heterozygotie in einem ähnlichen Bereich

zwischen 0,62 (AUF) und 0,71 (MUA). In den Rassen AUF, PUA, EBA, MUA und WBA wurde ein signifikanter Unterschied zwischen erwarteter und beobachteter Heterozygotie gefunden. Die höchste Anzahl Allele pro Locus wurde beim HFG (6,81) und die geringste Anzahl Allele pro Locus beim EVS (4,50) entdeckt. Insgesamt weisen alle Rassen 40 private Allele auf, davon zwei private Allele (MUA, HGH) mit einer Frequenz höher als 0,1%. Die Rasse HGH besitzt mit sechs privaten Allelen die höchste Anzahl, dies kann durch die vermutlich größte Distanz zu allen anderen untersuchten Rassen erklärt werden. Bei zehn Rassen konnten keine privaten Allele festgestellt werden, eine mögliche engere Verwandtschaft kann daraus abgeleitet werden. Aus Tabelle 3 sind die Werte für erwartete und beobachtete Heterozygotie, die durchschnittliche Anzahl der Allele pro Rasse und die Anzahl der privaten Allele und die mit einer Frequenz höher als 0,1% ersichtlich.

Tabelle 3: Erwartet Heterozygotie (H_E), beobachtete Heterozygotie (H_O), durchschnittliche Anzahl der Allele pro Rasse (MNA), Anzahl privater Allele pro Rasse und Anzahl der privaten Allele mit einer Frequenz höher als 0,1% für 23 Rassen

Rasse	H_E	H_O	MNA	Anzahl privater Allele	
				Total	Frequenz \geq 0,1%
HFG	0,7043	0,6911	6,81	4	-
HFA	0,6562	0,6742	5,46	2	-
FVG	0,6629	0,6375	6,69	4	-
FVA	0,6432	0,6569	5,81	-	-
AUF	0,6542*	0,6174	6,92	5	-
MOF	0,6685	0,6876	5,42	-	-
ERS	0,6180	0,6315	5,88	-	-
EVS	0,6214	0,6606	4,50	-	-
OBS	0,6633	0,6777	5,85	2	-
OBG	0,6544	0,6839	5,62	2	-
OBA	0,6469	0,6545	5,73	-	-
BBG	0,6793	0,6945	6,58	-	-
GYG	0,6830	0,6733	6,92	3	-
TGA	0,6341	0,6437	5,54	-	-
TXA	0,6505	0,6603	5,46	-	-
PUA	0,6800*	0,6879	5,62	1	-
PIA	0,6678	0,6932	5,31	-	-
OPA	0,6859	0,6933	6,27	2	-
EBA	0,6061**	0,6501	4,85	-	-
CBA	0,6546	0,6619	6,38	4	-
MUA	0,6704**	0,7064	5,85	3	1
WBA	0,6204*	0,6417	5,62	2	-
HGH	0,6744	0,6589	6,23	6	1
TOTAL	0,6565	0,6669	5,88	40	2

4.2.3 Genetische Struktur und Genfluss

Die Differenzierung der Rassen, basierend auf der Information von 26 Mikrosatelliten Marker, wird über paarweise F_{ST} Koeffizienten und der Genfluss zwischen den Rassen über die effektive Migrationsrate (N_m) in Tabelle 4 dargestellt. Das Verhältnis von Genfluss und Gendrift wird indirekt über den N_m Wert geschätzt (SLATKIN & BARTON, 1989). Weiters gibt die Analyse der F_{ST} Werte und der N_m Werte Aufschluss über das Verhältnis und die Bedeutung von Mutation, Gendrift und Genfluss in der Entwicklung der untersuchten Populationen (SLATKIN, 1987).

Die F_{ST} Werte rangieren von 0,02 (FVA-FVG, EVS-ERS und OBA-OBS) bis 0,14 (HFA-ERS, HFA-EBA, HFA-HGH und PIA-EBA). Somit können 2-14% der Diversität durch die Variation zwischen den Rassen erklärt werden, wobei die verbleibende Diversität durch die Variation innerhalb der Rassen bestimmt ist. Der mögliche Genfluss zwischen den Rassen wird über die effektive Migrationsrate verdeutlicht, dabei repräsentiert N die effektive Gesamtanzahl der Individuen und m die Migrationsrate. Die höchste Migrationsrate wurde zwischen FVA und FVG (15), OBA und OBS (13) und EVS und ERS (11) geschätzt. Die geringste Migrationsrate konnte zwischen HFA und HGH (1) gefunden werden. Die Migrationsrate entspricht dem Tieraustausch pro Generation. Die Werte für alle Rassen sind in Tabelle 4 aufgeführt, die paarweisen F_{ST} Werte werden oberhalb der Diagonale und die Werte der effektiven Migrationsrate unterhalb der Diagonale dargestellt.

Tabelle 4: Differenzierung der 23 Rassen anhand paarweiser F_{ST} Werte (oberhalb der Diagonale) und Anzahl der effektiven Migranten pro Generationen, N_M (unterhalb der Diagonale) basierend auf 26 Mikrosatelliten Loci

	HFG	HFA	FVG	FVA	AUF	MOF	ERS	EVS	OBS	OBG	OBA	BBG	GYG	TGA	TXA	PUA	PIA	OPA	EBA	CBA	MUA	WBA	HGH	
HFG	-	0.04	0.07	0.08	0.09	0.07	0.11	0.09	0.07	0.08	0.09	0.08	0.08	0.10	0.08	0.06	0.04	0.07	0.12	0.08	0.09	0.10	0.10	
HFA	5	-	0.10	0.10	0.10	0.11	0.14	0.11	0.10	0.09	0.09	0.11	0.11	0.13	0.11	0.09	0.05	0.10	0.14	0.12	0.12	0.11	0.14	
FVG	3	2	-	0.02	0.07	0.04	0.08	0.07	0.07	0.09	0.07	0.09	0.06	0.09	0.06	0.07	0.09	0.08	0.06	0.05	0.07	0.07	0.10	
FVA	3	2	15	-	0.05	0.04	0.07	0.06	0.06	0.09	0.06	0.08	0.05	0.08	0.06	0.07	0.09	0.08	0.06	0.04	0.05	0.06	0.09	
AUF	3	2	3	5	-	0.07	0.09	0.07	0.06	0.08	0.07	0.09	0.08	0.09	0.07	0.06	0.09	0.07	0.12	0.09	0.07	0.09	0.12	
MOF	3	2	6	6	3	-	0.10	0.08	0.07	0.08	0.09	0.08	0.05	0.09	0.08	0.08	0.09	0.08	0.09	0.05	0.07	0.07	0.11	
ERS	2	2	3	4	3	2	-	0.02	0.09	0.10	0.10	0.09	0.09	0.10	0.08	0.09	0.11	0.07	0.12	0.08	0.09	0.12	0.12	
EVS	2	2	4	4	3	3	11	-	0.08	0.10	0.09	0.09	0.08	0.10	0.07	0.07	0.11	0.07	0.10	0.08	0.09	0.11	0.12	
OBS	3	2	4	4	4	4	3	3	-	0.04	0.02	0.05	0.08	0.08	0.06	0.06	0.07	0.07	0.10	0.08	0.07	0.10	0.11	
OBG	3	3	3	3	3	3	2	2	6	-	0.04	0.04	0.10	0.10	0.08	0.08	0.07	0.09	0.12	0.10	0.08	0.10	0.12	
OBA	3	2	3	4	3	3	2	2	13	7	-	0.07	0.10	0.08	0.07	0.07	0.08	0.08	0.10	0.09	0.07	0.08	0.11	
BBG	3	2	3	3	3	3	2	3	4	6	4	-	0.08	0.10	0.09	0.08	0.08	0.08	0.11	0.08	0.08	0.11	0.11	
GYG	3	2	4	4	3	4	2	3	3	2	2	3	-	0.08	0.08	0.08	0.10	0.10	0.08	0.05	0.05	0.07	0.10	
TGA	2	2	3	3	3	2	2	2	3	2	3	2	3	-	0.09	0.09	0.10	0.10	0.11	0.08	0.06	0.09	0.10	
TXA	3	2	4	4	3	3	3	3	4	3	3	3	3	2	-	0.05	0.08	0.07	0.10	0.07	0.08	0.10	0.10	
PUA	4	3	3	3	4	3	3	3	4	3	3	3	3	2	4	-	0.07	0.05	0.11	0.09	0.07	0.11	0.11	
PIA	6	5	2	2	2	3	2	2	3	4	3	3	2	2	3	3	-	0.05	0.14	0.09	0.09	0.12	0.11	
OPA	3	2	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	2	2	4	5	5	-	0.11	0.08	0.09	0.12	0.10	
EBA	2	2	4	4	2	3	2	2	2	2	2	2	3	2	2	2	2	2	-	0.07	0.09	0.08	0.12	
CBA	3	2	5	6	3	4	3	3	3	2	3	3	5	3	3	3	3	3	3	-	0.06	0.07	0.07	
MUA	3	2	3	4	3	3	2	3	4	3	3	3	5	4	3	3	3	3	2	4	-	0.07	0.09	
WBA	2	2	3	4	3	3	2	2	2	2	3	2	3	3	2	2	2	2	3	3	3	-	0.11	
HGH	2	1	2	3	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	3	3	2	-

