

Aus dem Institut für Tierzucht und Haustiergenetik  
der Justus-Liebig-Universität Gießen  
Betreuer: Prof. Dr. H. Brandt



# **Erhaltung der Population der Bentheimer Landschaft unter Minimierung der Inzucht und Berücksichtigung der Zucht auf Scrapie-Resistenz**

INAUGURAL-DISSERTATION  
zur Erlangung des Grades eines Dr. agr.  
beim Fachbereich Agrarwissenschaften, Ökotrophologie  
und Umweltmanagement  
der Justus-Liebig-Universität Gießen

eingereicht von  
Dipl.-Ing. agr. und Tierarzt Henrik W. Wagner  
aus Püttlingen

Gießen 2009

---





## **Bibliografische Informationen der Deutschen Bibliothek**

Die Deutsche Bibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie;  
Detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <http://dnb.ddb.de> abrufbar.

1. Auflage 2009

© 2009 by Verlag: **Deutsche Veterinärmedizinische Gesellschaft Service GmbH**, Gießen  
Printed in Germany

ISBN 978-3-941703-43-8

Verlag: DVG Service GmbH  
Friedrichstraße 17  
35392 Gießen  
0641/24466  
[geschaeftsstelle@dvg.net](mailto:geschaeftsstelle@dvg.net)  
[www.dvg.net](http://www.dvg.net)

Aus dem Institut für Tierzucht und Haustiergenetik  
der Justus-Liebig-Universität Gießen  
Betreuer: Prof. Dr. H. Brandt

**Erhaltung der Population der Bentheimer Landschaft  
unter Minimierung der Inzucht und  
Berücksichtigung der Zucht auf Scrapie-Resistenz**

INAUGURAL-DISSERTATION  
zur Erlangung des Grades eines Dr. agr.  
beim Fachbereich Agrarwissenschaften, Ökotoxikologie  
und Umweltmanagement  
der Justus-Liebig-Universität Gießen

eingereicht von  
Dipl.-Ing. agr. und Tierarzt Henrik W. Wagner  
aus Püttlingen

Gießen 2009

---

Mit Genehmigung des Fachbereichs  
Agrarwissenschaften, Ökotrophologie und Umweltmanagement

Dekan: Prof. Dr. I.-U. Leonhäuser

Prüfungskommission:

Vorsitzender: Prof. Dr. G. Leithold

1. Gutachter: Prof. Dr. H. Brandt

2. Gutachter: Prof. Dr. G. Erhardt

Prüfer: Prof. Dr. D. Steffens

Prüfer: Prof. Dr. R. Waßmuth

Tag der mündlichen Prüfung: 12.11.2009

Die Arbeit wurde aus Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) finanziert.

---

*Um ein tadelloses Mitglied einer Schafherde sein zu können,  
muss man vor allem ein Schaf sein.*

*Albert Einstein*

---

## INHALTSVERZEICHNIS

1	Einleitung .....	1
2	Literaturübersicht .....	3
2.1	<b>Das Bentheimer Landschaf und seine Zuchtgeschichte.....</b>	<b>3</b>
2.2	<b>Populationsgröße und -verteilung der Bentheimer Landschaft in Deutschland.....</b>	<b>6</b>
2.3	<b>Tierzucht innerhalb kleiner Populationen .....</b>	<b>8</b>
2.3.1	Tiergenetische Ressourcen und Erhaltungszucht .....	9
2.3.1.1	Tiergenetische Ressourcen in Deutschland .....	9
2.3.1.2	Erhaltungszucht .....	13
2.3.1.2.1	In-situ-Erhaltung .....	13
2.3.1.2.2	Ex-situ-Erhaltung .....	14
2.3.1.2.3	Probleme der Erhaltungszucht beim Bentheimer Landschaf .....	15
2.3.1.2.4	Erhaltungszucht in kleinen Populationen .....	17
2.4	<b>Die Scrapie-Erkrankung beim Schaf.....</b>	<b>21</b>
2.4.1	Klassische Scrapie .....	22
2.4.1.1	Ätiologie, Pathogenese, Symptomatik und Therapie .....	22
2.4.1.2	Züchterische Möglichkeiten zur Eradikation der klassischen Scrapie .....	23
2.4.2	Atypische Scrapie .....	26
2.4.2.1	Ätiologie, Pathogenese, Symptomatik und Therapie .....	26
2.4.2.2	Eradikationsmöglichkeiten der atypischen Scrapie.....	27
2.4.3	Politische Vorgaben zur Scrapie-Bekämpfung .....	27
2.4.4	Die Scrapie-Problematik beim Bentheimer Landschaf .....	29
2.5	<b>Herdbuch-Software inklusive Stammbaumanalyse.....</b>	<b>30</b>
2.6	<b>Ziel der eigenen Untersuchung .....</b>	<b>31</b>
3	Datenmaterial und Methoden .....	33
3.1	<b>Datenmaterial .....</b>	<b>33</b>
3.1.1	Herkünfte und Zusammensetzung der Herdbuchdaten .....	34
3.1.1.1	Berlin-Brandenburg.....	34
3.1.1.2	Bayern .....	35

---

3.1.1.3	Niedersachsen.....	35
3.1.1.4	Nordrhein-Westfalen.....	35
3.1.1.5	Rheinland-Pfalz.....	36
3.1.1.6	Saarland.....	36
3.1.1.7	Schleswig-Holstein.....	37
3.1.1.8	Weser-Ems.....	37
3.1.2	Vollständigkeit der Daten.....	38
<b>3.2</b>	<b>Methoden.....</b>	<b>39</b>
3.2.1	Zusammenführung der Daten zu einer überregionalen Datenbank.....	39
3.2.2	Das Populations-Management Programm OPTI-MATE.....	40
3.2.3	Statistische Methoden.....	40
3.2.3.1	Analyse der Inzuchtkoeffizienten.....	40
3.2.3.2	Analyse der Inzuchtdepression.....	41
3.2.3.3	Berechnung des Vollständigkeitsindex nach Schmidt.....	41
<b>4</b>	<b>Ergebnisse.....</b>	<b>43</b>
<b>4.1</b>	<b>Zusammenführung der Herdbuchdaten.....</b>	<b>43</b>
<b>4.2</b>	<b>Populationsdaten der Bentheimer Landschaft.....</b>	<b>46</b>
4.2.1	Aktive Zuchtpopulation.....	46
4.2.2	Betrachtung der Inzucht.....	47
4.2.3	Betrachtung der Inzuchtdepression.....	54
4.2.4	Bocklinienidentifizierung.....	55
<b>4.3</b>	<b>Betrachtung der Genotyp- und Allelfrequenzen.....</b>	<b>56</b>
4.3.1	Genotypfrequenzen.....	56
4.3.2	Allelfrequenzen.....	61
<b>5</b>	<b>Diskussion.....</b>	<b>63</b>
<b>5.1</b>	<b>Zusammenführung der Herdbuchdaten.....</b>	<b>63</b>
5.1.1	Verwendete Herdbuchkennzeichnungssysteme der Zuchtverbände und deren Probleme.....	63
5.1.2	Validität der Zuchttierdaten innerhalb eines Zuchtverbandes.....	65
5.1.3	Validität und Austausch der Zuchttierdaten zwischen den Zuchtverbänden.....	67
5.1.4	Kumulative Aspekte bei der Zusammenführung.....	68

---

---

<b>5.2</b>	<b>Populationsdaten der Bentheimer Landschaft.....</b>	<b>71</b>
5.2.1	Aktive Zuchtpopulation.....	71
5.2.2	Bocklinienverteilung .....	72
5.2.3	Inzucht.....	74
5.2.3.1	Inzucht in Abhängigkeit vom Scrapie-Genotyp.....	77
5.2.4	Inzuchtdepression.....	78
5.2.5	Genotyp- und Allelfrequenzen .....	80
<b>5.3</b>	<b>Praxisbeispiele .....</b>	<b>82</b>
<b>5.4</b>	<b>Ausblicke.....</b>	<b>86</b>
5.4.1	Ausblick für die Rasse Bentheimer Landschaft .....	86
5.4.2	Ausblick für die Erstellung überregionaler Zuchtbücher und Datenbanken....	87
6	Zusammenfassung.....	89
7	Summary.....	91
8	Literaturverzeichnis .....	93
9	Anhang.....	107
10	Danksagung.....	108

## Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Anzahl der Herdbuchtiere des Bentheimer Landschafts zwischen 1960 und 2006. ....	7
Abbildung 2: Regionale Verbreitung von Erhaltungsprogrammen (Quelle: FAO, 2007a) .....	21
Abbildung 3: Mittelwert des Inzuchtkoeffizienten (F in %) der aktiven (a) bzw. inaktiven Zuchttiere (b) für alle Tiere (inzkoeff) und für Individuen, die in der 5. Generation 60 % (inzk5_60) bzw. 80 % (inzk5_80) bekannte Ahnen besitzen.....	48
Abbildung 4: Mittelwert des Inzuchtkoeffizienten (F in %) der weiblichen aktiven (a) bzw. inaktiven Zuchttiere (b) für alle Tiere (inzkoeff) und für Individuen, die in der 5. Generation 60 % (inzk5_60) bzw. 80 % (inzk5_80) bekannte Ahnen besitzen.....	49
Abbildung 5: Mittelwerte des Inzuchtkoeffizienten (F in %) der männlichen aktiven (a) bzw. inaktiven Zuchttiere (b) für alle Tiere (inzkoeff) und für Individuen, die in der 5. Generation 60 % (inzk5_60) bzw. 80 % (inzk5_80) bekannte Ahnen besitzen.....	50
Abbildung 6: Übersicht der mittleren Inzuchtkoeffizienten in den Geburtsjahren 1990–2007 für alle Tiere (inzkoeff) und für Individuen, die in der 5. Generation 60 % (inzk5_60) bzw. 80 % (inzk5_80) bekannte Ahnen besitzen. ....	51
Abbildung 7: Übersicht der einzelnen Inzuchtkoeffizienten bei verschiedenen Scrapie-Genotypen für alle Tiere (inzkoeff) und für Individuen, die in der 5. Generation 60 % (inzk5_60) bzw. 80 % (inzk5_80) bekannte Ahnen besitzen.....	52
Abbildung 8: Häufigkeitsverteilung der aktiven Bocklinien für die Bentheimer-Landschaft-Population. ....	56
Abbildung 9: Anzahl typisierter Tiere (Alle, Aktiv, Inaktiv) für die Genotypen ARR/ARR, ARR/XXX und XXX/XXX. ....	59
Abbildung 10: Vorkommen des Scrapie-Genotyps ARR/ARR, ARR/XXX und XXX/XXX in der aktiven (a) bzw. inaktiven Gesamtpopulation (b) und getrennt für die weiblichen und männlichen Zuchttiere. ....	60

