

Vererbung - Inzucht

R. BAUMUNG und B. FÜRST-WALTL

Zur Problematik der Inzucht

Die Auffassungen über Wert oder Unwert der Inzucht scheinen zu allen Zeiten zwiespältig gewesen zu sein (BIEDERMANN, 1992). Inzucht kann als eine Zuchtmethode zum Einsatz kommen, um bestimmten Eigenschaften in einer Rasse zu „festigen“. Sehr bald wurde jedoch erkannt, dass Inzucht auch zu unerwünschten Nebeneffekten wie Leistungsminderung oder verstärktem Auftreten von Erbkrankheiten führt. Dennoch waren die Auswirkungen auf ganze Populationen meist gering.

Im folgenden Beitrag wird der Begriff der Inzucht erklärt. Insbesondere wird auf die Problematik in kleinen Populationen eingegangen, vor allem im Hinblick auf die in Österreich beheimateten gefährdeten Ziegenrassen.

Definition von Inzucht

Unter Inzucht versteht man die Paarung von überdurchschnittlich eng verwandten Tieren innerhalb einer Population. Verwandt bedeutet, dass die Tiere in ihrem Stammbaum gemeinsame Vorfahren/Ahnen aufweisen. Wenn man Stammbäume zweier Individuen einer Rasse nur weit genug zurückverfolgt, wird man früher oder später immer auf einen gemeinsamen Vorfahren stoßen, die beiden Tiere somit als Verwandte erkennen. Aus diesem Grund ist es notwendig, immer eine bestimmte Vorfahrengeneration – die sogenannte Basisgeneration – zu definieren, wenn man die durchschnittliche Verwandtschaft in einer Population berechnet.

Um den Grad der Inzucht zu beschreiben, wird heute fast ausschließlich der von Sewall WRIGHT vorgeschlagene Inzuchtkoeffizient verwendet. Eine Berechnungsmethode für den Inzuchtkoeffizienten ist die folgende:

$$F = \sum (1)^{n_1+n_2+1} (1+F_A)$$

Dabei ist

F = der Inzuchtkoeffizient des Tieres

n_1, n_2 = die Anzahl an Generationen, die zwischen dem Tier und dem jeweiligen gemeinsamen Vorfahren auf mütterlicher und väterlicher Seite liegen und

F_A = der Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

Die Summierung erfolgt über alle gemeinsamen Ahnen. Das sind jene Vorfahren, die sowohl auf der mütterlichen als auch der väterlichen Seite des Stammbaumes vorkommen. Der Inzuchtkoeffizient beschreibt die Wahrscheinlichkeit inwieweit herkunftsgleiche Gene an einem bestimmten Genort des Tieres auftreten können bzw. Homozygotie (Reinerbigkeit) aufgrund der Abstammung bzw. Herkunftsgleichheit der Gene vorliegt. Das Beispiel in *Abbildung 1* soll dies verdeutlichen.

In diesem Beispiel betrachtet man die einfache Situation einer Halbgeschwisterpaarung.

sterpaarung. Der Einfachheit halber berücksichtigen wir nur einen einzigen Genort (Locus) eines beliebigen Chromosomenpaars, das graphisch dargestellt ist. Wir nehmen dabei an, dass alle Tiere der Basisgeneration Träger von verschiedenen Genvarianten (Allelen) sind. Diese werden durch die Buchstaben a_1, a_2, \dots, c_2 und unterschiedliche Muster gekennzeichnet. Jedes Tier besitzt einen doppelten Chromosomensatz, das heißt, es hat pro Genort ein Allel von seinem Vater und ein Allel von seiner Mutter geerbt. Aus diesem Grund sind für die Ausprägung eines Merkmals also (mindestens) zwei Allele verantwortlich.

Man sieht, dass die beiden Tiere Liesl und Max den gleichen Vater haben - Bock Anton. Erhalten nun Liesl und Max eine Kopie desselben Allels von Anton, kann man sagen, dass Liesl und Max Gene haben, die herkunftsgleich sind.

