

Genetische Differenzierung von Ziegenrassen in Österreich

R. BAUMUNG und F. FISCHERLEITNER

Im Jahr 2003 wurde von der ÖNGENE (Österreichische Nationalvereinigung für Genreserven) ein Projekt zur Analyse der genetischen Differenzierung von Ziegenrassen in Österreich in Auftrag gegeben. Im Folgenden werden einige Ergebnisse daraus vorgestellt:

Einleitung

Im Vordergrund standen heimische Ziegenrassen, die offiziell als gefährdet eingestuft werden. Zu diesen Rassen zählen die Gemsfärbige Gebirgsziege, die Tauernschecken Ziege, die Pinzgauer Ziege und die Steirische Scheckenziege. Neben diesen Ziegenrassen sollten auch weitere in Österreich mittlerweile heimische Ziegenrassen, die Strahlenziege und die Pfauenziege, einbezogen werden.

Die Bunte Edelziege wurde wegen ihrer phänotypischen Ähnlichkeit zur Pinzgauer Ziege bzw. Gemsfärbigen Gebirgsziege berücksichtigt. Im Fall der Pfauenziege sollte geklärt werden, ob Tiere mit dieser Fellzeichnung als eigenständige Rasse anzusehen sind oder dieser Farbschlag unabhängig in diversen anderen Rassen oder Rassenkreuzungen auftritt.

Das wesentliche Ziel des Projektes war es, die Ähnlichkeiten der untersuchten Ziegenrassen aufzuklären sowie Rassen- und Abgrenzungen zwischen phänotypisch schwer unterscheidbaren Rassen (Tauernschecken und Steirische Scheckenziege, Gemsfärbige Gebirgsziege und Bunte Edelziege) ausfindig zu machen. Die Ergebnisse können in Zukunft im Rahmen der praktischen Erhaltungsarbeit Anwendung finden, wenn, um genetische Engpässe zu vermeiden, eventuell Tiere einer anderen, eng verwandten Rasse, zum Einsatz kommen müssen. Des Weiteren ist eine gute Zuordnung von Einzeltieren zu einer bestimmten Rasse gerade für sehr kleine

gefährdete Populationen, wo jedes Tier von großer Bedeutung für das weitere Bestehen der Rasse sein kann, wichtig.

Probensammlung

In den 7 angeführten Populationen wurden im Zeitraum September 2003 bis Jänner 2004 von zufällig ausgewählten Tieren Gewebeprobe aus dem Ohr entnommen. Geplant war, 60 Proben pro Rasse zu entnehmen. Die Probeentnahme erfolgte durch Mitarbeiter der jeweiligen verantwortlichen Zuchtorganisation. Bei jeweils 30 Tieren der Rassen Tauernschecken und Pinzgauerziege wurden außerdem Blutproben durch den Tierarzt entnommen. Die Gewebeprobe wurden an das Labor des Institutes für Tierzucht und Genetik der Veterinärmedizinischen Universität Wien geschickt und dort für 12 ausgewählte Microsatellitenloci typisiert. Isolierte DNA wurde anschließend von Wien an das Laboratorio de Genetica Molecular der Facultad de Veterinaria in Madrid geschickt, wo weitere 14 Loci untersucht wurden.

Statistische Auswertung

Die Daten wurden an der Universität für Bodenkultur Wien am Institut für Nutztierwissenschaften ausgewertet. Die statistischen Analysen gliedern sich in drei Teile: die Beurteilung der Qualität der Markerloci und darauf basierende Auswahl der Loci für weitere Berechnungen,

Schätzung genetischer Distanzen zwischen den Rassen und die korrekte Zuordnung von Einzeltieren

Ergebnisse

Datenumfang und Datenqualität

In *Tabelle 1* wird ein Überblick über die Gesamtzahl der untersuchten Proben pro Rasse gegeben. Für die Gemsfärbige Gebirgsziege lagen Proben von 122 Tieren aus vorangegangenen Untersuchungen in Wien vor, jedoch nur bei 57 Tieren waren DNA Proben für die Typisierung der weiteren 14 Loci im Madrider Labor verfügbar.