Abbildung 11: Scrapie-Genotyp (SGT)-Allelfrequenzen für aktive (a) bzw. die  
inaktiven Zuchttiere (b). .....62

Abbildung 12: Auszug des Auktionskataloges der Eliteauktion in Uelsen aus dem  
Jahr 2008. Über die roten Linien sind identische Tiere mit jedoch  
unterschiedlichen Kennzeichnungen verbunden. ....85

---

**Tabellenverzeichnis**

Tabelle 1: Herdbuch (HB)-Bestandszahlen des Bentheimer Landschafes, Stand 01.01.06 (MENDEL, 2006) .....	7
Tabelle 2: Gefährdungskategorien des Nationalen Fachprogrammes (BMELV, 2008), .....	10
Tabelle 3: Übersicht über die Inzuchtraten ( $\Delta F$ ) pro Generation (%) bei verschiedenen vom Aussterben bedrohten Haustierrassen. ....	18
Tabelle 4: Anzahl der bestätigten TSE-(Scrapie)-Fälle in Deutschland von 1990–2009 (Stand: April 2009) .....	22
Tabelle 5: Die Scrapie-Genotyp(SGT)-Klassen mit ihren verschiedenen Allelkombinationen. ....	24
Tabelle 6: Fehlende Eintragungen (o. E. = ohne Eintrag) von Vätern, Müttern und Geburtsdaten (Geb.dat.) innerhalb der einzelnen Zuchtverbände (ZVB), .....	38
Tabelle 7: Unterschiedliche Eintragungen am Beispiel des Bocks „Oskar“ bzw. „Dirk“ mit Tiernummer, Zuchtverband (ZVB), Name, Geburtsdatum (Geb.dat.), Vaternummer, Zuchtverband des Vaters (V_ZVB), Mutternummer und Zuchtverband der Mutter (M_ZVB; gelb hinterlegt = korrekte Eintragung), .....	44
Tabelle 8: Anzahl (n) der Datensätze der männlichen ( $\sigma$ ) und weiblichen ( $\varphi$ ) Zuchttiere innerhalb der Zuchtverbände (ZVB) vor und nach den Plausibilitätskontrollen und der Anteil (%) gelöschter Datensätze.....	45
Tabelle 9: Häufigkeitsverteilung der aktiven Zuchttiere innerhalb 6 verschiedener Geburtsklassen. ....	46
Tabelle 10: Angabe der Signifikanzen des Scrapie-Genotyps (SGT), des Geschlechts (SEX) und der Interaktion von Scrapie-Genotyp mit dem Geschlecht (SGT * SEX) mit den Inzuchtkoeffizienten (inzkoeff, inzk5_60, inzk5_80), .....	53
Tabelle 11: Deskriptive Statistik für die Parameter Wolle, Exterieur, Bemuskelung, inzk2, inzk5_60 und inzk5_80. ....	54
Tabelle 12: Regressions- (b) und Korrelationskoeffizienten (r) zwischen den Parametern inzk2, inzk5_60, inzk5_80 mit den Parametern Wolle, Exterieur und Bemuskelung, .....	55
Tabelle 13: Scrapie-Genotyp(SGT)-Verteilung bei den aktiven Zuchttieren. ....	57
Tabelle 14: Scrapie-Genotyp(SGT)-Verteilung bei den inaktiven Zuchttieren. ....	58

Tabelle 15: Praxisbeispiel einer Zuchtberatung für einen Betrieb mit den gewünschten Parametern Geschlecht (Sex), Name, Inzuchtkoeffizient  $F$  (%), den Inzucht-Verursacher, den Stammvater und die Bocklinie.....83

## **Verzeichnis der Tabellen im Anhang**

Anhang Tabelle A: Herkunft der Bocklinien innerhalb der Bentheimer-Landschaf-Zucht. .....	107
Anhang Tabelle B: Ziele des Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung tiergenetischer Ressourcen. ....	107

---

## Abkürzungsverzeichnis

B	Bayern
BB	Berlin-Brandenburg
BLE	Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
BLUP	Best linear unbiased prediction
BMELV	Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz
BSE	Bovine Spongiforme Enzephalopathie
BY	Bayern
bzw.	beziehungsweise
CD	Compact Disc
d.h.	das heißt
DGfZ	Deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde e.V.
DVG	Deutsche Veterinärmedizinische Gesellschaft e.V.
EFSA	European Food Safety Authority
etc.	et cetera
EU	Europäische Union
FAO	Food and Agriculture Organisation of the United Nations
GEH	Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V.
HB	Herdbuch
HE	Hessen
INZKOEFF	Inzuchtkoeffizient
M_ZVB	Zuchtverband der Mutter
$N_e$	effektive Populationsgröße
NGO	Non-governmental Organisation
NRW	Nordrhein-Westfalen
NS	Niedersachsen
o.Ä.	oder Ähnliches
PC	Personal Computer
PrP	Prionprotein
RH	Rheinland
RP	Rheinland-Pfalz
SAS	Statistical Analysis Software

SAVE	Safeguard for Agricultural Varietis in Europe
SGT	Scrapie-Genotyp
SH	Schleswig-Holstein
SR	Saarland
TSE	Transmissible spongiforme Enzephalopathie
u.Ä.	und Ähnliches
V_ZVB	Zuchtverband des Vaters
VDL	Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände e.V.
VIT	Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.
VO	Verordnung
WE	Weser-Ems
ZNS	Zentrales Nervensystem
ZVB	Zuchtverband

# 1 Einleitung

Weltweit wird seit der „*International Convention on Biological Diversity*“ im Jahr 1992 (Agenda 21) verstärkt die Erhaltung der biologischen Vielfalt gefordert. Diese Erhaltung genetischer Vielfalt ist im deutschen TIERZUCHTGESETZ ebenfalls ein fest verankertes Ziel. Darin wird gefordert, dass neben der Steigerung der Leistungsfähigkeit, der Wirtschaftlichkeit und der Qualität der tierischen Produkte auch gleichzeitig auf die Erhaltung der genetischen Breite geachtet werden soll. Im Bereich der Schafhaltung wird die Notwendigkeit zur Erhaltung der genetischen Vielfalt besonders deutlich, denn europaweit werden ca. 185 Millionen Schafe gehalten (ca. 18% des Weltbestandes), aber fast die Hälfte (48 %) aller weltweit gehaltenen Rassen kommen aus Europa (PETER, 2006).

In Deutschland werden über die Zuchtverbände 67 Schafrassen züchterisch betreut (VDL, 2007). Darunter fallen auch mehrere Schafrassen, die unter anderem durch ihre kleinen Populationsstrukturen im Fortbestand gefährdet sind. Diese vom Aussterben bedrohten Rassen werden von der einzigen *Non-Governmental Organisation* (NGO) in Deutschland (BMELV, 2004), der *Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V.* (GEH) auf einer Roten Liste geführt, um Schafhalter und -züchter auf den Gefährdungsstatus hinzuweisen. Diese Rote Liste wird gemeinsam von Fachleuten und den Mitgliedern der GEH jährlich aktualisiert. Als Grundlage dienen neben den Populationsdaten auch die Verwandtschaftsverhältnisse und weitere Faktoren, wie z.B. eine rein zentrale Haltung, Überalterung der Züchterstruktur oder die Tierseuchengefahr. Diese Rote Liste muss differenziert von der Liste betrachtet werden, die die *Food and Agriculture Organisation* (FAO) erstellt. Die FAO-Liste umfasst ebenfalls ein Ranking der gefährdeten Nutztierassen. Dieses Ranking basiert allerdings ausschließlich auf der Berechnung der effektiven Populationsgröße ( $N_e$ ). Tatsächliche Verwandtschaftsverhältnisse oder andere bestandsgefährdende Faktoren werden jedoch nicht berücksichtigt.

Das Bentheimer Landschaf ist solch eine gefährdete Rasse, die seit 1934 in Deutschland züchterisch betreut wird. Diese Rasse durchlief in der Vergangenheit einen genetischen Flaschenhals (WAGNER ET AL., 2005) und es wurden sogar andere Schafrassen eingekreuzt, um die Population zu erhalten. In den letzten Jahren erfuhr diese Rasse einen Aufschwung bei den Schafzüchtern und konnte ihre eigene Nische bei Schafhaltern zurückerobern.

Mit dem im Zuge der BSE-Krise entstandenen starken Verbraucherschutzgedanken wurde die Scrapie-Erkrankung beim Schaf ebenfalls kontrolliert. Durch diese Intensivierung der Scrapie-Überwachung und der damit einhergehenden gefundenen Korrelation bestimmter Allele des Prionproteinlocus zum Erkrankungsrisiko, steht der gestärkte Bestand der Bentheimer Landschaft vor dem Problem, erneut einen genetischen Flaschenhals zu durchlaufen. Die Ausgangsfrequenz der gewünschten *ARR*-Allele beim Bentheimer Landschaft lag zum Zeitpunkt der Bestandserhebung nur bei 6,2 % (BRANDT ET AL., 2004A). Durch die züchterische Möglichkeit der Eradikation der klassischen Scrapie erfolgte eine Bevorzugung der selten gewordenen männlichen *ARR*-Träger, die später sogar gesetzlich bindend vorgeschrieben wurde. Diese Bevorzugung kann zur Folge haben, dass die ohnehin wenigen vorhandenen Vaterlinien eingeeengt und verloren gehen können (BRANDT ET AL., 2004A). Durch Untersuchungen von WAGNER ET AL. (2005) konnte gezeigt werden, dass die genetische Variabilität der Bentheimer Landschaft im Vergleich zu anderen Schafrassen deutlich eingeschränkt ist und durch die TSE-RESISTENZZUCHTVERORDNUNG, ohne bedachte Selektion wie BRANDT ET AL. (2004A) vorgeben, noch stärker in ihrem Fortbestand gefährdet sind.