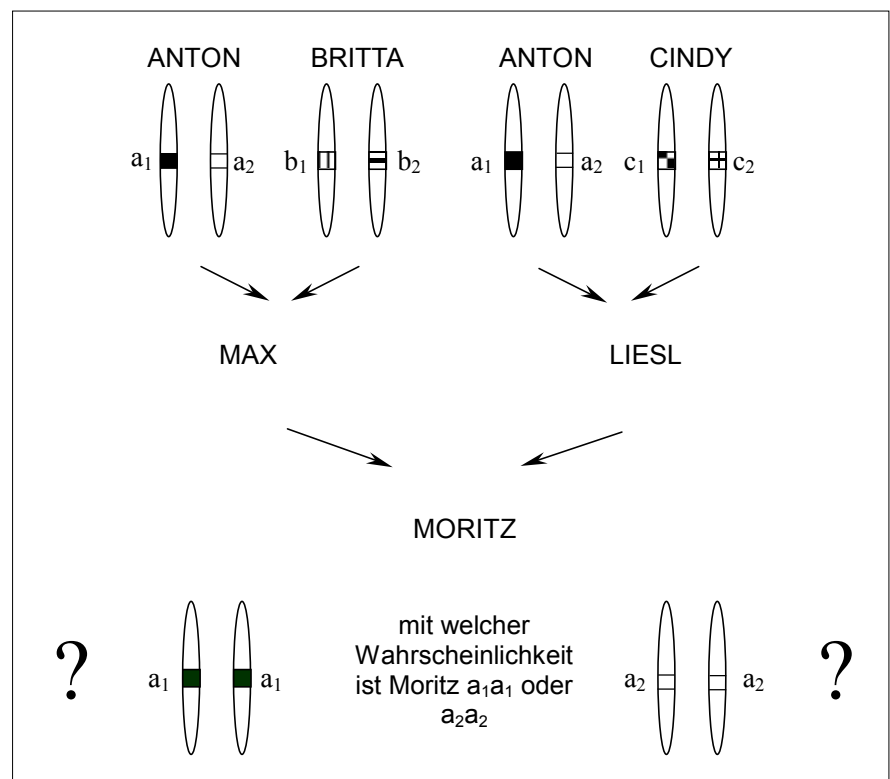


Abbildung 1: Situation einer Halbgeschwisterpaarung

Autoren: Dr. Roswitha BAUMUNG und Dr. Birgit FÜRST-WALTL, Institut für Populationsgenetik, BOKU Wien, Gregor-Mendel-Straße 33, A-1180 WIEN, Email: roswitha.baumung@boku.ac.at und birgit.waltl@boku.ac.at

Der Sohn von Liesl und Max, Moritz, kann nun auf jedem Genort Gene erben, die herkunftsgleich sind.

Zuvor wurde der Inzuchtkoeffizient als Wahrscheinlichkeit definiert, dass beide Gene an einem Genort herkunftsgleich sind. Für Moritz bedeutet das, die Wahrscheinlichkeit, dass er sowohl über Vater und Mutter das Allel a_1 oder das Allel a_2 geerbt hat, dass er also entweder für a_1 oder a_2 homozygot ist. Diese Wahrscheinlichkeit kann mit der angeführten Formel errechnet werden:

$$F = \sum (1)^{n_1+n_2+1}(1+F_A) = (1)^{1+1+1}(1+0) = 0,125$$

Zwischen Moritz und Anton liegt sowohl auf väterlicher, wie mütterlicher Seite eine Generation, daher gilt $n_1=1$ und $n_2=1$. Außerdem ist der gemeinsame Vorfahre Anton nicht ingezüchtet. Folglich gilt $F_A = 0$. Der Inzuchtkoeffizient Moritz beträgt also 0,125 oder 12,5 %.