Es zeigte sich generell, dass die Typisierung sehr lückenhaft ausfiel, sodass bei einem Großteil der untersuchten Proben nur Ergebnisse für einen Teil der gewählten Loci vorlag. Aus diesem Grund wurden für alle weiteren Berechnungen nur solche Proben berücksichtigt, bei denen mindestens 14 Loci erfolgreich typisiert werden konnten. Der geringe Stichprobenumfang bei der Pinzgauer Strahlenziege musste aufgrund der schlechten Datenqualität auf nur 11 verwertbare Proben reduziert werden.

Genetische Distanzen und Distanzbäume

Eine Population bzw. eine Rasse kann nach der klassischen Populationsgenetik-Theorie über die Frequenzen der Al-

Tabelle 1: Anzahl untersuchter Proben (N) und Anzahl verwertbarer Proben mit mindestens 14 erfolgreich typisierten Loci (Nv)

Rasse	Abk.	N	Nv
Bunte Edelziege	BE	47	30
Gemsfärbige Gebirgsziege	GG	57 (122)	51
Pfauenziege	PF	61	51
Pinzgauerziege	PI	59	43
Pinzgauer Strahlenziege	PS	23	11
Steirische Scheckenziege	SS	62	50
Tauernschecken	TS	68	42
Gesamt		377 (444)	278

Autor: Dr. Roswitha BAUMUNG, Universität für Bodenkultur, Department für Nachhaltige Agrarsysteme, Gregor-Mendel-Straße 33, A-1180 WIEN, email: roswitha.baumung@boku.ac.at und Franz FISCHERLEITNER, HBLFA Raumberg-Gumpenstein, Insitut für Biologische Landwirtschaft und Biodiversität, Austraße 10, A-4600 WELS/THALHEIM

lele (= Häufigkeit von verschiedenen Genvarianten) definiert werden. Eine Reihe von genetischen Distanzmaßen basiert auf eben diesen Allelfrequenzen. In der vorliegenden Studie wurden die von EDING und LAVAL (1999) empfohlenen Distanzmaße, die sich für relativ eng verwandte Populationen eignen, verwendet: Nei's minimum distance (NEI 1987) und Reynolds' distance (REYNOLDS 1983). Beide Distanzmaße führen zu sehr ähnlichen Ergebnissen. Die aus den paarweisen Distanzen erstellten Distanzmatrizen sind in *Tabelle 2* dargestellt.

Bei beiden Distanzmaßen fällt auf, dass die kleinste genetische Distanz zwischen Bunter Edelziege und Gemsfärbiger Gebirgsziege besteht. Die größte Distanz ergibt sich jeweils zwischen Tauernschecken und Pinzgauer Strahlenziege. Ausgehend von den in *Tabelle 2* dargestellten Distanzmatrizen wurden phylogenetische Bäume rekonstruiert, um Beziehungen zwischen Rassen graphisch zu veranschaulichen (*Abbildung 1*).

Die Summe der Längen der verbindenden Äste zwischen zwei Populationen entspricht dabei der approximierten Distanz zwischen diesen. Die Darstellung ist dimensionslos, da das numerische Niveau genetischer Distanzen unter anderem von der Anzahl der berücksichtigten Marker abhängt und somit nicht direkt interpretierbar ist (SIMIANER 2002). SIMIANER (2002) weist darauf hin, dass unterschiedliche Stichprobengrößen zu Verzerrungen der Distanzen führen können. In Simulationen konnte er zeigen, dass bei kleinen Stichproben deutlich größere Distanzen geschätzt werden. Dies muss vor allem für die Pinzgauer Strahlenziege berücksichtigt werden. Es ist davon auszugehen, dass die genetische Distanz der Pinzgauer Strahlenziegen zu den anderen Populationen überschätzt wurde. Bei den Tauernschecken konnten hingegen über 50 Tiere in die vorliegende Untersuchung einbezogen werden, sodass hier die große Distanz zu den anderen Rassen tatsächlich auf eine lange getrennte Zuchtgeschichte zurückzuführen sein dürfte.

Zuordnung von Einzeltieren

Es wurde untersucht, wie gut Einzeltiere aufgrund ihrer Markergenotypen ihrer Population zugeordnet werden können.