Das Ziel dieser Arbeit besteht erstens in der Überführung aller verfügbaren Herdbuchinformationen von den acht regionalen Zuchtverbänden in eine einheitliche Datenbank für alle Bentheimer Landschaft in Deutschland und zweitens in der Berechnung von Populationsparametern für die aktive Population (Inzucht und Allelfrequenzen der Prion-Proteine), sowie der Identifizierung der verbliebenen Bocklinien und der Entwicklung eines Zuchtprogramms, um die Inzucht zu minimieren. Dabei sollen die vorhandenen Bocklinien und die Scrapie-Resistenzucht berücksichtigt werden. Diese Arbeit stellt die bisher einzige, grundlegende Aufarbeitung einer deutschen Schafrasse dar und die Vorgehensweise kann auf andere Rassen transferiert werden. Sie gilt als Modell- und Demonstrationsvorhaben in der biologischen Vielfalt und wurde mit Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) gefördert.

## 2 Literaturübersicht

### 2.1 Das Bentheimer Landschaf und seine Zuchtgeschichte

Erstmals wurde ein Schaf, das phänotypisch dem Bentheimer Schaf gleicht, bei MAY (1868A) erwähnt. Dieser beschreibt ein Schaf, das als „gewöhnliches deutsches Schaf“ bekannt war. Phänotypisch deutet seine Beschreibung auf das heutige Bentheimer Landschaf hin. Namentlich wurde es bei MAY (1868B) noch nicht erwähnt. Erst bei HERTER UND WILSDORF (1918) wird das Bentheimer Schaf namentlich angesprochen. *„Demnach scheint es sich beim Bentheimer vor 1918 noch nicht um eine fest umrissene, klar definierte Rasse gehandelt zu haben.“*, vermutet SAMBRAUS (1994).

Den Rassenamen hat dieses Schaf von der Grafschaft Bentheim aus dem Weser-Emsland bekommen. Sie liegt im äußersten Westen Niedersachsens, an der Grenze zu den Niederlanden. Im damaligen Emsland konnte sich bei einem höheren Acker- und Grünlandanteil ein etwas anspruchsvolleres Schaf entwickeln als in den anderen Gebieten Niedersachsens (GERDES, 2002). Dazu wurden die damals eingesetzten bodenständigen Heideschafe durch Einkreuzung verschiedener Rassen weiterentwickelt. Aufgrund der lokalen Nähe zu den Niederlanden wurden auch Böcke von Heideschafen niederländischer Herkunft eingesetzt. Aus der dortigen Provinz Drenthe wurde unter anderem das damalige Drenthe Heideschaf, das selbst eine Kreuzung aus Drenthe Schaf und Schoonebecker Schaf war, in die Heideschafe der Grafschaft Bentheim eingekreuzt. Somit konnte züchterisch ein größeres, ähnlich anspruchloses Heideschaf gewonnen werden, das allerdings mehr Leistungspotenzial in sich vereint. So lieferte das neue Heideschaf der Grafschaft Bentheim mehr Fleisch, hat eine höhere Fruchtbarkeit und war sehr robust und damit immer noch geeignet, die entsprechenden Flächen zu pflegen. In Deutschland erfolgte erstmals 1934 die Anerkennung dieser Schafrasse als eigenständige Rasse mit dem Namen *Bentheimer Landschaf* und damit einhergehend die züchterische Bearbeitung dieser Rasse. Es wurde mit der Gründung von Stammherden begonnen, und insbesondere in den Krupp'schen Herden (Meppen) wurde diese Rasse weiterentwickelt (SAMBRAUS, 1994). Das Bentheimer Landschaf erfuhr in den Folgejahren einen Aufschwung, der 1948 einen Höhepunkt erreichen sollte. In dem Jahr 1948 wurden bei einer Zählung 14.850 Bentheimer Landschaften festgestellt (SCHARNHÖLZ, 1987). 1955 gab es dann wiederum nur noch 2497 Tiere (SAMBRAUS, 2001). Ab diesem Zeitpunkt sanken die Bestandszahlen weiter. Durch die gute Pflegeleistung der Heiden und Moore war

es regional in Niedersachsen eine bedeutende Rasse geworden. Doch genau darin liegt auch die stetige Bestandsverkleinerung begründet, denn „im Zuge des Rückganges der Heiden und Moore und der Ödland-Kultivierung gingen die Bestände jedoch stark zurück“ (GERDES, 2002). Der Tiefpunkt der Zucht dieser Schafrasse wurde um 1970 erreicht (*Abbildung 1*). Hier hielten drei Züchter nur noch 50 Herdbuchtiere des Bentheimer Landschafes. In den Jahren danach stieg zwar die Zahl der Herdbuchhalter und damit auch der Herdbuchtiere, doch bei den geringen Bestandszahlen war es nicht mehr möglich, das Bentheimer Landschaf ohne Inzucht in seinem ursprünglichen Typ zu erhalten. Es wurde im Folgenden überlegt, andere Schafrassen einzukreuzen, und die Zuchtleitung entschloss sich gegen Ende der 80er-Jahre, Böcke der französischen Rasse Causses du Lot einzusetzen. Diese Böcke führten vermehrt zu stärkerem Muskelansatz und veränderten das Wollvlies und deren Feinheitsgrad nachhaltig. Doch von diesen Böcken kam in den meisten Herden nur der Bock *Didier* zum Einsatz. Vereinzelt wurden auch Rhönschaf- und erneut Schoonebeeker sowie Drenthe Heideschafböcke zum Deckeinsatz gebracht. Somit konnte wieder genug „frisches Blut“ in die Population eingebracht und die Erhaltungszucht des Bentheimer Landschafes weitergeführt werden.

Heute geht die Bentheimer Zucht auf insgesamt 9 Bocklinien zurück (GERDES, 1995), wobei nur 3 Linien aus Deutschland stammen (*Anhang Tabelle A*). Verschiedene Institutionen setzten diese Schafrasse auf ihre Rote Liste, die vom Aussterben bedrohte Nutztierassen enthält. Dadurch bedingt erhielt diese Landschaftsrasse einen zusätzlichen Aufschwung, denn es interessierten sich fortan auch vermehrt Züchter aus anderen Gebieten für diese Rasse. Somit konnte ein wichtiges Ziel bei der Erhaltung gefährdeter Bestände erreicht werden: die Dezentralisierung der Haltung. Ferner gibt es derzeit in einem Bundesland (Niedersachsen) eine Erhaltungsprämie für diese Schafrasse, was natürlich einen weiteren Anreiz für Züchter darstellt, diese Rasse züchterisch zu bearbeiten.

Seit 15 Jahren ist es Tradition, dass alljährlich im Ursprungsgebiet der Bentheimer Landschaftsrasse, der Grafschaft Bentheim (an der Reithalle Uelsen), eine bundesweit einmalige (Elite-) Absatzveranstaltung für Tiere dieser Rasse stattfindet. Hier treffen sich die meisten Züchter Deutschlands, um ihre Tiere von einer zuchtverbandsübergreifenden Körkommission bewerten zu lassen und über gemeinsame Zuchtziele zu diskutieren. Diese bundesweite Kör- und Absatzveranstaltung findet regen Zuspruch seitens der Herdbuchzüchter.

Zeitgleich mit dem Auftreten der BSE-Krise beim Rind wurde beim Schaf die Scrapie-Erkrankung thematisiert. Durch die ab 1999 vorgeschriebenen Untersuchungen und die Möglichkeit, beim Schaf die Scrapie-Erkrankung züchterisch bekämpfen zu können, wurde den Bentheimer Landschaftzüchtern eine neue Situation eröffnet. Diese hat erneut die Bestandssituation des Bentheimer Schafes entscheidend beeinflusst. Die rechtlichen Vorgaben in Bezug auf die Scrapie-Erkrankung erfordert von den Bentheimer Züchtern ein Umdenken. Zuchtprogramme wurden aufgestellt mit dem Ziel, schnellstmöglich *ARR/ARR*-genotypisierte Böcke einsetzen zu können. Die Situation bei den anfangs genotypisierten Bentheimer Landschafen ließ keine gute Ausgangssituation vermuten (MENDEL, 2003; DRÖGEMÜLLER ET AL., 2003; BRANDT ET AL., 2004A). In *Kapitel 2.3.1.2.3* und *2.4* wird näher auf dieses Thema eingegangen.

HARING ET AL. beschrieben erstmals 1961 im *Handbuch der Tierzucht* die Leistungen, die das Bentheimer Landschaf erbringen sollte. Nach diesen Angaben sollten Böcke zu damaligen Zeiten 75–80 kg und Muttertiere 50–60 kg Lebendgewicht erreichen. Die Wollleistung betrug 3–4,5 kg pro Jahr, die Wolle war reinweiß mit Feinheit D–DE. Damalige Ablammergebnisse sollten bei ca. 150 % liegen. Das Bentheimer Landschaf hat sich durch Selektionsmaßnahmen in seinen Leistungen verbessert und damit einhergehend haben sich auch die Zuchtziele und -standards angepasst. Nachfolgend werden die Leistungen und Zuchtziele aufgeführt, die das Bentheimer Landschaf nach der *Vereinigung Deutscher Landesschafzuchtverbände (VDL)* heute erbringen sollte:

„Das Bentheimer Schaf ist das großrahmige deutsche Moor- und Heideschaf. Es ist hochbeinig mit schwarzen Zeichen an den Augen und mit langen großen Ohren. Die Ohrspitzen sind auch zumeist schwarz. Sein Kopf ist schmal und länglich, unbewollt und geramst. Die Bentheimer sind genetisch hornlos. Ferner ist der lange, bewollte Schwanz kennzeichnend. Bei Muttertieren darf dieser aus hygienischen Gründen kupiert werden. Bei Böcken muss er im Normalzustand verbleiben. Böcke dieser Rasse sollen eine Widerristhöhe von 70–75 cm haben, bei einem Gewicht von 80–90 kg. Weibliche Vertreter sollten 65–70 cm Widerristhöhe vorweisen können, bei einem Gewicht von 60–70 kg. Leistungsmerkmale des Bentheimer Landschafes sind die Widerstandsfähigkeit, Marschfähigkeit, Anspruchslosigkeit, harte, moderhinfeste Klauen, hervorragende Fleischqualität.“