4.2.4 Genetische Distanzen und genetische Verwandtschaft zwischen den Rassen

Die genetische Distanz zwischen allen 23 Rassen wird anhand einer Distanzmatrix basierend auf NEI et al.'s D_A (1983) dargestellt. Tabelle 5 zeigt die Werte für die genetische Distanz D_A (NEI et. al., 1983) zwischen den Rassen. Den höchsten Wert der genetischen Distanz zeigten HGH-HFA (0,24), HGH-EVS (0,23) und HGH-MOF (0,22). Insgesamt zeigte HGH mit Werten von 0,14-0,24 die größte Distanz zu allen anderen Rassen. Die geringsten Distanzen wurden zwischen FVA-FVG (0,05), EVS-ERS (0,05) und OBA-OBS (0,05) gefunden.

Tabelle 5: Distanzmatrix basierend auf NEI et al.'s D_A (1983)

	HFG	HFA	FVG	FVA	AUF	MOF	ERS	EVS	OBS	OBG	OBA	BBG	GYG	TGA	TXA	PUA	PIA	OPA	EBA	CBA	MUA	WBA	HGH
HFG	-	0.10	0.14	0.14	0.17	0.16	0.17	0.20	0.15	0.17	0.17	0.15	0.14	0.18	0.16	0.14	0.10	0.13	0.21	0.16	0.18	0.18	0.20
HFA		-	0.16	0.15	0.19	0.20	0.19	0.21	0.19	0.17	0.17	0.19	0.20	0.20	0.19	0.17	0.09	0.16	0.21	0.19	0.21	0.18	0.24
FVG			-	0.05	0.12	0.10	0.12	0.15	0.13	0.15	0.12	0.14	0.13	0.14	0.12	0.14	0.15	0.13	0.11	0.10	0.13	0.11	0.18
FVA				-	0.11	0.09	0.11	0.14	0.11	0.14	0.11	0.12	0.12	0.13	0.11	0.12	0.15	0.12	0.10	0.08	0.11	0.09	0.17
AUF					-	0.14	0.14	0.17	0.14	0.16	0.14	0.15	0.16	0.16	0.12	0.13	0.17	0.12	0.17	0.14	0.14	0.15	0.18
MOF						-	0.16	0.18	0.13	0.14	0.13	0.15	0.13	0.17	0.15	0.17	0.17	0.15	0.15	0.11	0.15	0.13	0.22
ERS							-	0.05	0.14	0.14	0.14	0.14	0.16	0.14	0.12	0.14	0.16	0.11	0.16	0.13	0.16	0.17	0.18
EVS								-	0.17	0.19	0.17	0.17	0.21	0.17	0.15	0.17	0.20	0.15	0.18	0.17	0.20	0.21	0.23
OBS									-	0.10	0.05	0.10	0.15	0.15	0.13	0.14	0.16	0.13	0.17	0.13	0.14	0.16	0.19
OBG										-	0.08	0.09	0.17	0.14	0.14	0.16	0.15	0.14	0.18	0.16	0.17	0.16	0.20
OBA											-	0.11	0.17	0.13	0.13	0.14	0.15	0.12	0.15	0.14	0.14	0.14	0.18
BBG												-	0.16	0.15	0.15	0.16	0.15	0.13	0.17	0.13	0.16	0.17	0.20
GYG													-	0.17	0.16	0.17	0.18	0.16	0.16	0.11	0.10	0.14	0.19
TGA														-	0.15	0.15	0.18	0.15	0.16	0.15	0.15	0.14	0.18
TXA															-	0.12	0.15	0.10	0.16	0.13	0.15	0.15	0.17
PUA																-	0.13	0.11	0.18	0.14	0.15	0.17	0.19
PIA																	-	0.10	0.20	0.15	0.18	0.18	0.21
OPA																		-	0.16	0.11	0.15	0.15	0.15
EBA																			-	0.11	0.17	0.13	0.19
CBA																				-	0.11	0.10	0.14
MUA																					-	0.14	0.18
WBA																						-	0.17
HGH																							0

Die phylogenetische Verwandtschaft zwischen Populationen wird anhand der Neighbor-Joining Methode (NEI und SAITOU, 1987) grafisch dargestellt. Im Gegensatz zur UPGMA Methode wird beim Neighbor-Joining nicht von einer Entwicklung mit derselben Rate ausgegangen, daher entsteht ein unbalancierter Baum. In den, nach der NJ- Methode, konstruierten Split-Tree-Netzwerken wird die ungleiche Evolutionsgeschwindigkeit der unterschiedlichen Populationen durch die Zweiglänge visualisiert. Abbildung 1 zeigt die genetische Distanz zwischen den 23 Rassen basierend auf NEI et al.'s D_A (1983) in Form eines phylogenetischen Netzwerks. In Abbildung 2 wurde ein Phylogenetisches Netzwerk zur visuellen Darstellung der genetischen Distanz zwischen den Rassen basierend auf der Chord Distanz von CAVALLI- SFORZA (1967) konstruiert. Abbildung 3 stellt die genetische Distanz anhand des Distanzmaßes von REYNOLDS (1983) dar.

Alle drei Distanzmaße führen zu ähnlichen Ergebnissen. In allen Darstellungen der phylogenetischen Verwandtschaft, basierend auf drei unterschiedlichen Distanzmaßen, zeigt sich das HGH am weitesten von den anderen Rassen entfernt. Der relativ lange Zweig weist auf eine schnelle divergente Entwicklung dieser Rasse hin. Weiters ist in allen Darstellungen einheitlich erkennbar, dass die Rassen HFA, HFG und PIA eine lange gemeinsame Entwicklung zurückgelegt haben und sich in einem gemeinsamen Cluster gruppieren. Besonders auffällig ist die Trennung von OPA und PIA. Dadurch wird die Notwendigkeit eines gesonderten Erhaltungszuchtprogramms für die Rasse OPA gerade im Vergleich zum „modernen“ Pinzgauer Rind (PIA) bestätigt, das unter die Holsteinpopulationen gruppiert wird.