Aufgrund der Untersuchungen von CORNUET et al. (1999), SCHWEND (2001), SIMIANER (2002) und BAUMUNG und SÖLKNER (2002) wurde für die korrekte Zuordnung von Einzeltieren mit einer Likelihood-Methode, basierend auf dem Satz von Bayes, gearbeitet. Generell wurde so vorgegangen, dass zunächst über die Allelfrequenzen eine Kenngröße für jede Teilpopulation berechnet wurde. Das jeweilige Tier einer Rasse, für das die Zuordnungswahrscheinlichkeit berechnet werden sollte, wurde hierbei jedoch nicht berücksichtigt. Anschließend wurde dann die Zu-

ordnungswahrscheinlichkeit des Einzeltieres zu jeder untersuchten Population berechnet. Als Ergebnis liegt dann für jedes Tier ein Vektor mit 7 Zuordnungswahrscheinlichkeiten vor, die sich (in Prozent ausgedrückt) zu 100 addieren. Es wurde erfasst, wie häufig Tiere mit größter Wahrscheinlichkeit ihrer tatsächlichen Herkunftspopulation zugeordnet wurden. Dies wird als die Häufigkeit der korrekten wahrscheinlichsten Zuordnung bezeichnet (*Tabelle 3*).

Von insgesamt 228 Ziegen konnten 226 Tiere mit höchster Wahrscheinlichkeit der eigenen Rasse zugeordnet werden,

Tabelle 2: Nei's minimum genetic distance (1972) unterhalb der Diagonale und Reynolds distance (1983) oberhalb der Diagonale

	BE	GG	PF	PI	PS	SS	TS
BE		0,02	0,05	0,04	0,07	0,05	0,08
GG	0,02		0,05	0,04	0,07	0,03	0,08
PF	0,05	0,05		0,05	0,07	0,05	0,10
PI	0,04	0,03	0,05		0,05	0,03	0,08
PS	0,07	0,06	0,07	0,05		0,07	0,13
SS	0,04	0,03	0,05	0,03	0,06		0,07
TS	0,06	0,06	0,08	0,06	0,11	0,05	

Tabelle 3: Anteil korrekter Zuordnung auf der Basis von 22 Microsatellitenloci

	Anzahl Tiere	Anteil wahrscheinlichster Zuordnungen
Bunte Edelziege	30	53
Gemsfärbige Gebirgsziege	51	82
Pfauenziege	51	88
Pinzgauerziege	43	91
Pinzgauer Strahlenziege	11	73
Steirische Scheckenziege	50	76
Tauernschecken	42	90

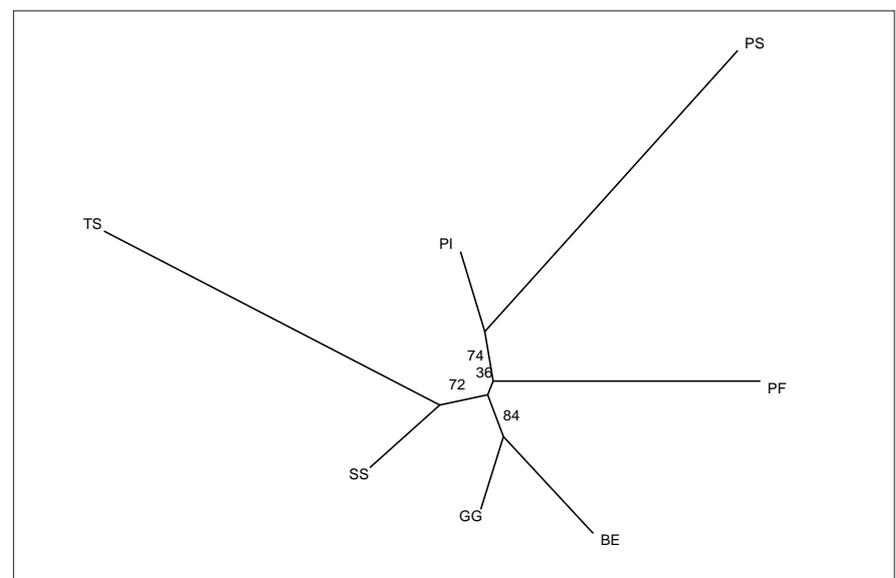


Abbildung 1: Rekonstruierter phylogenetischer Baum für die 7 Populationen auf der Basis der Distanzmatrix mit Nei's minimum distance unter Verwendung der „Neighbor-Joining“-Methode. Bootstrap-Werte aus 100 Stichproben über Loci

wobei die Wahrscheinlichkeit für eine korrekte Zuordnung zwischen 53 % (Bunte Edelziege) und 91 % (Pinzgauerziege) lag. Damit lagen die Wahrscheinlichkeiten für eine korrekte Zuordnung deutlich unter den Werten, die in einer vergleichbaren Studie, für österreichische Schaf-rassen gefunden wurden.