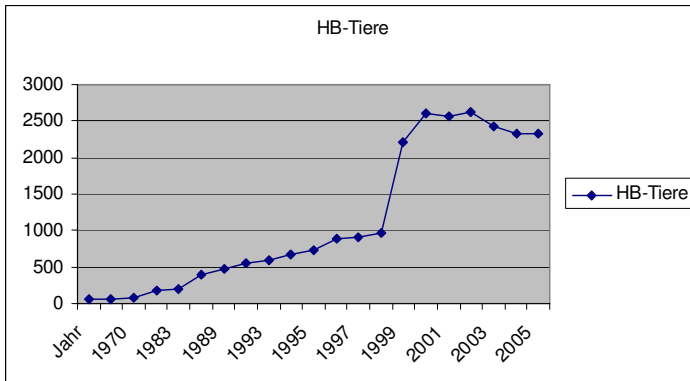
Böcke liefern jährlich 4,5–5,0 kg, Muttertiere 3,0–4,0 kg Wolle. Die Wolle des Bentheimer Landschafts ist reinweiß, hat D–DE-Feinheit (37–38 Mikron) und ist frei von haarigen Strähnen. Hervorzuheben sind die guten Muttereigenschaften der Bentheimer, die ausgezeichnete Säugeleistung und eine hohe Fruchtbarkeit von bis zu 170 %. Zuchtziel soll ein anspruchloses, marsch- und widerstandsfähiges Landschaft mit einer hervorragenden Fleischqualität sein. Bei der Zucht auf Fleischfülle und Bemuskelung ist der ursprüngliche Landschaftstyp nicht zu vernachlässigen. Die guten Produktionsleistungen sollen auch mit einer knappen Futtergrundlage und beim Einsatz in der Landschaftspflege erreicht werden.“

In den letzten 45 Jahren änderte sich das geforderte Gewicht. Die Bentheimer sind schwerer geworden mit einer anhaltenden Tendenz nach oben. Ferner konnte die Ablammquote und der Wollertrag erhöht werden. Lediglich die Wollqualität hat sich nicht geändert. Es zeigt sich aber, dass die Tiere im Phänotyp nicht mehr so häufig die typischen, pigmentierten Flecken an unbewollten Stellen aufweisen.

## **2.2 Populationsgröße und -verteilung der Bentheimer Landschaft in Deutschland**

Im Jahr 2002 führte WAGNER (2003) eine deutschlandweite Bestandserhebung für diese Rasse durch. Dabei konnte festgestellt werden, dass diese Schafrasse in 7 deutschen Schafzuchtverbänden, davon in insgesamt 5 Bundesländern im Herdbuch (HB) geführt wird. Beim Vergleich mit dem Gesamtbestand von 2001, den GERDES (2002) zusammengestellt hatte, konnte festgehalten werden, dass sich der Gesamtbestand innerhalb eines Jahres um ca. 3 % auf 2425 HB-Tiere gesteigert hat. Bis zum Jahr 2002 konnte auch über die letzten 5 Jahre hinweg ein Aufwärtstrend für die Bestandszahlen beobachtet werden (ZENTRALE DOKUMENTATION FÜR TIERGENETISCHE RESSOURCEN, 2007).

Für die vorliegende Arbeit wurde eine Zusammenstellung der Herdbuch-Bestandsdaten der Bentheimer Landschaft nach MENDEL (2006) in *Tabelle 1* zusammengefasst. Die Bestandszahlen sind in den letzten Jahren wider Erwarten etwas gesunken, besonders dramatisch ist der Rückgang der Böcke von 138 Tiere im Jahr 2002 (WAGNER, 2003) um 43,5 % auf nur noch 78 Tiere zu bewerten. Insgesamt ist die Anzahl der eingetragenen Herdbuchtiere im Zeitraum von 4 Jahren um 99 Tiere zurückgegangen. Der Aufwärtstrend bis 2002 konnte damit nicht fortgesetzt werden. *Abbildung 1* zeigt den Verlauf der Bestandszahlen von 1960 bis heute.



**Abbildung 1: Anzahl der Herdbuchtiere des Bentheimer Landschafts zwischen 1960 und 2006.**

**Tabelle 1:** Herdbuch (HB)-Bestandszahlen des Bentheimer Landschafts, Stand 01.01.06 (MENDEL, 2006).

Landesverband	weibl. HB-Tiere (n)	männl. HB-Tiere (n)	Gesamtbestand (n)
Baden-Württemberg	0	0	0
Bayern	29	1	30
Berlin-Brandenburg	281	8	289
Hessen	0	0	0
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	0
Niedersachsen	610	10	620
Nordrhein-Westfalen	354	16	370
Rheinland-Pfalz	0	2	2
Saarland	14	1	15
Sachsen	0	0	0
Sachsen-Anhalt	0	0	0
Schleswig-Holstein	0	0	0
Thüringen	0	0	0
Weser-Ems	960	40	1000
<b>Gesamt</b>	<b>2248</b>	<b>78</b>	<b>2326</b>

Die Verbreitung der Bentheimer Landschaft in Deutschland konnte sich dennoch weiterhin positiv entwickeln, da mittlerweile auch in Schleswig-Holstein ein neuer Bestand mit der Herdbuchzucht begonnen hat. Gleichzeitig hat jedoch im rheinland-pfälzischen Zuchtverband der einzige Herdbuchzüchter seine Zucht aufgegeben. Eine der größten Stammherden des Bentheimer Landschaftes befindet sich außerhalb des Ursprungszuchtgebietes in Brandenburg. Dort pflegen die Tiere u. a. die Elbdeiche. Somit ist das Bentheimer Landschaft aktuell in 7 Zuchtverbänden vertreten. Dabei muss jedoch angemerkt werden, dass die Zuchtverbände Westfalen und Rheinland mittlerweile fusioniert sind und nun als nordrhein-westfälischer Zuchtverband gelten.

Trotz des Rückganges der Herdbuchzahlen der letzten Zeit finden sich aufgrund der guten Landschaftspflegeleistung dieser Schafe immer mehr Befürworter in der Gebrauchsschafhaltung, um den positiven Heterosiseffekt bei der Kreuzung zur Fleischproduktion zu nutzen. Wenn nun die Gebrauchsherden mit ins Kalkül gezogen werden, dann kann davon ausgegangen werden, dass heute in fast jedem Bundesland Bentheimer Landschaft anzutreffen sind. Wenn nun Herdbuch- und Gebrauchsherden mit ihren Tieren aufsummiert werden, könnten sich die Bestandszahlen auf knapp 3000 Tiere (inkl. Böcke) belaufen. Doch für die reine Erhaltung dieser alten Landschaftsrasse zählen nur die Herdbuchtiere und hier ist wie oben beschrieben eine negative Entwicklung zu beobachten.

## **2.3 Tierzucht innerhalb kleiner Populationen**

Tierzüchtung ist die gelenkte, planmäßige Paarung von landwirtschaftlichen Nutztieren, welche auf ein vorgegebenes Ziel (Zuchtziel) gerichtet ist und besonders der Verbesserung ihrer Eigenschaften und Leistungen dient. Das Ziel der Tierzucht stellt folglich die Vermehrung der Tierbestände, die Erhöhung der Leistungen sowie die Verbesserung von Gesundheit und Konstitution dar. Im deutschen TIERZUCHTGESETZ wird ferner für die dort genannten Tierarten, darunter auch das Schaf, als weiterer Punkt die Verbesserung der Wirtschaftlichkeit, die angemessene Qualität der Erzeugnisse tierischer Produkte und der Erhalt der genetischen Vielfalt gefordert. So unterliegt die Tierzucht einem stetigen Wandel und einer Weiterentwicklung in Bezug auf ihre Selektionskriterien, sodass die genetische Struktur einer Population ebenfalls diesem Wandel unterworfen ist.

Eine Population ist in ihrer Struktur und Dynamik im Wesentlichen durch die Häufigkeit der in ihr auftretenden Genotypen gekennzeichnet. Das züchterische Interesse ist auf die gezielte

Veränderung dieser Häufigkeiten zugunsten der gewünschten Gene ausgerichtet (BIEDERMANN, 1992). In Populationen mit hohen Tierzahlen und einer entsprechenden effektiven Populationsgröße können mögliche negative Effekte der gerichteten Selektion besser und schneller ausgeglichen werden. Bei kleinen Tierzahlen innerhalb einer Population können sich solche Bestrebungen schnell negativ auf die genetische Struktur auswirken. Es kommt zum Verlust von genetischer Vielfalt. Dies wirft die Frage auf, wann genau eine Population als klein und gefährdet eingestuft wird und es nötig erscheint, ihre tiergenetischen Ressourcen durch gezielte Programme zu erhalten.

### **2.3.1 Tiergenetische Ressourcen und Erhaltungszucht**

#### **2.3.1.1 Tiergenetische Ressourcen in Deutschland**

In der aktualisierten Neuauflage des „Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung tiergenetischer Ressourcen in Deutschland“ (BMELV, 2008) wird der Begriff „tiergenetische Ressource“ als das „Material von land- und ernährungswirtschaftlich genutzten Tieren (Nutztieren)“ definiert. Somit fallen ebenso diejenigen Rassen darunter, die aktuell nicht als in Ihrem Bestand gefährdet angesehen werden. Jedoch birgt diese Definition auch die Gefahr, dass andere Tierarten wie z.B. Bienen oder Hunde nicht darunter fallen und folglich auch keine Aktivitäten zur Sicherung dieser genetischen Ressourcen initialisiert werden kann.

Im Nationalen Fachprogramm von Deutschland wird die ökonomische Bedeutung der tiergenetischen Ressourcen in einen realen und einen potentiellen Wert aufgegliedert: Der reale ökonomische Wert ergibt sich aus dem direkten, realen Beitrag zur Wertschöpfung in der Landwirtschaft. Der potenzielle ökonomische Wert liegt in der möglichen zukünftigen Nutzung des genetischen Potenzials, die eine Rasse besitzt.

Das Nationale Fachprogramm, das von einer Arbeitsgruppe der Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde (DGfZ) vorgeschlagen wurde, nennt 5 Hauptziele (*Anhang Tabelle B*) zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung der deutschen tiergenetischen Ressourcen. Um diese Ziele erreichen zu können, wird ein Stufenplan erstellt, der auf der effektiven Populationsgröße ( $N_e$ ) basiert. Die einzelnen Bundesländer haben die Möglichkeit, für bestimmte Rassen im Rahmen der VERORDNUNG 1698/2005 des Rates über die Förderung der Entwicklung des ländlichen Raums (ELER-VERORDNUNG) Zuschüsse bzw. Prämien für deren Haltung zu vergeben. Hierbei agieren die einzelnen Länder auf unterschiedliche Art und

Weise: Einige zahlen nur für Rassen, die ursprünglich aus dem eigenen Bundesland stammen, andere zahlen auch für Rassen aus anderen Ursprungsgebieten. Zwei Bundesländer, Hessen und Sachsen, zahlen für keine Rasse eine Prämie. Für jede Population wird im Rahmen des jährlich durchzuführenden Monitorings anhand der Bestandszahlen die effektive Populationsgröße errechnet und in einer bestimmten Gefährdungskategorie (*Tabelle 2*) eingeteilt.