Wäre die Mutter von Liesl nicht Cindy, sondern ebenfalls Britta, läge also eine Vollgeschwisterpaarung vor, so ergäbe sich ein Inzuchtkoeffizient von

$$F = \sum (1)^{n_1+n_2+1}(1+F_A) = [(1)^{1+1+1}(1+0)] + [(1)^{1+1+1}(1+0)] = 0,25$$

da nicht nur die Allele a_1 und a_2 , sondern auch die Allele b_1 und b_2 der Mutter berücksichtigt werden müssen.

Der Inzuchtkoeffizient ist umso größer, je näher die Eltern miteinander verwandt sind. Am höchsten (0,25) ist er folglich bei Vollgeschwisterpaarungen oder Vater-Tochter-Paarungen. Werte über 0,25 entstehen, wenn der oder die gemeinsamen Ahnen ebenfalls ingezüchtet sind.

Homozygotie und Inzuchtsteigerung

Inzucht bewirkt eine Zunahme der Homozygotie. Das bedeutet, dass die Zahl der Genorte mit herkunftsgleichen Allelen steigt. In der Tierzucht war es immer verlockend, über Inzucht eine allmähliche Homozygotisierung anzustreben, um gewünschte Leistungsmerkmale zu fixieren. Wenn ein Tier an einem Genort homozygot ist (z.B. a_1a_1), kann es folglich an alle seine Nachkommen nur das gleiche Allel vererben. Es ist also reinerbig in bezug auf diesen Genort. Ein heterozygoties Tier (z.B. a_1a_2) gibt im Schnitt an die eine Hälfte seiner Nachkommen das Allel a_1 und an die andere Hälfte das Allel a_2 weiter.

Im allgemeinen steigt die Homozygotie in einer Population nur langsam an, wenn nicht bewusst Inzucht betrieben wird. *Abbildung 2* macht deutlich, dass mit einer einzigen Generation Fremdpaarungen Inzucht aber völlig beseitigt werden kann. Da der Bock Roman keinen gemeinsamen Vorfahren über die väterliche und mütterliche Seite hat, ist sein Inzuchtkoeffizient 0, obwohl der Inzuchtkoeffizient seines Vaters 12,5 % beträgt. Insbesondere bei gefährdeten Tierrassen ist es jedoch oft unmöglich noch gänzlich unverwandte Tiere zu finden und somit durch Fremdpaarungen die Inzucht zu „brechen“.

Betrachtet man eine bestimmte Population, so kommt es ohne Einkreuzung automatisch zu einer Inzuchtsteigerung pro Generation, da eine Population nur aus einer begrenzten Anzahl von Tieren besteht. Näherungsweise kann man diese Inzuchtsteigerung bei Zufallspaarung mit der folgenden Formel beschreiben:

$$\Delta F = \frac{1}{8N_{\text{männlich}}} + \frac{1}{8N_{\text{weiblich}}}$$

wobei

ΔF = Steigerung des Inzuchtkoeffizienten pro Generation und

N = Anzahl männlicher bzw. weiblicher Tiere in der Population

Aus dieser Formel geht hervor, dass die Steigerung der Inzucht von der Populationsgröße abhängig ist: je kleiner die Population, umso stärker steigt die Inzucht. Da die Anzahl der weiblichen Tiere in unseren Nutztierassen üblicherweise relativ groß ist, bedeutet dies, dass die Inzuchtsteigerung praktisch nur von der Anzahl der männlichen Tiere bestimmt wird.

Inzuchtdepression

Mit den vorhergehenden Beispielen konnte gezeigt werden, dass Inzucht die

Heterozygotie vermindert und die Homozygotie erhöht. Damit taucht auch das Problem des vermehrten homozygoten Auftretens von rezessiven Allelen auf. Diese treten in Zusammenhang mit einem sogenannten dominanten Erbgang auf. Das bedeutet, dass ein Allel sich im Vergleich zum anderen „durchsetzt“, weshalb man es als dominant bezeichnet. Gleichzeitig wird das andere Allel, das rezessive, in seiner Wirkung unterdrückt. Ist zum Beispiel das Allel S für schwarze Fellfarbe dominant und das Allel r für rote Fellfarbe rezessiv, so sind heterozygote Tiere Sr schwarz, weil S über r dominiert. Ein solches Tier ist jedoch Träger des Farbgens r, das es an seine Nachkommen vererben kann. Nur bei für r homozygoten Tieren kann das rezessive Allel seine Wirkung zeigen: diese haben dann ein rotes Fell.