Die vier Braunviehrassen bilden ebenfalls, in den verschiedenen Darstellungen eindeutig einen gemeinsamen Cluster, wobei die Rassen OBA und OBS einander besonders nahe stehen.

Die EVS und ERS weisen eine überdurchschnittlich lange gemeinsame Zuchtgeschichte auf und erscheinen praktisch als eine Population. Die frühe Abspaltung der TXA ist besonders erwähnenswert, da es beim Wiederaufbau der Rasse zum Einkreuzen von ERS kam (HAID, 2001).

Die beiden Fleckvieh Populationen weisen weitgehend eine gemeinsame Entwicklung auf, die relativ kurze Zweiglänge deutet auf eine stabile genetische Variabilität bei langsamer, divergenter Entwicklung hin. Die Rasse MOF, die in Österreich als Äquirasse des Fleckviehs geführt wird, kann den Fleckviehbeständen zugeordnet werden.

Die Blondviehrassen und die EBA bilden weitgehend einen gemeinsamen Cluster. Dies ist insofern erwähnenswert, da für EBA eine besondere Nähe zum Fleckvieh, das es bis in jüngste Vergangenheit verdrängte, vermutet wurde (FISCHERLEITNER und KIENBERGER, 2005). Allerdings stellt KALTENEGGER (1904) Murbodner und die Vorfahren des Kärntner Blondviehs (Mürztaler, Mariahof-Lavantaler) in eine Reihe mit den Ennstaler Bergschecken. Er vermutet, dass das Murbodner Rind aus eine Kreuzung von Mürztaler, Mariahof-Lavantaler und Ennstaler Bergschecken hervorgegangen ist. In einigen Rassebeschreibungen des WBA wird eine mögliche Verwandtschaft zum HGH beschrieben, diese Vermutung wird durch die Darstellungen nicht bestätigt, da eher beim CBA eine kurze gemeinsame Entwicklung mit dem HGH entdeckt werden kann. In der Darstellung basierend auf Reynolds Distanz (1983) und Chord Distanz nach CAVALLI- SFORZA (1967) zeigen auch das MUA und das GYG eine längere gemeinsame Entwicklung. Dies ist durch die Einkreuzung von GYG in der kritischen Phase der Rasse MUA verständlich. Auch LUNTZ und MEDUGORAC (2008) fanden unter 14 untersuchten Populationen eine besonders lange gemeinsame Entwicklung der Rassen Murbodner und Fränkisches Gelbvieh.

Das TGA entwickelt sich relativ rasch divergent von den anderen Rassen und hat somit unter den österreichischen Rinderrassen eine besondere Stellung.

Die PUA positionieren sich in den Netzwerken relativ eng an den Cluster HFA, HFG, PIA, OPA, stehen aber dem OPA am nächsten, dies steht in Einklang mit Ergebnissen früher Blutuntersuchungen (ZETNER, 1969).

—|0.01

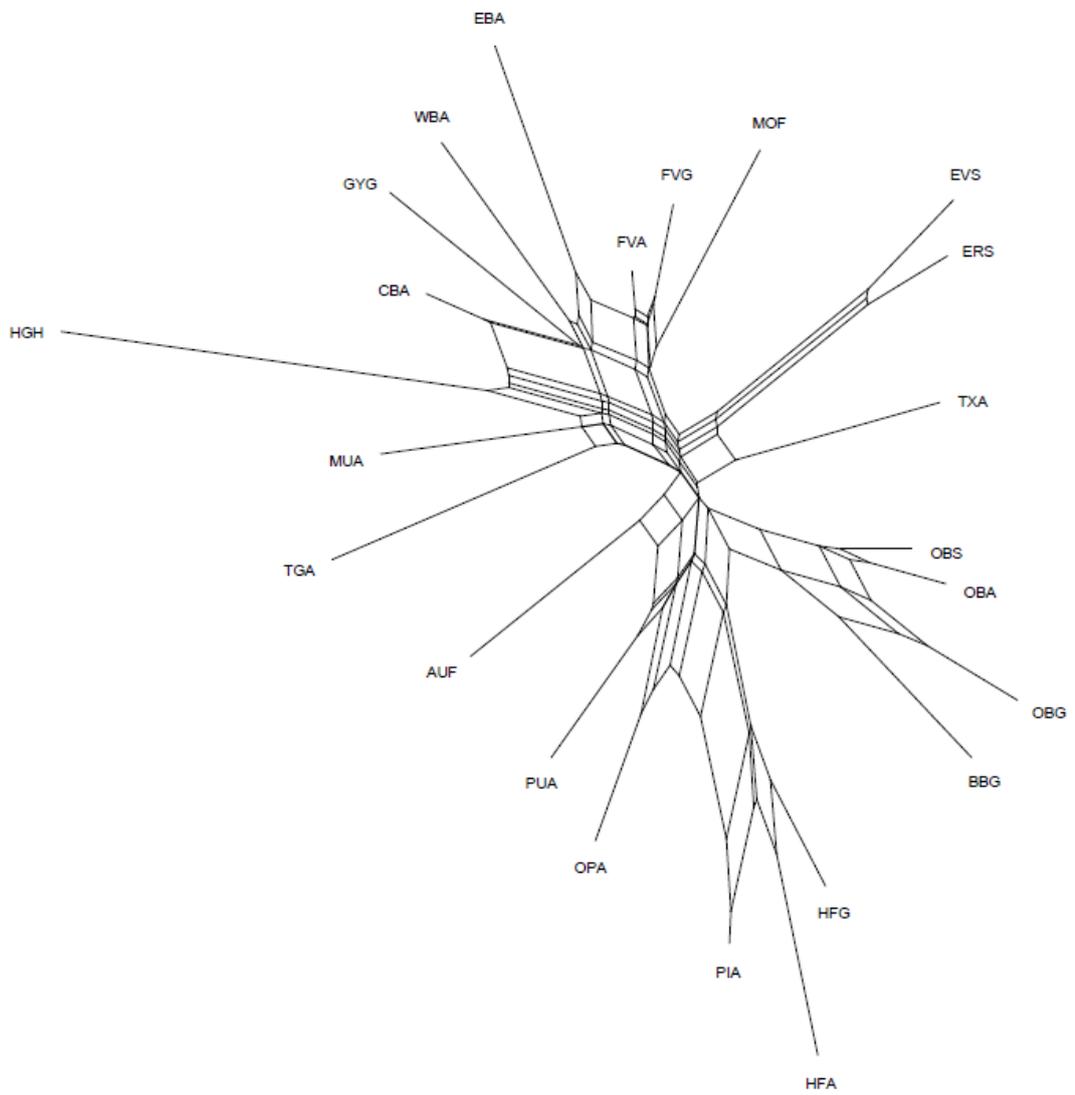


Abbildung 1: Phylogenetisches Split-Tree-Netzwerk basierend auf NEI et al.'s D_A (1983)