**Tabelle 2:** Gefährdungskategorien des Nationalen Fachprogrammes (BMELV, 2008).

Effektive Populationsgröße ( $N_e$ )	Gefährdungskategorie	Kategoriebeschreibung
$N_e \leq 50$	phänotypische Erhaltungspopulation (PERH)	nur noch geringe Chancen langfristig als eigenständige Lebendpopulation erhalten zu werden; Genbestand sollte durch Kryokonservierung abgesichert werden.
$N_e \leq 200$	Erhaltungspopulation (ERH)	stark existenzgefährdete Population, für die baldmöglichst ein Erhaltungsprogramm zur Stabilisierung der $N_e$ und Minimierung weiterer Genverluste aufgebaut werden sollte
$200 < N_e \leq 1000$	Beobachtungspopulation (BEO)	gefährdete Population, die unter Beobachtung zu stellen ist und in der, sobald die Anzahl adulter männlicher Tiere unter 100 sinkt, ein Samen-Kyokonservierungsprogramm initiiert werden sollte
$N_e > 1000$	nicht gefährdete Population (NG)	aktuell nicht bedrohte Population, in der gleichwohl $N_e$ regelmäßig zu bestimmen und der Trend zu dokumentieren ist

Die effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) geht auf WRIGHT (1921) zurück, der bei der Betrachtung der Inzucht innerhalb einer Population diese Variable wie folgt definiert hat:

$$N_e = \frac{4 \times N_m \times N_w}{N_m + N_w} \quad \text{oder} \quad \frac{1}{N_e} = \frac{1}{4 \times N_m} + \frac{1}{4 \times N_w}$$

$N_m$  = Anzahl männlicher Individuen

$N_w$  = Anzahl weiblicher Individuen

FALCONER (1984) schlussfolgerte aus der genaueren Betrachtung der effektiven Populationsgröße bei konstanter Familiengröße, dass damit der Inzuchtzuwachs pro Generation ( $\Delta F$ ) mithilfe folgender Formel berechnet werden kann:

$$\Delta F = \frac{1}{2N_e} \quad \text{oder} \quad \Delta F = \frac{1}{8 \times N_m} + \frac{1}{8 \times N_w}$$

Bei oben genannten Berechnungen ist in der Regel die Anzahl der männlichen ( $N_m$ ) im Verhältnis zu den weiblichen ( $N_w$ ) Tieren sehr klein. Allgemein gilt, dass die Inzuchtrate hauptsächlich von dem weniger häufigen Geschlecht abhängig ist (FALCONER, 1984). Somit kann schlussgefolgert werden, dass die effektive Populationsgröße und damit einhergehend der Inzuchtzuwachs ( $\Delta F$ ) sehr stark von der Anzahl der männlichen Individuen abhängig ist.

Der Ansatz für die Einteilung der Gefährdungsstufen ausschließlich nach der effektiven Populationsgröße birgt jedoch gewisse Risiken bzw. spiegelt nicht ganz die reale Zuchtsituation der einzelnen Rassen wieder. Gänzlich unbeachtet bleiben die tatsächliche Verwandtschaftssituation zwischen den männlichen Individuen und die Familiengröße. Es gibt Rassen mit einer hohen Anzahl potenzieller männlicher Paarungspartner, wenn jedoch deren Pedigree hinzugezogen wird, sind möglicherweise viele Tiere miteinander eng verwandt. Die genetische Vielfalt ist somit eingeschränkt, obwohl die effektive Populationsgröße dies nicht anzeigt. So kann es passieren, dass Rassen erst zu spät in eine bestimmte Gefährungskategorie eingestuft werden und es zu lange dauert, bis getroffene Erhaltungsmaßnahmen greifen. Das Bentheimer Landschaf wird im Nationalen Fachprogramm in der Kategorie „Beobachtungspopulation (BEO)“ geführt.

Ein anderer Ansatzpunkt wird von der *Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V.* (GEH) gewählt, der andere Maßnahmen zur Früherkennung eines Gefährdungsstatus einer Rasse besitzt. Die GEH hat für jede Tierart und jede Rasse Fachleute, die sich sehr intensiv mit dieser Rasse auseinandersetzen. Jährlich wird geprüft und kontrolliert, wie sich der Bestand verändert hat. Ebenfalls wird der Einsatz von Vererbern der vorhandenen Blutlinien nachvollzogen. Daraus lässt sich subjektiv eine bessere aktive Bestandseinschätzung ableiten, um die Rassen einteilen zu können. Je nach Situation teilt die GEH diese in ihrer Roten Liste in 5 verschiedene Kategorien ein:

- Kategorie I: extrem gefährdet
- Kategorie II: stark gefährdet
- Kategorie III: zur Bestandsbeobachtung
- Kategorie IV: nur noch Einzeltiere
- Kategorie V: Rassen aus anderen Ländern

Dieses System basiert letztlich auf der subjektiven Einschätzung einzelner Fachleute und richtet sich nach keiner vorgegebenen Formel wie die im Rahmen des Nationalen Fachprogramms. Jedoch ist diese subjektive Einschätzung des Gefährdungsstatus einer Rasse ein Nachteil dieses Systems, da die Kriterien für Externe wenig transparent und nicht nachvollziehbar erscheinen. Auf der Roten Liste der GEH wird das Bentheimer Landschaf in der Kategorie II (stark gefährdet) geführt. Hier wird der Gegensatz zur Einstufung nach dem Nationalen Fachprogramm deutlich.

Beiden Systemen gemein ist der gewünschte Einsatz zur Erhaltung einzelner Rassen, wenn diese als gefährdet angesehen werden.

Der Weltzustandsbericht über Tiergenetische Ressourcen (FAO, 2007A) nennt als Gründe für die Bedrohung dieser Ressource:

- Eine schnelle Verbreitung homogener intensiver Massenproduktion
- Eine unangemessene Entwicklungspolitik und unangemessene Managementstrategien
- Tierseuchenausbrüche sowie undifferenzierte Bekämpfungsmaßnahmen
- Diverse Katastrophen und Notfälle

Im September 2007 fand in Interlaken (Schweiz) die „Internationale Technische Konferenz über Tiergenetische Ressourcen“ statt. Anlässlich dieser Konferenz wurden die Probleme

hinsichtlich des Erhalts tiergenetischer Ressourcen thematisiert. Von 109 Regierungsdelegationen wurde der „1. Globale Aktionsplan für Tiergenetische Ressourcen“ verabschiedet (FAO, 2007B). Dieser umfasst 23 strategische Prioritäten, die auf die Bekämpfung der Erosion tiergenetischer Vielfalt und die nachhaltige Nutzung tiergenetischer Ressourcen abzielen. Er stellt einen rollierenden Plan dar, der bei einem Zeithorizont von 10 Jahren Maßnahmen für die nachhaltige Nutzung, züchterische Weiterentwicklung und Erhaltung tiergenetischer Ressourcen auf regionaler, nationaler und globaler Ebene vorsieht. Das langfristige Ziel des Plans stellt die Sicherung der Vielfalt und Integrität der genetischen Basis tiergenetischer Ressourcen dar durch verbesserte Umsetzung und Harmonisierung der Maßnahmen für deren Erhaltung, sowohl *In situ* als auch *Ex situ*, bei Notfällen als auch anderen Katastrophen. Diese In-situ- und Ex-situ-Maßnahmen sollen im nachfolgenden Kapitel in Bezug zur Erhaltungszucht näher erläutert werden.

### **2.3.1.2 Erhaltungszucht**

Erhaltungszucht kann auf unterschiedlichen Weisen durchgeführt werden. Daher soll zunächst kurz auf die zwei wichtigsten Formen, die In-situ- und Ex-situ-Erhaltung, eingegangen und deren Begriffe bzw. deren Anwendung erläutert werden, um anschließend auf die Problematik der Erhaltungszucht beim Bentheimer Landschaf einzugehen.

#### **2.3.1.2.1 In-situ-Erhaltung**

Die In-situ-Erhaltung, auch „On-farm-Erhaltung“ genannt, ist gleichzusetzen mit der Lebenderhaltung der Tiere durch fortgesetzte Nutzung durch die Züchter in den Produktionssystemen, in denen sich die Nutztiere entwickelt haben, oder in denen sie normalerweise anzutreffen sind und gezüchtet werden (FAO, 2007A). Durch diese Form können die einzelnen Rassen aktiv erhalten werden. Das Potenzial der alten Rassen kommt am besten unter Standortbedingungen zum Tragen, die für die Rasseausprägung konstitutiv waren (WANKE & BIEDERMANN, 2005). Die In-situ-Erhaltung stellt somit die wichtigste Sicherungsmaßnahme zum Erhalt der Rasse in dem ursprünglichen Typ dar. Das Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV, 2008) schreibt in dem Fachprogramm für tiergenetische Ressourcen solch eine Erhaltungsmethode zusätzlich zur Ex-situ-Haltung (*Kapitel 2.3.1.2.2*) vor, für Populationen die unter eine effektive Populationsgröße von 200 Tieren fallen. Diese Erhaltungsform beschreibt eine In-vivo-Methode, da die Tiere als lebendige Individuen verpaart und so genutzt werden können. Durch diese Form der

Erhaltung können sich die Tiere an die veränderten Umweltbedingungen besser anpassen. Ferner können damit auch speziell gegen Krankheiten Mechanismen entwickeln werden, um die negativen Auswirkungen einer Krankheit zu minimieren. Dieser Vorteil kann mit der unter *Kapitel 2.3.1.2.2* genannten Erhaltungsmethode nicht genutzt werden, da die Tiere zumeist nur als Kryoreserve angelegt werden, sie somit keine Chance haben, sich im Zeitraum von der Einlagerung bis zur Nutzung geänderten Umweltbedingungen anpassen zu können.