Zusammenfassung und Schlussfolgerungen

Ziel der Arbeit war aufzuzeigen inwiefern in Österreich beheimatete Ziegenpopulationen Bunte Edelziege, Gemsfärbige Gebirgsziege, Pinzgauer Ziege, Pinzgauer Strahlenziege, Pfauenziege, Steirische Scheckenziege und Tauernschecken als eigenständige Rassen anzusehen sind. Hierzu konnten molekulargenetische Informationen von 26 Microsatellitenloci herangezogen werden. Vier Microsatellitenloci wurden aufgrund hochsignifikanter Abweichungen vom Hardy Weinberg Gleichgewicht von den Analysen ausgeschlossen. Im Folgenden sind die wichtigsten Ergebnisse basierend auf 22 Microsatellitenloci kurz zusammengefasst:

- Mit Ausnahme der Pinzgauer Strahlenziege konnten für alle untersuchten Populationen signifikante Unterschiede in der Allelfrequenz an 22 Microsatellitenloci aufgedeckt werden. Es

wird empfohlen, diese Populationen als eigenständige Rassen anzuerkennen. Für die Pinzgauer Strahlenziege war der Stichprobenumfang zu gering, um statistisch abgesicherte Aussagen zu machen.

- Die Pfauenziegen in Österreich sind eine eigenständige Rasse, bei der es in jüngerer Vergangenheit kaum zu Kreuzungen mit anderen heimischen Rassen gekommen sein dürfte. Dies zeigt vor allem die hohe Zahl eindeutig signifikant zuordenbarer Pfauenziegen zu ihrer Rasse.
- Bei Bunter Edelziege und Gemsfärbiger Gebirgsziege weisen die Ergebnisse für Zuordnung von Einzeltieren auf Kreuzungen zwischen diesen beiden Rassen bzw. die Vergabe von falschen Rassenbezeichnungen bis in jüngste Vergangenheit hin. Eine klarere züchterische Trennung muss vor allem im Hinblick auf die Gefährdung der Gemsfärbigen Gebirgsziege angestrebt werden. Verwechslungen von Bunten Edelziegen und Pinzgauerziegen scheinen aufgrund der Zuordnungsergebnisse hingegen unwahrscheinlich.
- Tauernschecken und Steirische Scheckenziegen konnten eindeutig als zwei getrennte Rassen identifiziert werden. Trotz der oberflächlich betrachteten phänotypischen Ähnlichkeit dieser

Rassen, dürfte es in der Praxis kaum zu Verwechslungen kommen. Die phylogenetischen Bäume weisen jedoch auf gemeinsame Ahnen für die beiden Rassen hin.

Literatur

- BAUMUNG, R. und J. SÖLKNER, 2002: Genetische Differenzierung von Schafrassen im Ostalpenraum. Bericht an die Österreichische Nationalvereinigung für Genreserven.
- CORNUET, J.M., S. PIRY, G. LUIKART, A. ESTOUP und M. SOLIGNAC, 1999: New Methods Employing Multilocus Genotypes to Select or Exclude Populations as Origins of Individuals. *Genetics* 153, 1989-2000.
- EDING, J.H., und G. LAVAL, 1999: Measuring genetic uniqueness in livestock. Pp 33-58 In OLDENBROEK (ed.): *Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources*. DLO Institute for Animal Science and Health, Lelystad, The Netherlands.
- NEI, M., 1987: *Molecular evolutionary genetics*. New York. Columbia University press.
- REYNOLDS, J., 1983: Estimation of the coancestry coefficient basis for a short term genetic distance. *Genetics* 105, 767-779.
- SCHWEND, K., 2001: Untersuchungen zur genetischen Variabilität des Kärntner Brillenschafes. Inaugural-Dissertation der Veterinärmedizinischen Universität Wien.
- SIMIANER, H., 2002: Molekulargenetische Differenzierung verschiedener Rotviehpopulationen. Schriftenreihe des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft. 493, Landwirtschaftsverlag GmbH. Münster-Hiltrup.