0.01

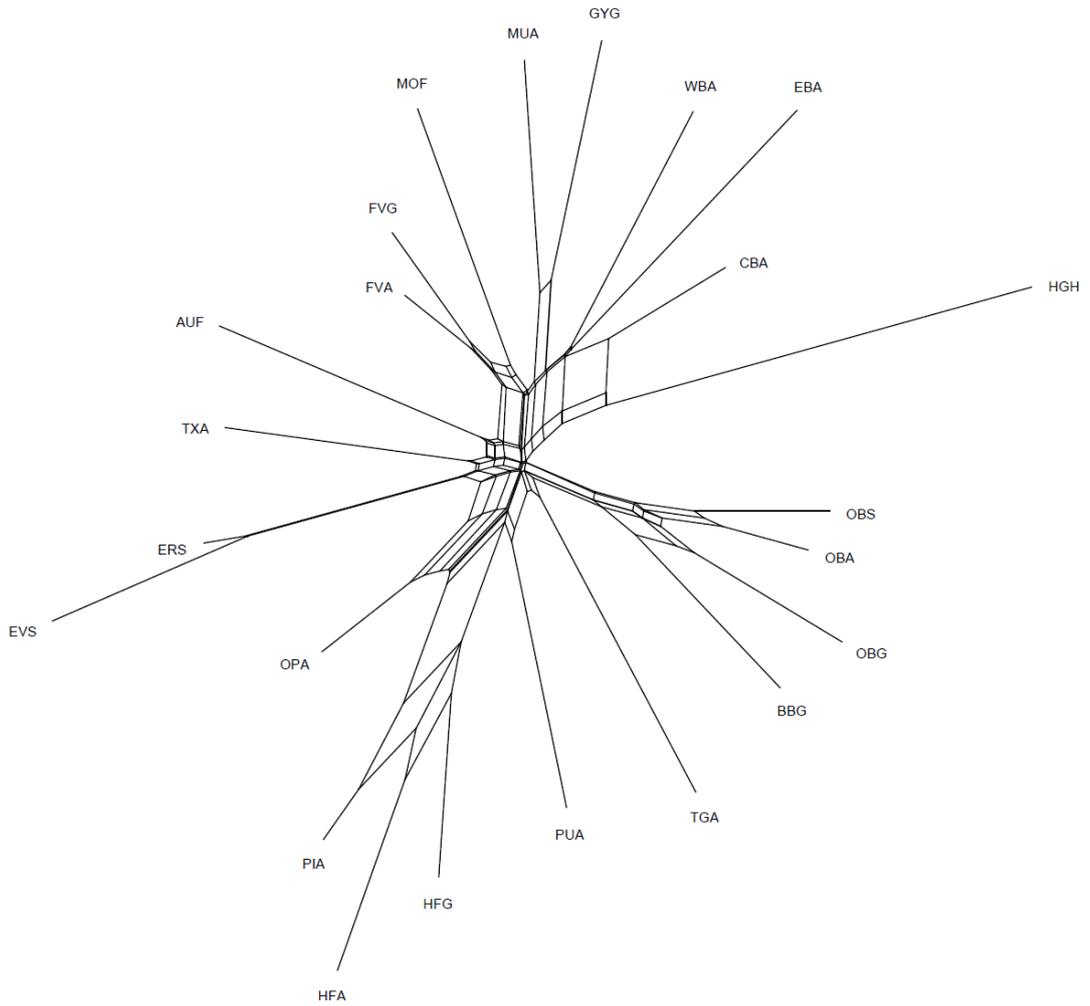


Abbildung 2: Phylogenetisches Split-Tree-Netzwerk basierend auf der Chord Distanz von CAVALLI- SFORZA (1967)

—|0.01

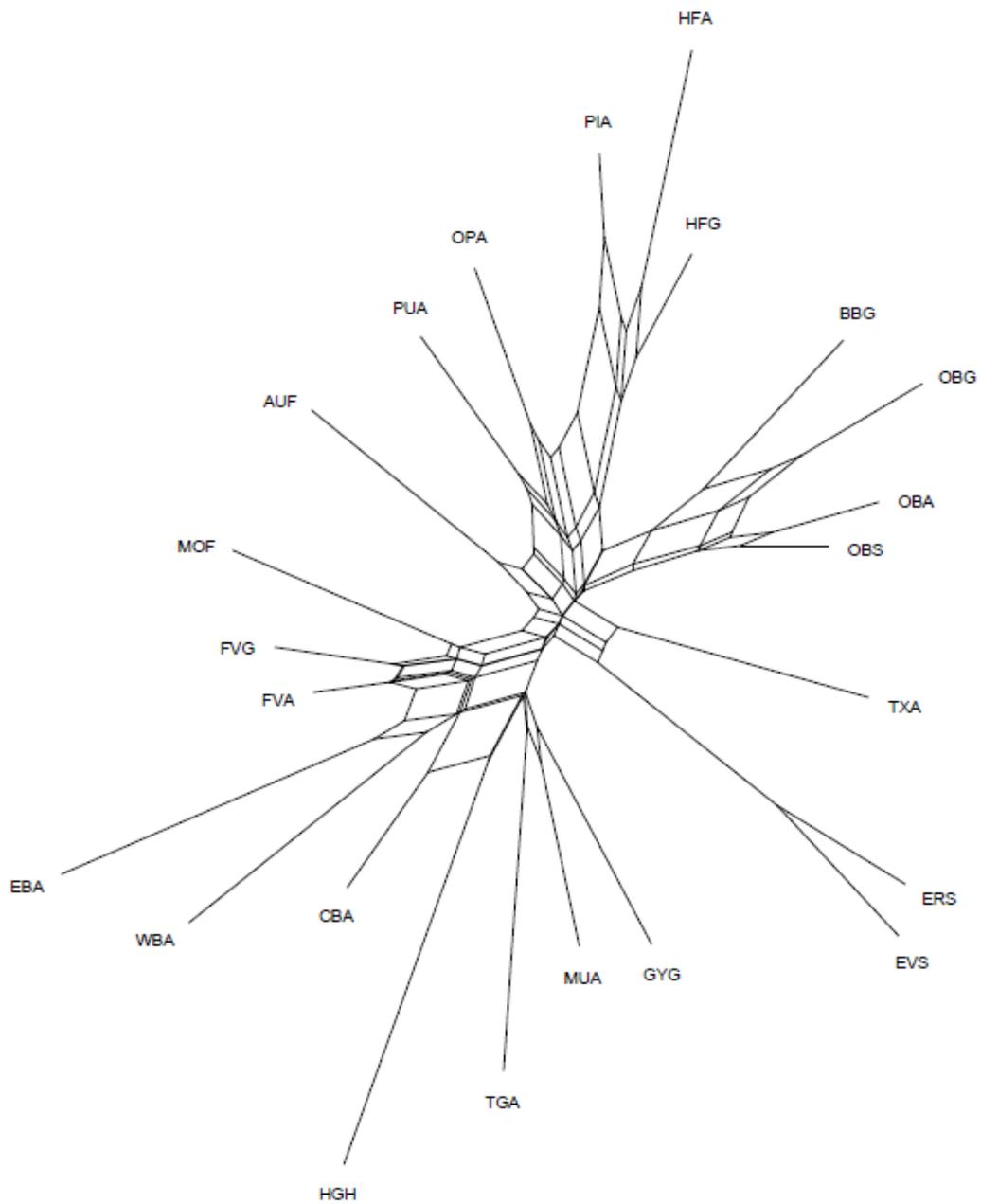


Abbildung 3: Phylogenetisches Split-Tree-Netzwerk basierend auf der Reynolds Distanz (REYNOLDS, 1983)

Die Ergebnisse der PCA (Principle Component Analysis) sind in Abbildung 4 dargestellt. Die individuellen Werte werden auf drei Achsen positioniert. Die ersten drei Hauptkomponenten erklären 55,84% der Variabilität der Distanzen, wobei die

erste Hauptkomponente (Prin1) 24,31%, die zweite (Prin2) 17,34% und die dritte (Prin3) 14,19% der gesamten Variation der 23 Rassen erklärt.