### **2.3.1.2.2 Ex-situ-Erhaltung**

Bei der Ex-situ-Erhaltung werden die Rassen nicht zentral in ihren typischen Standorten gehalten und gezüchtet, sondern vielmehr außerhalb dieser Gebiete. Hierbei gibt es verschiedene Formen:

Das genetische Material kann in Kryobanken eingelagert werden, was auch als In-vitro-Sicherung bezeichnet wird. Hierzu gab ein Ausschuss der Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde (DGfZ) schon 1991 bekannt, dass „für die Ex-situ-Erhaltung mit bereits nutzbaren biotechnischen Verfahren im Vordergrund steht, dass das tiergenetische Material unverändert, d.h. zeitlich unbegrenzt zu lagern ist, und dass sich bei verbessertem oder notwendigem Nutzungsbedarf Teile davon oder die gesamte Population reaktivieren lassen.“ Für dieses Verfahren werden folglich Spermaportionen der Vartiere und Embryonen benutzt (NIEMANN ET AL., 1996). Eine weitere Möglichkeit besteht darin, auch Stammzellen unter definierten Bedingungen in Flüssigstickstoff zu sichern. Diese In-vitro-Methoden sind eine immer wichtigere Sicherungsstrategie für die Fälle, in denen eine In-vivo-Erhaltung nicht durchgeführt oder die erforderliche Populationsgröße nicht erhalten werden kann (FAO, 2007A).

Eine weitere Ex-situ-Erhaltung wäre, die Tiere außerhalb ihrer ursprünglichen Habitate zu züchten, wie dies z.B. bei der Erhaltung von Rassen in Zoos und Tierparks praktiziert wird. Diese Methode wird auch als Ex-situ-in-vivo-Erhaltung bezeichnet (FAO, 2007A). Hierzu geben erstmals BOLBECHER (1989) und FALGE (1996) einen Überblick über die so gehaltenen Tierarten und -rassen in Deutschland. Dabei konnten sie durch eine Bestandserhebung mittels Fragebögen quantifizieren, wie viele landwirtschaftliche Nutztierarten und unterschiedliche Rassen in Haustierparks, Tierparks und Zoos gehalten und damit auf diese Art erhalten werden. Das Schaf liegt dabei an der Spitze und wird in 81 % der Einrichtungen gehalten.

Beide Arbeiten wurden durch eine erneute Befragung im Jahr 2005 durch eine Untersuchung von HERMANN ET AL. (2008) einbezogen. Dabei konnten HERMANN ET AL. im Bereich der Schafrassen und -verteilung feststellen, dass eine positive Entwicklung der Bestandszahlen zu verzeichnen ist und dass die Parks mehr einheimische Schafrassen zeigen als früher.

Es ist hierbei anzuraten, dass die Populationen in solchen Ex-situ-Haltungen auch für die Zuchtverbände transparent erscheinen, um so mögliche Paarungspartner zu gewinnen. Hierdurch lassen sich mögliche Inzuchtdepressionen vermeiden und die genetische Variabilität erhalten. Die Betreiber von Ex-situ-Haltungen müssten jedoch bereit sein für eine Herdbuchzucht etwas Mehrarbeit in Kauf zu nehmen. HERMANN ET AL. (2008) deckten auch mögliche Gefahren bei der Ex-situ-Haltung in Tierparks, Tiergärten und Zoos etc. auf. Sie konnten bei einigen Tierarten und Rassen gewisse Schwankungen in der Häufigkeit des Vorkommens und der Verteilung erkennen, verglichen dies mit deren Gefährdungsstatus und kamen zu dem Schluss, dass das Interesse von Tierparks an Rassen mit dem stärkeren Gefährdungsgrad steigt. Dies führt im Umkehrschluss auch dazu, dass Rassen abgeschafft werden, sobald sie nicht mehr von der Gesellschaft, also den Parkbesuchern, als gefährdet angesehen werden. Diese Vorgehensweise ist durchaus als kritisch zu bewerten. Seitens der Zuchtverbände sollten solche Ex-situ-Haltungen in Parks mehr in Erhaltungszuchtprogrammen eingebunden werden, um synergistische Effekte zu nutzen. Im „Nationalen Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung tiergenetischer Ressourcen in Deutschland“ (BMELV, 2008) werden Tierparks und ähnliche Einrichtungen als *rescue stations* betrachtet und aufgefordert, sich im Seuchenfall oder sonstigen Notsituationen bereit zu erklären, gefährdete Rassen aufzunehmen und dadurch deren weitere Nutzung zu ermöglichen.

### **2.3.1.2.3 Probleme der Erhaltungszucht beim Bentheimer Landschaf**

Die Probleme bei der Erhaltungszucht des Bentheimer Landschafs erscheinen vielfältig. Ursache für die Gefährdung einer Rasse sind die sinkenden Bestandszahlen. Beim Bentheimer Landschaf äußerte sich dies dramatisch bis zum Rückgang auf drei Herdbuchbetriebe mit 50 Tieren im Jahr 1970 (GERDES, 2002). Aus diesem genetischen Flaschenhals konnte das Bentheimer nur mit viel Mühe seitens der Züchter erneut zu höheren Bestandszahlen geführt werden. Bis heute ist in dem Erbmaterial der Bentheimer Landschaft dieser „Flaschenhals-Effekt“ zu finden (WAGNER, 2003). Auch Einkreuzungen mit anderen Rassen wurden zur Verbreiterung der genetischen Basis angestrebt und durchgeführt. Dies führte nicht immer

zum gewünschten Erfolg (*Kapitel 2.1*). Zu den wenigen Blutlinien kam noch hinzu, dass das Bentheimer Landschaf eine sehr stark regional begrenzte Rasse war, sodass ihre Ausbreitung in Deutschland nur schleppend verlief. Innerhalb der letzten 10 Jahre jedoch konnte die Rasse auch auf andere Bundesländer und Zuchtverbände verteilt werden.

Durch die Entdeckung der Prionproteine (PRUSINER, 1982) und der damit verbundenen Krankheit BSE (*Bovine spongiforme Encephalopathie*) beim Rind, rückte nun die seit Jahrhunderten beim Schaf bekannte Traberkrankheit, auch Scrapie genannt, in den Fokus der Wissenschaft. Beide Erkrankungen gehören zur Gruppe der transmissiblen spongiformen Enzephalopathien (TSE) (*Kapitel 2.4*). Durch die Möglichkeit der Zucht auf Resistenz gegen die klassische Scrapie hatten die Züchter ein Selektionsmittel an die Hand bekommen, das binnen kürzester Zeit erlaubte, eine „Scrapie-resistente“, homo- bzw. heterozygote Herde aufzubauen und damit den Sanktionen (Bestandskeulung) eines etwaigen positiven Falles zu entgehen. Doch diese vermeintliche Selektionshilfe hatte für einige Schafrassen negative Folgen für die Erhaltung einzelner Bocklinien (BRANDT ET AL., 2004A). Die Züchter ersteigerten nur Böcke, die *ARR*-Allele besaßen, alle anderen Böcke wurden nicht verkauft. Folglich konnten sich die Nachkommen der *ARR*-Böcke in der Population stärker vermehren. Dies kann erneut einen Flaschenhals-Effekt nach sich ziehen. Diese Probleme wurden bereits 2002 in der „Stellungnahme einer gemeinsamen Projektgruppe der Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde (DGfZ) und der Deutschen Veterinärmedizinischen Gesellschaft (DVG) von Schafen auf Scrapie-Resistenz“ angesprochen (ERHARDT ET AL., 2002A). Hierin wurden bei Rassen mit ungünstigen Allelfrequenzen spezifische Zuchtmaßnahmen zur Erhaltung genetischer Variabilität gefordert und vor einem zu frühen Einstieg in die Scrapie-Resistenzucht gemahnt.

Diese Scrapie-Resistenzucht wurde schließlich im Oktober des Jahres 2005 durch die Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (TSE-RESISTENZZUCHTVERORDNUNG) festgelegt. Diese besagt, dass nur noch Tiere ohne *VRQ*- und möglichst mit *ARR*-Allelen zur Zucht verwendet werden dürfen. Sie zeigt aber auch Möglichkeiten auf, wie Rassen mit geringer *ARR*-Allelfrequenz Ausnahmegenehmigungen von dieser Resistenzucht bekommen können. Hierunter fällt auch das Bentheimer Landschaf.

Weitere Rückschläge in der Resistenzzucht können jederzeit auch Tierseuchen wie beispielsweise die Maul- und Klauenseuche oder die seit 2006 erstmals in Deutschland aufgetretene Blauzungenerkrankung mit sich bringen. Die Blauzungenerkrankung sorgte für erhebliche Verluste innerhalb der Bentheimer-Landschaf-Population.

Weiterhin ist durch die dezentrale Zuchtleitung kaum ein einheitliches Zuchtprogramm für die Bentheimer Landschaft durchführbar, sodass hier ebenfalls Probleme auftreten. Ohne einheitliche Zuchtbuchführung ist es unter den geschilderten Bedingungen nur schwer möglich, ein Erhaltungszuchtprogramm aufrechtzuerhalten bzw. zu entwickeln. Im Weltzustandsbericht über tiergenetische Ressourcen (FAO, 2007A) geben die Autoren an, dass sie es bei Erhaltungszuchtprogrammen für unerlässlich halten, überregionale Datenerfassungssysteme einzurichten bzw. zu entwickeln.

#### ***2.3.1.2.4 Erhaltungszucht in kleinen Populationen***

Bei der Erhaltungszucht gilt es, den Status präsens der genetischen Vielfalt innerhalb einer Population aktiv zu erhalten und durch gezielte Anpaarungen zu verbreitern. Da die Erhaltungszucht zumeist bei kleinen Populationen notwendig ist, rücken die Inzucht und die mögliche Inzuchtdepressionen in den Vordergrund. Inzucht bedeutet die Anpaarung von abstammungsverwandten Individuen (FALCONER, 1984). SIMIANER & KÖNIG (2003) geben an, dass hohe Inzuchtraten bzw. geringe effektive Populationsgrößen gleichzeitig mit einem schleichenden Verlust an genetischer Variabilität einhergehen. BIEDERMANN (1992) beschreibt, dass das Schadensrisiko an der Population mit zunehmendem durchschnittlichem Inzuchtgrad steigt und mit zunehmender Populationsgröße meist wieder abnimmt. Um dieses Ziel zu erreichen werden Erhaltungszuchtprogramme aufgestellt, die die Verwandtschaft der Paarungspartner so gering wie möglich halten sollen.