Abgesehen von diesen Farbgenen sind auch viele unerwünschte rezessive Gene in den Heterozygoten „versteckt“, so dass bei Verminderung der Heterozygoten durch Inzucht diese unerwünschten Gene verstärkt zur Wirkung kommen können. Zur traurigen Berühmtheit sind bestimmte Erbkrankheiten in verschiedenen Rinderrassen gelangt, wie Weaver und spinale Muskelatrophie oder auch die Immunkrankheit BLAD. Auch bei kleinen Wiederkäuern treten Erbkrankheiten auf. Deren Erfassung ist aber wegen der meist extensiven Haltung erschwert (GAILLARD, 1997). Hinzu kommt, dass die erfassten Fälle nicht informativ sind (unbekannte Elternteile). Daher ist der Nachweis des Erbganges oft noch nicht zuverlässig geklärt. Häufiger auftretende Erbfehler bei Ziegen sind Kieferanomalien, Kryptorchiden oder Kropf.

Inzucht erhöht also das Auftreten von unerwünschten genetischen Effekten, die durch rezessive Allele bedingt werden.

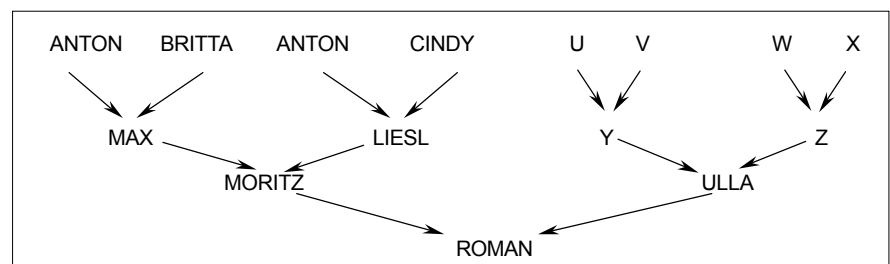


Abbildung 2: Mit einer einzigen Generation Fremdpaarungen kann Inzucht völlig beseitigt werden

Nicht alle dieser Allele führen zu schweren Krankheiten oder gar zum Tod des Tieres, viele von ihnen mindern die Produktion (z.B. Milchleistung) oder die Reproduktion (Fruchtbarkeit). Durch Inzucht bedingte Leistungsmininderungen oder Fruchtbarkeitsverringering bezeichnet man als Inzuchtdepression. Den gerade umgekehrten Effekt, nämlich besonders hohe Leistungen und Fruchtbarkeit, kann man vor allem bei Kreuzungstieren beobachten, deren Eltern praktisch völlig unverwandt sind, da sie aus verschiedenen Populationen stammen.

Die Inzuchtdepression wird üblicherweise je % Inzuchtsteigerung ausgedrückt. Neben dem Inzuchtkoeffizienten hängt die Inzuchtdepression auch von den mittleren Allelfrequenzen und dem Dominanzgrad ab. Merkmale, an denen keine Allele mit Dominanzwirkung beteiligt sind, zeigen daher keine Inzuchtdepression, für Allele mit mittleren Allelfrequenzen und stark ausgeprägter Dominanz ist sie am höchsten. Inzuchtdepression ist daher im allgemeinen bei Fitness-Merkmalen am stärksten, da bei Allelen, die die Fitnessmerkmale betreffen, Dominanz eine größere Rolle spielt als bei Allelen, die andere Merkmale betreffen. Dies lässt sich durch einen stärkeren Selektionsdruck auf Fruchtbarkeits- und Vitalitätsmerkmale erklären, da diese für die Erhaltung einer Art von großer Bedeutung sind. Bedingt durch die natürliche Selektion wird die additiv genetische Varianz sehr klein (niedrige Heritabilität), da sich nur jene Tiere durchsetzen können, die nahe am Optimum liegen, während es zu einer relativen Anhäufung dominanter und überdominanter Genwirkungen kommt.