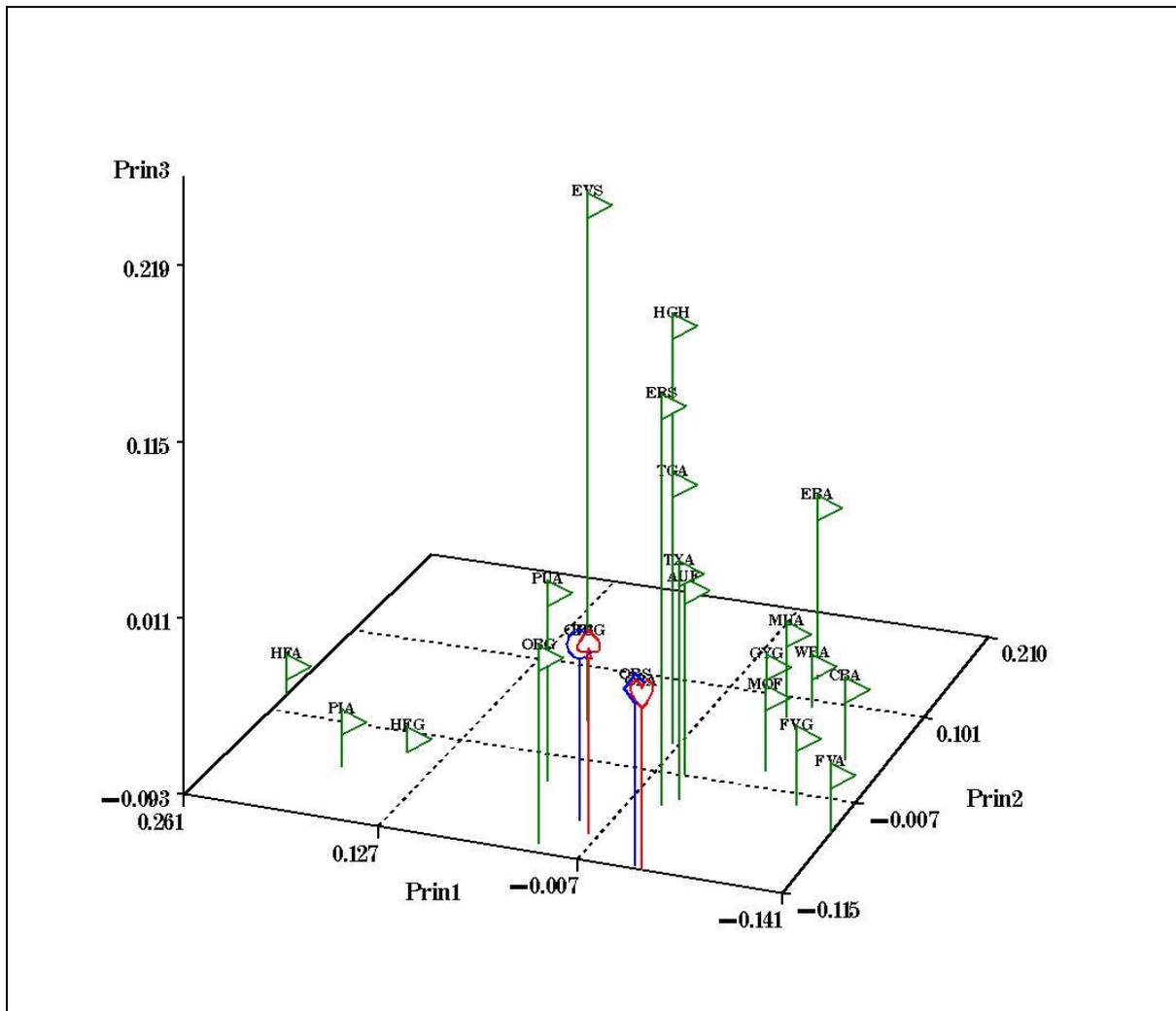


Abbildung 4: PCA (Principle Component Analysis) basierend auf „NEI et al.’s D_A “(1983).
(OBA= O blau, BBG= ♣ rot, OBS= ◇ blau, OBA = ♥ rot)

4.3 Populationsstruktur und Zuordnung von Einzeltieren

Das Programm STRUCTURE ergab die unten dargestellten Ergebnisse. Die Zahl der Subpopulationen variierte von $K= 2$ bis $K= 23$. Bei $K= 5$ spaltete sich das HGH als erste einheitliche Rasse ab, bei $K= 8$ folgte das AUF und bei $K= 10$ das TGA. Die ERS und EVS trennten sich bei $K= 7$ von den anderen Rassen, jedoch blieben sie bis zu $K= 23$ in einen gemeinsamen Cluster. Das GYG und das MUA grenzen sich bei $K=7$ ebenfalls als gemeinsamer Cluster von den anderen Gruppen ab, jedoch erfolgte erst spät eine Trennung der Rassen in zwei unabhängige Cluster (bei $K=$

19). Bei LUNTZ und MEDUGORAC (2008) waren jedoch bei einer Untersuchung von 14 Rassen unter Anwendung von STRUCTURE auch bei $K=14$ Murbodner und Fränkisches Gelbvieh nicht von einander zu trennen. Das CBA grenzte sich bei $K=10$ von WBA und EBA ab, während die beiden anderen bis zu $K=16$ in einem Cluster verblieben. Bei $K=4$ bildeten HFG, HFA und PIA einen einheitlichen Cluster, erst bei $K=22$ stellt HFG ein eigene Gruppe dar. Es konnte weiters beobachtet werden, dass einige Individuen von OPA zu PIA wechseln. OBS, BBG, OBG und OBA sind ab $K=5$ in einem Cluster, in $K=11$ werden die vier Rassen in zwei Cluster geteilt (BBG und OBG, OBS und OBA). Für $K=18$ gliedern sich OBG und BBG auf, OBS und OBA bleiben in einem Cluster. MOF, FVG und FVA befinden sich in einer Gruppe bis zu $K=10$, MOF spaltet sich davon bei $K=16$ ab. TXA erscheint ab $K=16$ als eigenständige Gruppe, doch in $K=18$ teilte sich diese Rasse in zwei Gruppen und ab $K=19$ sogar in drei, gemeinsam mit Individuen aus ERS/EVS.

Abbildung 5 zeigt die Populationsstruktur in einer grafischen Darstellung. Dabei sind die Populationen durch vertikale Linien getrennt, welche in K gefärbte Abschnitten aufgeteilt sind, die dem Anteil der Zugehörigkeit zur jeweiligen vordefinierten Population in K Clustern entsprechen. Die Ergebnisse aus $K=16$, $K=19$ und $K=22$ werden dargestellt, da bei dieser Vorgabe an Subpopulationen die wahrscheinlichste Strukturierung vermutet wird. Die Rassenbezeichnungen sind oberhalb der Balken angeführt.