Bei Erhaltungszuchtprogrammen kommt es auf die Anzahl der effektiv einsetzbaren Vater- und Muttertiere an. Hierbei spielen die männlichen Individuen eine große Rolle. Sie sollten möglichst stark in der Population verbreitet werden. Dies bedeutet, dass Böcke am besten in einem Rotationsverfahren von Züchter zu Züchter eingesetzt werden, damit sie möglichst viele Nachkommen erzeugen, die in der Zucht eingesetzt werden können. Weiterhin gilt es, gezielte Selektion durchzuführen, um auch beste Zuchttiere für die nächste Generation einsetzen zu können. FALCONER (1984) beschreibt in diesem Zusammenhang den Begriff der

Intra-Familien-Selektion. Der Vorteil hierbei wäre, dass jede Familie (hier Herde bzw. Betrieb) gleichmäßig zu den Eltern der nächsten Generation beiträgt.

Einhergehend mit jedem Erhaltungszuchtprogramm wird der Begriff der Inzucht genannt. Die Inzuchtrate ( $\Delta F$ ) gibt den Inzuchtzuwachs pro Generation an. Als Berechnungsgrundlage für den Inzuchtkoeffizienten dient die Abstammung, die auf gemeinsame Ahnen zurückverfolgt werden muss. In der Literatur finden sich hierzu verschiedene Aussagen über deren maximal zu tolerierende Höhe von  $\Delta F = 0,5\text{--}1,0\%$  (NICHOLAS, 1991; FAO, 2003; BJUMA, 2000). HUBY ET AL. (2003) fanden bei ihren Untersuchungen von 6 französischen Schafrassen eine maximale Inzuchtrate pro Generation von 0,4 %. Um die angegebenen Werte jedoch korrekt vergleichen zu können, müssen die Vollständigkeit und die Länge der Pedigrees beachtet werden. *Tabelle 3* zeigt weitere, bei anderen gefährdeten Haustierrassen in der Literatur gefundene Inzuchtraten pro Generation.

**Tabelle 3:** Übersicht über die Inzuchtraten ( $\Delta F$ ) pro Generation (%) bei verschiedenen vom Aussterben bedrohten Haustierrassen.

Tierart	Rasse	$\Delta F$ (%)	Referenz
Rind	Deutsche Schwarzbunte alter Zuchtrichtung	0,15–0,23	EHLING ET AL., 1999 BIEDERMANN ET AL., 2005
Rind	Westfälische Rotbunte	0,16–0,27	SCHMIDT, 1991
Pferd	Holsteiner Warmblut	0,24–0,60	SCHUSTER, 1992
Ziege	Tauernschecke	0,19	WOKAC, 2002
Schwein	Schwäbisch-Hällisches Schwein	1,23–2,76	POSTLER & BÜHLER, 2004

Andererseits wird Inzucht in der Tierzucht nicht gänzlich vermieden. Für die Linienzucht zum Beispiel sollen möglichst viele Gene bestimmter hervorragender Vorfahren erhalten werden (KÜNZI & STRANZINGER, 1993). Durch diese gezielte Verpaarung verwandter Tiere erhöht sich aber die Wahrscheinlichkeit, dass sich versteckte, sprich rezessive krankheitsauslösende Gene anhäufen (CHARLESWORTH & CHARLESWORTH, 1999; NITTER, 2003). Somit entstehen durch solche Verpaarungen Nachkommen, die nicht das gewünschte volle Leistungsspektrum erbringen können. Dieser Effekt wird als Inzuchtdepression bezeichnet. Sie treten meist bei gering heritablen Merkmalen wie der Fitness und Fruchtbarkeit auf (FALCONER, 1984).

Aufgetretene Inzuchtdepressionen bei Hampshire Schafen zeigten LAMBERSON ET AL. (1982) für Woll- und Aufzuchtgewichte sowie für die Fruchtbarkeit. Dabei gaben sie die Inzuchteffekte als Regressionskoeffizienten an. Es zeigte sich bei der Fruchtbarkeit der höchste negative Regressionskoeffizient (-1,2 %) und bei dem Wollgewicht der niedrigste (-0,01 kg).

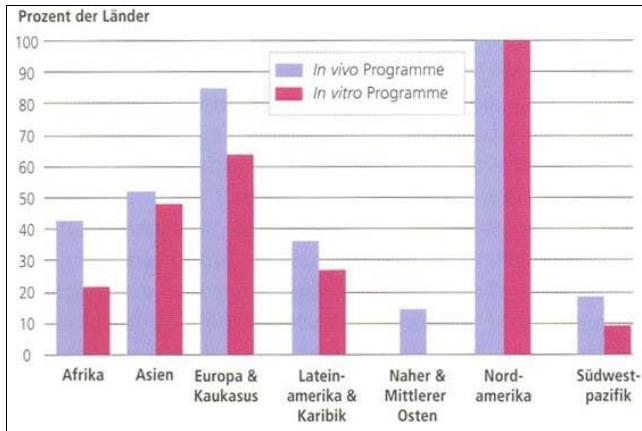
Neuere Untersuchungen von NORBERG & SØRENSEN (2007) zeigen ebenfalls, dass bei einer Inzucht von 10 % bei Mutterschafen die Geburtsgewichte bis zu 2,4 % abnehmen können. Für die tägliche Zunahme sowie für die Anzahl Lämmer pro Geburt konnten bei der gleichen Inzuchtrate Leistungsdepressionen von 2,4 % respektive -0,032 Lämmer pro Geburt beobachtet werden. Diese Ergebnisse stimmen mit den in der Literatur beschriebenen Angaben überein (LAMBERSON & THOMAS, 1984; ERCANBRACK & KNIGHT, 1991; WIENER ET AL., 1992; ANALLA ET AL., 1998).

Dass aber hohe Inzuchtgrade nicht immer automatisch auch zu Inzuchtdepressionen im Bereich von Vitalität und Fertilität führen, fanden BRANDT & MÖLLERS (1999) für das Göttinger Miniaturschwein heraus. Sie errechneten Inzuchtkoeffizienten von 5–25 %, konnten aber keine inzuchtbedingte negative Änderung für die Parameter „Anzahl lebend geborener“ oder „tot geborener Ferkel“ pro Wurf erkennen, wohl aber für die Gewichtsentwicklung der Ferkel. WOKAC (2003) diskutiert, dass Inzucht auch von verschiedenen Arten unterschiedlich gut verkraftet werden kann. Ähnlich kann die steigende Inzuchtdepression auch nach einem genetischen Flaschenhals von einer Population überlebt werden, wenn bei diesem Populationseinbruch viele rezessive Letalgene verloren gegangen sind. Weiterhin thematisiert WOKAC die mögliche Inzuchtunterschätzung durch die im Pedigree nicht bekannten Ahnen. Diese Unterschätzung – auch als Inzuchtbrechung bezeichnet – kann in großem Umfang vorkommend den durchschnittlichen Inzuchtanteil einer Population erheblich senken. Dieser Umstand wird bei der Berechnung des Vollständigkeitsindex nach SCHMIDT (1990B & 1991) in *Kapitel 3.2.3.3* Berücksichtigung finden.

Eine zu den Bentheimer Landschafen durchaus vergleichbare züchterische Situation bei Schafen beschreiben MAIWASHE & BLACKBURN (2004) beim Navajo Churro Schaf in Südamerika. Die beschriebene Zuchtgeschichte ist ähnlich verlaufen wie beim Bentheimer Landschaf. Wenige Züchter hatten nur noch Einzeltiere dieser Rasse gezüchtet und so durchlief diese Rasse einen genetischen Flaschenhals. Die von MAIWASHE & BLACKBURN

durchgeführten Untersuchungen ergaben eine effektive Populationsgröße von  $N_e = 92$  und Inzuchtgrade bei den untersuchten Tieren von 0–37,5 % bei einer Inzuchtrate von 1,2 % im Jahr 2000 mit steigender Tendenz. Neben der steigenden Inzuchtproblematik berichteten sie ferner von dem Problem der schwankenden Züchterzahlen und des Produktabsatzes. Durch diese Schwankungen erscheint es den Autoren schwierig, eine reine In-Situ-Erhaltung durchführen zu können, und sie empfehlen letztlich die Sicherung von Sperma in Form einer Kryoreserve.

TABERLET ET AL. (2008) postulieren, dass die Zuchtverbände das technische Know-how hätten, um den Züchtern bei Erhaltungsmaßnahmen zu helfen. Für die Autoren ist es unverständlich, dass Zuchtverbände mehr Augenmerk auf Hochleistungsrassen und große Betriebe richten als auf kleine Populationen. Um ein Erhaltungsprogramm korrekt aufbauen zu können, ist es wichtig als ersten Schritt die grundlegenden Informationen über eine Population zusammenzutragen und die genetische Verwandtschaft zu untersuchen (MAIWASHE & BLACKBURN, 2004). *Abbildung 2* stellt eine aktuelle Übersicht für die regionale Verbreitung von In-vivo- und In-vitro-Erhaltungsprogrammen in verschiedenen geografischen Gebieten der Welt dar. In den meisten Ländern wird die In-situ-Erhaltung bevorzugt. Ex-situ-Erhaltungsmaßnahmen ergänzen die In-situ-Ansätze und sollten daher miteinander kombiniert werden. Anhand der Grafik wird ersichtlich, dass die Kapazitäten für die Ex-situ-Erhaltung von Land zu Land unterschiedlich sind. Mit Ausnahme von Nordamerika liegen sie immer unter den In-situ-Maßnahmen, im Gegensatz zu der Sicherung von pflanzengenetischen Ressourcen (FAO, 2007B). Im Nahen und Mittleren Osten gibt es bislang gar keine Ex-situ-Erhaltungsprogramme.



