

Abschlussbericht WT Nr. 100076:

Genetische Differenzierung von österreichischen Rinderrassen. Teilbereich Definierung Versuchsgruppen, Probensammlung und –aufbereitung.

Franz Fischerleitner, HBLFA Raumberg-Gumpenstein, Institut für Biologische Landwirtschaft und Biodiversität der Nutztiere, Außenstelle Wels

In Österreich gelten zur Zeit neun Rinderrassen als anerkannt gefährdet. Ein spezielles Generhaltungsprogramm dient als Grundlage für die Generhaltungsmaßnahmen bei seltenen Rassen im Rahmen des ÖPUL 2007 – 2013.

Es war stets ein Bestreben der ÖNGENE (Österreichische Nationalvereinigung für Genreserven landwirtschaftlicher Nutztiere www.oengene.at) für alle anerkannt gefährdeten Rassen aller Tierspezies ein Rassenprofil mit Hilfe molekulargenetischer Untersuchungen zu erstellen.

So wurden bereits genetische Differenzierungen und die Erstellung von molekulargenetisch determinierten Rassenprofilen bei allen anerkannt gefährdeten Schaf- und Ziegenrassen Österreichs realisiert.

Mit diesem Projekt wurden zunächst 3 Populationen (Waldviertler Blondvieh, Kärntner Blondvieh und Ungarisches Grauvieh) untersucht.

Das Ungarische Grauvieh, auch Ungarisches Steppenrind genannt, soll aufgrund der bekannten Zuchtgeschichte, möglicherweise Verwandtschaften mit den Blondviehrassen aufweisen.

Spezielle Aufgabe dieser WT war die Probensammlung zur genetischen Differenzierung der einfarbigen Rinderrassen unter besonderer Berücksichtigung der Abstammungsvielfalt der entnommenen Proben. Die Typisierungen wurden an speziellen genetischen Instituten (Holland) vorgenommen. Die statistischen Berechnungen und Auswertungen von der Universität für Bodenkultur, Institut für Nutztierwissenschaften, durchgeführt.

Ergebnisse und Zusammenfassung:

Die Untersuchung der genetischen Diversität dreier Rinderrassen hat typische Werte für die genetische Diversität innerhalb der Rassen ergeben. Die Rassen können klar voneinander getrennt werden, was auf eine entsprechend getrennte Zuchtgeschichte in der Vergangenheit schließen lässt. Erwartungsgemäß wurde der höchste Genfluss und damit verbunden die geringste genetische Distanz zwischen den beiden Österreichischen Rinderrassen nachgewiesen. Die größte genetische Distanz wurde zwischen dem Ungarischen Steppenrind und dem Waldviertler Blondvieh gefunden, bei dessen Rassenentstehung ein gewisser Beitrag des Ungarischen Steppenrindes vermutet wurde. Erfreulicherweise konnte in keiner dieser zum Teil hochgefährdeter Rinderrassen ein Hinweis auf einen genetischen Flaschenhals in jüngerer Vergangenheit entdeckt werden. Aus der Summe der Ergebnisse lassen sich folgende Schlussfolgerungen ziehen:

- Die Zucht von Waldviertler Blondvieh, Kärntner Blondvieh und Ungarischem Steppenrind erfolgte in jüngster Vergangenheit unter klar getrennten Zuchtprogrammen.
- Das Ungarische Steppenrind steht dem Waldviertler Blondvieh aufgrund einer möglichen historischen Einkreuzung nicht näher als dem Kärntner Blondvieh.

- Die beiden hochgefährdeten österreichischen Blondviehpopulationen haben trotz der geringen Populationsgröße keinen nachweisbaren genetischen Engpass erlitten.
- Das Waldviertler Blondvieh stellt heute eine genetisch homogene Gruppe dar, während im Kärntner Blondvieh gewisse genetische Substrukturen aufgedeckt wurden.
- Weitere Untersuchungen, die andere Blondviehrassen, Gelb- bzw. Frankenvieh mit einschließen, sollten durchgeführt werden, um aufzuklären, wodurch die geringe genetische Homogenität beim Kärntner Blondvieh erklärt werden kann. Die Österreichische „Hauptrasse“ Fleckvieh sollte jedenfalls bei einer derartigen Untersuchung mit einbezogen werden.

Vorträge:

R. Baumung, S. Manatrion und F. Fischerleitner:

Genetic characteristic among Austrian and Hungarian cattle breeds.

Vortrag bei International Meeting Animal Genetic Resources, ÖNGENE-DAGENE-Workshop 2007, am 27.6.2007 in Raumberg-Gumpenstein.

Summary:

In this project we have investigated genetic differentiation the autochthonous Austrian cattle breeds Carinthian blond (CB) and Waldviertler blond (WB) and Hungarian Grey.

It was suspected that the Hungarian Grey has a closer relationship with the above mentioned Austrian breeds.

Blood from 60 animals per breeds was sampled. All animals were genotyped from 29 microsatellite markers recommended for genetic diversity studies by the FAO.

Statistical analysis were done by University of Natural Resources and Applied Life Sciences Vienna.

As expected the differentiation between CB and WB was lowest while the migration rate was highest indication gene flow between the Austrian blond cattle breeds. However, low levels of gene flow are most likely because of clear differentiation of the three breeds, stable trees with high bootstrap values and the high percentage of correctly assigned individuals.