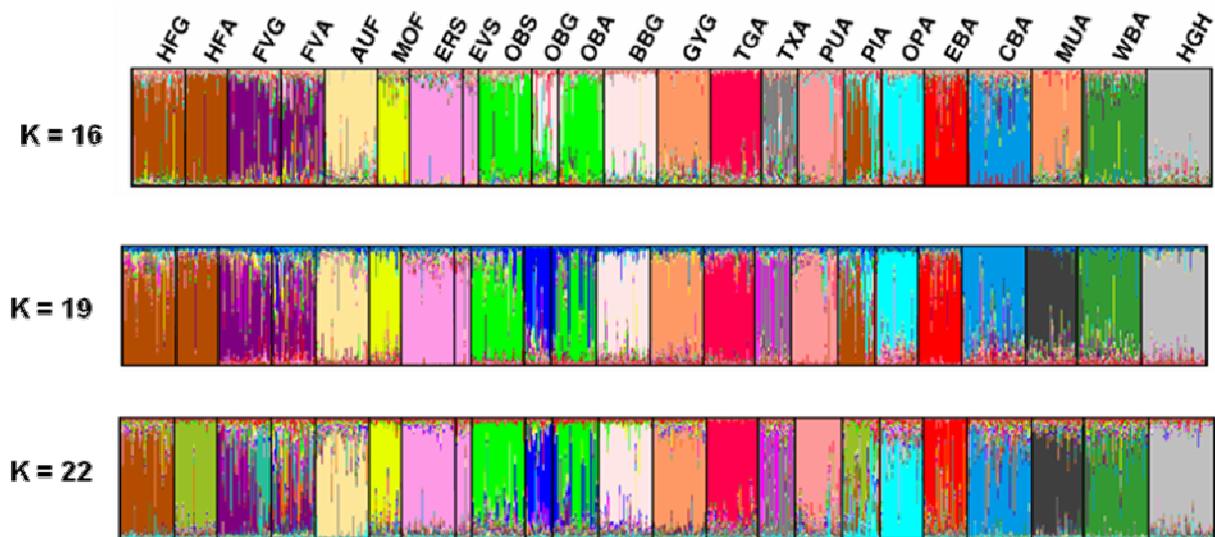


Abbildung 5: Grafische Darstellung der Populationsstruktur, Ergebnisse aus $K=16$, $K=19$ und $K=22$

Zur Festlegung der wahrscheinlichsten zutreffenden Struktur wird der natürliche Logarithmus einer bedingten Wahrscheinlichkeit für beobachtete Genotypen bei gegebener Zahl an Subpopulationen herangezogen: $\ln P(G|K)$. Bei der Berechnung konnte kein eindeutiges Ergebnis gefunden werden (Abb. 6), ab $K=16$ bis $K=23$ ergaben sich nur geringfügige Veränderungen der Werte für $\ln P(G|K)$. Auch für $K=23$, was der vorgegebenen Rassenanzahl entsprechen würde, verblieben bestimmte Rassen nichtsdestotrotz in einem gemeinsamen Cluster. In Abbildung 6 wird das Ergebnis grafisch dargestellt.

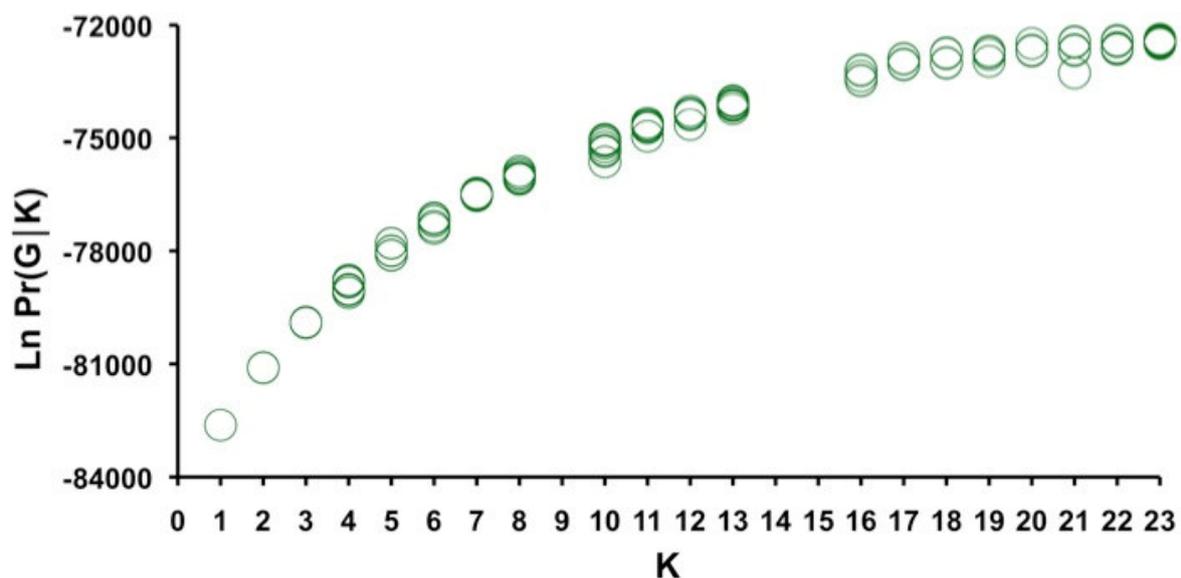


Abbildung 6: $\ln \text{Pr}(G|K)$ als eine Funktion der Anzahl vorgegebener Clustern (10 „runs“ pro K)

Mit dem Programmpaket WHICHRUN (BANKS und EICHERT, 2000) konnten 98% der 1.004 Tiere korrekt zu ihrer Ursprungsrasse zugeordnet werden. Nur 24 Tiere von 14 verschiedenen Rassen wurden falsch zugeordnet. In den Rassen MOF, EVS, OBG, GYG, MUA, TGA, HGH, PIA und TXA gibt es keine falsch klassifizierten Individuen. LUNTZ und MEDUGORAC (2008) verwendeten das gleiche Marker-Set, wie in der vorliegenden Studie, und konnten Tiere aus 14 Rassen ebenfalls mit 98%iger Wahrscheinlichkeit korrekt zuordnen. Anders als hier fanden LUNTZ und MEDUGORAC (2008) die meisten Fehlzugeordnungen zwischen Murbodnern und Fränkischem Gelbvieh.

Tabelle 6 gibt einen Überblick über die Tiere aus den österreichischen, gefährdeten Rassen, die nicht mit der höchsten Wahrscheinlichkeit ihrer postulierten Ursprungsrasse zugeordnet werden konnten.

Tabelle 6: Falsch zugeordnete Tiere aus den gefährdeten, österreichischen Rassen

Ursprungspopulation	Individuum	Zugeordnete Rasse
OBA	AT 115871486	OBG
	AT 349004893	OBG
PUA	DE0766456605	HFG
OPA	AT 013876514	PUA
EBA	AT 222057647	FVA
	AT 899448647	FVG
CBA	AT 272774526	FVA
	AT 428152309	FVA
	AT 805118807	FVA
WBA	AT 230575207	FVA
	AT 625807611	MOF

4.4 Genetischer Flaschenhals

Die errechnete Teststatistik T_2 aus dem „Sign Standardized Difference Test“ lag für alle Populationen unter dem kritischen Wert. Auch der nicht parametrische Wilcoxon Test führt zu dem Schluss, dass kein Heterozygoten-Exzess vorliegt. Diese Ergebnisse weisen darauf hin, dass in keiner Population im Laufe der jüngeren Vergangenheit ein genetischer Flaschenhals stattgefunden hat. Der „Mode-shift-indicator“ lässt die gleiche Schlussfolgerung zu.

5 Zusammenfassung und Schlussfolgerungen

Anhand von 26 Mikrosatelliten Markern, die auf Hardy-Weinberg-Gleichgewicht getestet wurden, konnte die genetische Variabilität österreichischer Rinderrassen untersucht werden. Für eine Vergleichsstudie wurden, basierend auf dem gleichen Marker-Set, fünf Rinderrassen aus Deutschland, drei Rassen aus der Schweiz, zwei Rassen aus Frankreich und eine ungarische Rasse herangezogen. Im Mittelpunkt der Untersuchung stand die Frage der genetischen Differenzierung phänotypisch schwer unterscheidbarer Rassengruppen, die Analyse der Populationsstruktur und die Möglichkeit Einzeltiere aufgrund molekulargenetischer Informationen einer bestimmten Rasse korrekt zuzuordnen. Im Folgenden werden die wichtigsten Ergebnisse kurz zusammengefasst.