Die Situation bei heimischen Ziegenrassen

Bei der Viehzählung im Dezember 2001 wurden 59.452 Ziegen erfasst. Die häufigsten Rassen in Österreich sind Saanenziegen bzw. Weiße und Bunte Deutsche Edelziegen, sowie die Toggenburgerziegen.

Vier heimische Ziegenrassen werden offiziell als gefährdet eingestuft. Dazu zählt die Gämbsfärbige Gebirgsziege, die Tauernschecken Ziege, die Pinzgauer Ziege und die Steirische Scheckenziege. In *Tabelle 1* ist die Zahl der Herdebuchtiere im Jahr 1997 und 2002 angeführt.

Tabelle 1: Herdbuchbestand gefährdeter Ziegenrassen in Österreich (FISCHERLEITNER, 2002)

| Rasse | Herdbuchtiere | |
|---------------------------|---------------|------|
| | 1997* | 2002 |
| Gämbsfärbige Gebirgsziege | 552 | 1572 |
| Tauernschecken Ziege | 97 | 242 |
| Pinzgauer Ziege | 69 | 290 |
| Steirische Scheckenziege | 14 | 72 |

* Erhebung zum Teil unvollständig

Erfreulicherweise konnte in den letzten Jahren wieder eine Zunahme an Herdebuchtieren verzeichnet werden. Aufgrund der dennoch sehr geringen Tierzahl ist mit einer rascheren Inzuchtsteigerung zu rechnen als bei großen Populationen. Damit verbunden besteht die Gefahr des Verlustes an genetischer Variabilität und des Auftretens von Inzuchtdepression. Gerade eine Verringerung der Vitalität erhöht aber das Risiko, dass diese Rassen „aussterben“. Um ihr Überleben zu sichern, werden mittlerweile teils spezielle Anpaarungsstrategien verfolgt, deren Ziel es ist, die Inzucht nur langsam ansteigen zu lassen. Besonders bei der Tauernschecken Ziege konnte ein rascher Anstieg der In-

zucht dadurch vermieden werden. Bei der Pinzgauer Ziege und bei der Steirischen Scheckenziege sind die Abstammungsinformationen jedoch so lückenhaft, dass die tatsächliche Inzucht in der aktuellen Population nicht abgeschätzt werden kann.

Schlussbetrachtung

Heute gilt als unumstritten, dass ein rascher Anstieg der Inzucht in einer Population mit negativen Auswirkungen vor allem im Bereich der Fruchtbarkeit und Vitalität einhergeht. Gerade in kleinen Populationen ist folglich auf eine Vermeidung enger Verwandtenpaarungen zu achten. Zusätzlich sollte eine möglichst große Zahl von männlichen Tieren zum Einsatz kommen. Im Gegensatz zu großen Populationen ist das „Brechen“ der Inzucht über Fremdpaarungen oft nicht mehr möglich, da keine unverwandten Tiere vorhanden sind. Diese Probleme wurden glücklicherweise von Österreichs Ziegenzüchtern erkannt, sodass die Überlebenschancen auch für die alten heimischen Ziegenrassen deutlich gestiegen sind.

Literatur

- BIEDERMANN, G., 1992: Zur Problematik der Inzucht in kleinen Haustierpopulationen. In „Genetische und methodische Probleme bei der Erhaltung alter Haustierrassen in kleinen Populationen“ Vortragsveranstaltung der Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V. und der Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde e.V. am 14.10.1992, Witzhausen, Deutschland.
- FISCHERLEITNER, F., 2002: Die gefährdeten Nutztierassen Österreichs. ÖNGENE Österreichische Nationalvereinigung für Genreserven.
- GAILLARD, C., 1997: Schafe und Ziegen. In „Tierzucht und allgemeine Landwirtschaftslehre für Tiermediziner“ Kräublich, H. und G. BREM, (Eds.) Ferdinand Enke Verlag Stuttgart.