Der überwiegende Anteil der genetischen Diversität in den untersuchten Populationen kann über die Diversität innerhalb der Rassen (rund 91%) und nicht über die Diversität zwischen den Rassen erklärt werden. Auch für die Zukunft sollte die Vielfalt innerhalb der Rassen durch entsprechende Zuchtprogramme und gezielte Anpaarungsstrategien erhalten werden.

Über die verwendeten Mikrosatelliten-Loci ist eine sehr gute Zuordnung von Einzeltieren zu den vordefinierten Rassen möglich (98%). Falsch zugeordnete Tier sollten bezüglich ihrer Abstammung genau kontrolliert werden.

Das Ungarische Steppenrind weist insgesamt die geringste Verwandtschaft zu den anderen untersuchten Populationen auf, gefolgt von Aubrac, das auch die größte geographische Distanz zu den untersuchten österreichischen Rassen aufweist.

Innerhalb der autochthonen österreichischen Rassen nimmt das Tiroler Grauvieh eine Sonderstellung ein. Dies untermauert die Wichtigkeit diese nicht als hoch gefährdet eingestufte Rasse auf Grund ihrer Einzigartigkeit dennoch durch entsprechende Erhaltungszuchtmaßnahmen und Förderungen zu unterstützen.

Innerhalb der untersuchten Rassen zeichnen sich fünf Cluster ab:

- Der Braunviehcluster, dem Original Braunvieh aus Österreich, der Schweiz und Deutschland angehören. Auf Grund der besonderen genetischen Nähe des österreichischen zum Schweizer Braunvieh, wird empfohlen bei genetischen Engpässen auf Tiere aus der Schweiz zurückzugreifen.

- Einen weiteren Cluster bilden die alpinen Zweinutzungsrasen. In dieser Gruppe finden sich die Original Pinzgauer, die Pustertaler Sprinzen und das Tux-Zillertaler Rind. Es ist anzumerken, dass das Tux-Zillertaler Rind trotz der bekannten gemeinsamen Zuchtgeschichte mit den Eringer Rindern als eigenständige Rasse angesehen werden kann. Die Evolener und Eringer erscheinen hingegen genetisch nahezu identisch. Letzteres deckt sich auch mit der in der Literatur beschriebenen Tatsache, dass in der Eringerpopulation fallweise gescheckte Rinder vorkommen, die nicht von Evolènern unterschieden werden können.

- Den dritten Cluster bilden die Blondviehrassen. Eine besondere genetische Nähe besteht zwischen Murbodnern und dem Deutschen Gelbvieh. In diesen Cluster fallen erwartungsgemäß auch das Waldviertler und Kärntner Blondvieh. Unerwartet war hingegen das Resultat, dass die Ennstaler Bergschecken, die als nahezu ausgestorben und zumindest in der jüngeren Literatur als vom Fleckvieh genetisch verdrängt galten, ebenfalls in den Blondviehcluster fallen. Zu Beginn des 20sten Jahrhunderts wurden jedoch der Murbodner und die Vorfahren des Kärntner Blondviehs (Mürztaler, Mariahof-Lavantaler) in eine Reihe mit den Ennstaler Bergschecken gestellt. Es wurde vermutet, dass das Murbodner Rind aus eine Kreuzung von Mürztaler, Mariahof-Lavantaler und Ennstaler Bergschecken hervorgegangen ist.

- Weiters gibt es einen Fleckviehcluster, der das aktuelle gemeinsame Zuchtprogramm widerspiegelt.

- Der vierte Cluster kann als Holsteingruppe bezeichnet werden. Hier findet sich auch das moderne Pinzgauer Rind. Dies macht besonders deutlich, dass auch in Zukunft eine klare züchterische Trennung zwischen Pinzgauer und Original

Pinzgauer erfolgen muss. Trotz der relativ großen Stückzahl leidet der Original Pinzgauer unter einer besonderen Gefährdung: der Verdrängung der Pinzgauergenetik durch die Holsteingenetik.

In Summe unterstreichen die Ergebnisse, die Wichtigkeit der gezielten Erhaltungszuchtmaßnahmen, nicht nur für Rassen mit extrem kleiner Stückzahl.

6 Literaturverzeichnis

BANKS M.A., W. EICHERT, 2000: WHICHRUN (version 3.2): A computer program for population Assignment of individual based on multilocus genotype data. *J. Hered.* **91**: 87-89

BASEDOW, M., 1998: Die genetische Diversität deutscher Rinderrassen dargestellt durch molekulargenetische Markersysteme. Dissertation. Institut für Tierzucht und Tierhaltung der Agrarwissenschaftlichen Fakultät der Christian-Albrechts Universität zu Kiel, Deutschland

BAUMUNG, R., 2002: Abschlussbericht Projekt „Genetische Differenzierung von Schafrassen im Ostalpenraum“. ÖNGENE, Wels, Österreich.

BAUMUNG, R., 2007: Abschlussbericht Projekt „Genetische Differenzierung von österreichischen Rinderrassen: Das Blondvieh“. ÖNGENE, Wels, Österreich.

BODO, I., GERA, I., KOPPANY, G., 1996: The Hungarian grey Cattle Breed. Passzer LTD., Budapest, Hungary.

BOTTLENECK, 1999: A program for detecting recent effective population size reductions from allele data frequencies.

CHAKRABORTY R, DE ANDRADE M, DAIGER SP, BUDOWLE B, 1992: Apparent heterozygote deficiencies observed in DNA typing data and their implications in forensic applications. *Ann Hum Genet* **56**:45-57

CORNUET, J.M.; LUIKART, G.L., 1996: Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics* **144**: 2001-2014

DEMPSTER, A. P., LAIRD, N. M., RUBIN, D. B., 1977: Maximum Likelihood from Incomplete Data via the EM Algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)*, Vol. **39**: 1-38

EDING, J.H.; LAVAL, G., 1999: Measuring genetic uniqueness in livestock. Pp 33-58 in OLDENBROECK, J.K. (ed): Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources. DLO Institute for Animal Science and health, Lelystad, The Netherlands

FISCHERLEITNER, F.; KIENBERGER, M, 2005: Die seltenen Erhaltungswürdigen Rinderrassen Österreichs. Sonderdruck aus dem Institut für biologische Landwirtschaft und Biodiversität der Nutztiere, HBLFA Raumberg-Gumpenstein, Irdning, Österreich.

FÜRST, C.: Persönliche Mitteilung am 29.10.2008

HAID, E., 2001: Analyse der genetischen Variabilität beim Tux-Zillertaler Rind. Diplomarbeit, Universität für Bodenkultur, Wien.

HEDRIK, P. W., 2000: Genetics of populations. 2nd edition, Jones und Bartlett publishers, Sudbury, Massachusetts.

HUSON, D. H.; BRYANT, D., 2006: Application of Phylogenetic Networks in Evolutionary Studies. *Mol. Biol. Evol.*, **23**(2):254-267

KALINOWSKI, S.T., 2004: Counting alleles with rarefaction: Private alleles and hierarchical sampling designs. *Conservation Genetics* **5**: 539-543

KALTENEGER, F., 1904: Rinder der österreichischen Alpenländer: Heft 6 (2). Verlag W. Frick, Wien.

KARP, A., SEBERG, O., BUIATTI, M., 1996: Molecular techniques in the assesment of botanic diversity. *Annals of Botany* **78**: 143-149

LUIKART, G.L.; ALLENDORF, F.W.; CORNUET, J.M.; SHERWIN, W.B., 1998: Distortion of allele frequency distributions provides a test for recent population bottlenecks. *J Heredity* **89**: 238-247

LUNTZ, B.; MEDUGORAC, I., 2008: Modellhafte Entwicklung und Erprobung eines neuen Zuchtprogramms für die Rasse Murnau-Werdenfelser auf der Grundlage molekulargenetischer Charakterisierung. Abschlussbericht zur MuD Projekt 05BM015.

MANATRINON, S.; FISCHERLEITNER, F.; BAUMUNG, R., 2008: Genetic characterization among some Austrian and Hungarian cattle breeds. *Arch. Tierz., Dummerdorf* **51**: 426-437

MAUDET, C.; LUIKART, G.; TABERLET, P., 2002: Genetic diversity and assignement tests among seven French cattle breeds based on microsatellite DNA analysis. *J. Anim. Sci.* **80**: 942 – 950

MOIOLI, B.; NAPOLITANO, F.; CATILLO, G., 2004: Genetic diversity between Piedmontese, Maremmana, and Podolica cattle breeds. *Journal of Heredity* **95**: 250-256

NEI, M., 1987: *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York.

NEI, M.; TAJIMA, F.; TATENO, Y., 1983: Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *J. Mol. Evol.* **19**:153-170

ÖNGENE: Austrian association for rare endangered breeds.

PIRY, S.; LUIKART, G.; CORNUET, J-M.: BOTTLENECK: a computer program for detecting recent reductions in the effective population size using allele frequency data. *J. Hered.* **90** (1999), 502–503.

PRITCHARD, J.K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P., 2000: Interference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics* **155**: 945-959

RAYMOND, M., ROUSSET, F. 1995: GENEPOP: Population genetics software for exact tests and ecumenicism. *J. Heredity* **86**: 248-249.

RENDO, F.; IRIONDO, M.; JUGO, B.M.; AGUIRRE, A.; MASON, L.I.; VICARIO, A.; GOMEZ, M.; ESTONBA, A., 2004: Analysis of the genetic structure of endangered bovine breeds from the Western Pyrenees using DNA microsatellite markers. *Biochemical Genetics* **42**: 99 – 108

REYNOLDS, J., 1983: Estimation of the coancestry coefficient basis for a short term genetic distance. *Genetics* **105**: 767-779

SAS, 2003: SAS Version 9.1, SAS Institute Inc., Cary NC, USA.

SAITOU, N.; NEI M., 1987: The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* **4**:406-425

SAMBRAUS, H.H., 1994: Gefährdete Nutzierrassen. Ihre Zuchtgeschichte, Nutzung und Bewahrung. Eugen Ulmer GmbH & Co. Stuttgart.

SIMIANER, H., 2002: Molekulargenetische Differenzierung verschiedener Rotviehpopulationen. Schriftenreihe des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft. Heft 493. Landwirtschaftsverlag GmbH. Münster-Hiltrup

SLATKIN, M., 1987: Gene flow and the geographic structure of natural populations. *Science* **236**: 787-792

SLATKIN, M.; BARTON, N.H., 1989: A comparison of three indirect methods for stining average levels of gene flow. *Evolution* **43**: 1349-1368

SOKAL, R.R.; SNEATH, P.H.A., 1963: Numerical Taxonomy. W.H. Freeman, San Francisco

WEIR, B.S.; COCKERHAM, C.C., 1984: Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* **38**: 1358-70.

WRIGHT, S., 1951: The genetical structure of populations. *Ann. Eugen.* **15**: 323-354.

WRIGHT, S., 1969: The Theory of Gene Frequencies: Evolution and the Genetics of Populations, Vol. 2. Chicago University press, Chicago, USA

ZETNER, K., 1969: Blutgruppen und biochemischer Polymorphismus bei Tuxer und Pustertaler Rindern. Diss. med. vet., Wien.

Aktuelle Websites der zuständigen Verbände und Organisationen, lt. Oktober 2008:
<http://www.arche-austria.at/index.php?id=756>
<http://www.rinderzucht-tirol.at/rassen/tux-zillertaler/beschreibung.html>
<http://www.murbodner.at>
<http://www.tiroler-braunvieh.at/obv.html>
<http://www.pinzgauer-cattle.com>

<http://www.pinzgauerrind.at/pages/zucht.php?PHPSESSID=2537b795ea3b0ad41b7eab6a572389c0>
<http://www.tiroler-graувieh.at/rassenbeschreibung.html>
http://www.fleckvieh.at/index_n1.php?ist_menuentnr=343&search=Stichwort
<http://www.holstein-dhv.de/geschichte.html>
<http://www.g-e-h.de/geh-rind/gelb.htm>
<http://www.race-aubrac.com/d/race/caracteristiques.php>
<http://www.montbeliarde.org/historique-de.php>
<http://www.projects.roslin.ac.uk/cdiv/markers.html>
<http://www.vhlgenetics.com/vhl/index.html>
<http://www.montpellier.inra.fr/URLB/>
<http://www.genetix.univ-montp2.fr/genetix/intro.htm>
<http://animalgenomics.ucd.ie/sdeparck/ms-toolkit/>
<http://www.agriculture.purdue.edu/fnr/html/faculty/Rhodes/Students%20and%20Staff/glaubitz/software.htm>
<http://www.ualberta.ca/~fyeh/download.htm>
<http://ftp.bioinformatics.org/pub/populations/>
<http://www.montpellier.inra.fr/URLB/bottleneck/bottleneck.html>
<http://www.oengene.at/index.jsp?catId=33>

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Phylogenetisches Split-Tree Netzwerk basierend auf NEI et al.'s D_A (1983).....	29
Abbildung 2: Phylogenetisches Split-Tree Netzwerk basierend auf Chord Distanz von CAVALLI- SFORZA (1967).....	30
Abbildung 3: Phylogenetisches Split-Tree Netzwerk basierend auf Reynolds Distanz (1983).....	31
Abbildung 4: PCA (Principle Component Analysis) basierend auf NEI et al.'s D_A (1983).....	32
Abbildung 5: Grafische Darstellung der Populationsstruktur, Ergebnisse aus $K=16$, $K=19$ und $K=22$	33
Abbildung 6: $\ln \Pr(G K)$ als eine Funktion der Anzahl vorgegebener Clustern (10 „runs“ pro K)	34

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Rassen aus den teilnehmenden Ländern, Abkürzungen der Rassebezeichnung, Anzahl der Tiere pro Rasse	11
Tabelle 2: Anzahl der Allele pro Locus, Anzahl privater Allele pro Locus, erwartete Heterozygotie (H_e), beobachtete Heterozygotie (H_o), Fixationsindices (F_{IS} , F_{IT} , F_{ST}) nach WEIR & COCKERHAM (1984), effektive Migrationsrate (N_m) für 26 Mikrosatelliten Loci.....	20
Tabelle 3: Erwartet Heterozygotie (H_E), beobachtete Heterozygotie (H_O), durchschnittliche Anzahl der Allele pro Rasse (MNA), Anzahl privater Allele pro Rasse und Anzahl der privaten Allele mit einer Frequenz höher als 0,1% für 23 Rassen	22
Tabelle 4: Differenzierung der 23 Rassen anhand paarweiser F_{ST} Werte (oberhalb der Diagonale) und Anzahl der effektiven Migranten pro Generationen, N_M (unterhalb der Diagonale) basierend auf 26 Mikrosatelliten Loci.....	24
Tabelle 5: Distanzmatrix basierend auf NEI et al.'s D_A (1983)	26
Tabelle 6: Falsch zugeordnete Tiere aus den gefährdeten, österreichischen Rassen	35