**Abbildung 2:** Regionale Verbreitung von Erhaltungsprogrammen (Quelle: FAO, 2007A).

## 2.4 Die Scrapie-Erkrankung beim Schaf

Die Scrapie-Erkrankung gehört zu den durch Prionproteinen (PrP) verursachten „Slow Virus Infections“ (PRUSINER, 1982) und ist beim Schaf schon seit 250 Jahren bekannt (EBNER, 2001). Erstmals beschrieben wurde sie im Jahr 1732 (MCGOWAN, 1922). Aufgrund des typischen, trabähnlichen Ganges der Vordergliedmaßen im Verlaufe der Erkrankung wird sie auch als Traberkrankheit bezeichnet. Die Scrapie-Erkrankung trat erst nach der BSE-Epidemie im Vereinigten Königreich in den Fokus der Wissenschaft. Aufgrund der klinisch nicht zu unterscheidenden Infektion von BSE und Scrapie wurden komplexe Labormethoden entwickelt, die diese Unterscheidung erst ermöglichen (BUSCHMANN ET AL., 2005). Neben der seit dem Jahr 1732 bekannten „klassischen Scrapie-Krankheit“ tauchte in Europa ab 2003 in verschiedenen Ländern (Norwegen, Deutschland, Frankreich, Belgien, Schweden, Portugal und Großbritannien) eine andere Form der Erkrankung auf, die „atypische Scrapie“ genannt wurde (BENESTAD ET AL., 2003; BUSCHMANN ET AL., 2004A; ORGE ET AL., 2004). Nachfolgend sollen daher kurz die beiden Scrapie-Erkrankungen näher erläutert werden, *Tabelle 4* zeigt die bisher in Deutschland aufgetretenen Scrapie-Fälle.

**Tabelle 4:** Anzahl der bestätigten TSE-(Scrapie)-Fälle in Deutschland von 1990–2009 (Stand: April 2009).

Bundesland	1990–1995	1996–2000	2001–2005	2006	2007	2008	2009	<i>Gesamt</i>
Baden-Württemberg	2	1	30	4	6	3	1	47
Bayern	–	1	19	8	3	1	–	32
Berlin	–	1	7	–	–	–	–	11
Brandenburg				1	1	1	–	
Bremen	–	–	–	–	–	–	–	–
Hamburg	–	–	–	–	–	–	–	–
Hessen	1	–	13	–	3	1	1	19
Mecklenburg-Vorpom.	–	–	7	–	1	–	–	8
Niedersachsen	–	–	9	2	–	–	–	11
Nordrhein-Westfalen	–	6	8	4	–	–	1	19
Rheinland-Pfalz	–	–	3	–	–	–	–	3
Saarland	–	–	–	–	–	1	–	1
Sachsen	–	–	6	2	1	–	–	9
Sachsen-Anhalt	–	–	3	–	–	–	–	3
Schleswig-Holstein	–	–	–	–	–	–	–	–
Thüringen	–	–	7	3	–	–	–	10
<i>Gesamt</i>	3	9	112	24	15	7	3	173

Quelle: Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz, Bonn

## 2.4.1 Klassische Scrapie

### 2.4.1.1 Ätiologie, Pathogenese, Symptomatik und Therapie

Erreger der klassischen Scrapie ist ein infektiöses Protein, das sogenannte Prionprotein ( $\text{PrP}^{\text{RES}}$ ) (PRUSINER, 1982). Im Körper kommen diese Prionproteine in der Zelle auch natürlich vor und werden als  $\text{PrP}^{\text{C}}$  bezeichnet. Als Ursache für die infektiöse Eigenschaft des Prionproteins wird angenommen, dass das  $\text{PrP}^{\text{RES}}$  durch Kontakt mit dem  $\text{PrP}^{\text{C}}$  dieses dazu animiert, selbst die pathologische Form anzunehmen (GANTER, 2003). Durch Konformationsänderungen in der räumlichen Faltung entstehen dann die pathologischen

Eigenschaften, die letztlich zur Schädigung der Nervenzelle führen (MÖSTL ET AL., 1998). Dies führt dann zu der weiter unten genannten typischen ZNS-Symptomatik.

Die Übertragung der klassischen Scrapie erfolgt vertikal im Zeitraum von der Geburt bis hin zum Absetzen des Lammes. Durch die dabei ausgeschiedenen infektiösen Plazentaanteile wie auch Fruchtwasser ist über perorale Aufnahme durch andere Tiere die horizontale Ansteckung ebenfalls möglich. Die Ausbreitung nach der Aufnahme der infizierten Materialien kann über verschiedenen Formen ablaufen: neurogen, lymphogen und hämatogen. An dieser Stelle sei auf die entsprechende weiterführende Fachliteratur verwiesen (SCHREUDER ET AL., 1998; THURING, 2002; VAN KEULEN ET AL., 1996; VAN KEULEN ET AL., 2000).

Die Symptomatik dieser Erkrankung tritt aufgrund der teilweise sehr langen Inkubationszeit erst Monate bis Jahre nach der Infektion auf. Somit erkranken Schafe vorwiegend zwischen 18 Monaten und bis zu 5 Jahren. Die ersten klinischen Anzeichen sind Verhaltensstörungen wie Schreckhaftigkeit, Ängstlichkeit, starker Juckreiz, Ohrenzittern mit Lippenspiel und schließlich auch der trabähnliche Gang mit den Vorderläufen („Traberkrankheit“). Letztlich verläuft die Erkrankung weiter bis hin zu einem unsicheren, schwankenden Gang mit Zusammenbruch und Verenden mit Krämpfen und Schlucklähmung (EBNER, 2001; WINKELMANN, 1995). Die Krankheitsdauer beträgt 1–2 Monate und ist nicht immer durch eine klinische Symptomatik eindeutig diagnostizierbar.

Die klassische Scrapie ist nicht therapierbar. Sie verläuft immer tödlich.

#### **2.4.1.2 Züchterische Möglichkeiten zur Eradikation der klassischen Scrapie**

Schon früh in den 60er-Jahren fiel PARRY (1962) auf, dass die Genetik bei der Übertragung der Scrapie eine Rolle spielt. Zu Beginn der 90er-Jahre fanden verschiedene Forschergruppen durch Untersuchungen an Schafherden, die Scrapie-Fälle aufwiesen, bzw. in experimentellen Feldstudien, Zusammenhänge zwischen der Scrapie-Empfänglichkeit und dem Vorhandensein bestimmter Allelkombinationen verschiedener Aminosäuren (GOLDMANN ET AL., 1991; HUNTER ET AL., 1992; LAPLANCHE ET AL., 1993; BELT ET AL., 1995).

Das Prionprotein besteht aus 256 Aminosäuren und wird vom PrP-Gen kodiert, das beim Schaf auf Chromosom 13q15 kartiert wurde (GANTER, 2003). Es sind 5 Haplotypen an den Codons 136, 154 und 171 bekannt, die das Scrapie-Risiko determinieren.

Dies sind die folgenden Haplotypen (A = Alanin; R = Arginin; Q = Glutamin; V = Valin; H = Histidin):

- ARQ
- ARR
- VRQ
- ARH
- AHQ

Diese Allelkombinationen wurden schließlich in die Scrapie-Genotyp(SGT)-Klassen G1 bis G5 eingeteilt (LÜHKEN ET AL., 2005), die die Empfänglichkeit gegenüber der Scrapie-Erkrankung angeben (*Tabelle 5*). Anhand dieser Genotypen konnten die Züchter ihre Herden mit diesem neuen Selektionskriterium in die Scrapie-Sanierung überführen. Das Risiko der Erkrankungswahrscheinlichkeit für Scrapie steigt mit den Genotypklassen. Dies impliziert, dass G1-Tiere mit hoher Wahrscheinlichkeit nicht an klassischer Scrapie erkranken (HUNTER, 1997; HUNTER ET AL., 1997) und G5-Tiere im Laufe ihres Lebens mit hoher Wahrscheinlichkeit daran erkranken.

**Tabelle 5:** Die Scrapie-Genotyp(SGT)-Klassen mit ihren verschiedenen Allelkombinationen.

SGT 1	SGT 2	SGT 3	SGT 4	SGT 5
ARR/ARR	ARR/AHQ	ARH/ARH	ARR/VRQ	VRQ/VRQ
	ARR/ARQ	ARQ/ARH		AHQ/VRQ
		AHQ/AHQ		ARH/VRQ
		AHQ/ARQ		ARQ/VRQ
		ARQ/ARQ		

Im Jahr 2002 wurde seitens der Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde (DGfZ) eine Stellungnahme veröffentlicht, die sich auf die Genotypisierung von Schafen im Hinblick auf Scrapie-Resistenz bezog. In dieser Stellungnahme wurde auch die Genotypisierung der Zuchtschafe gefordert (ERHARDT ET AL., 2002A). In der Publikation von ERHARDT ET AL. (2002B), in der die Voraussetzungen für ein Scrapie-Resistenzzucht-Programm diskutiert werden, geben die Autoren eine Datenbank als Bedingung an, um die Erhaltung

tiergenetischer Ressourcen in kleineren Populationen zu sichern. Dies erscheine aus tierzüchterischer Sicht sinnvoll.

Durch die Möglichkeit der relativ einfach durchführbaren Genotypisierung von Zuchttieren mittels einer Blut- oder Gewebeprobe konnten die Züchter schon sehr früh entscheiden, welche Tiere in die Zucht gehen sollten. Dies führte im Folgenden dazu, dass viele Züchter vermehrt nach dem Genotyp der Tiere selektierten und weniger nach deren Phänotyp oder nach Leistungsparametern. Einige Züchter begannen sehr früh mit der Resistenzzucht (KAULFUß ET AL., 2003), andere jedoch warteten die politischen Diskussionen ab. ERHARDT ET AL. (2002B) empfehlen, dass bei der Sanierung bei ungünstigen *ARR*-Allelfrequenzen solange neben den *ARR/ARR*-homozygoten Tieren auch heterozygote Tiere mit dem Haplotyp *ARR* zur Zucht eingesetzt werden sollten, bis sich die Frequenz des *ARR*-Allels auf 50 % erhöht hat. Dies könnte in ungünstigen Fällen bis zu 40 Jahre dauern, da ca. 10 Generationen mit einem Generationsintervall von 2–4 Jahren benötigt werden.

Durch die folgenden politischen Vorgaben (*Kapitel 2.4.3.*) waren folglich alle Herdbuchzüchter gezwungen, auf Resistenz gegen die klassische Scrapie zu züchten. Bei der darauf folgenden schnellen Scrapie-Resistenzzucht wurden eventuell auftretende negative Korrelationen zu verschiedenen Leistungsparametern vermutet. BRANDT (2005) analysierte die bis zum Jahr 2005 durchgeführten Untersuchungen verschiedener Arbeitsgruppen (BRANDT ET AL., 2004B; DE VRIES ET AL., 2004A; DE VRIES ET AL., 2005, BRANDSMA ET AL., 2004) zu Fruchtbarkeitsmerkmalen. Er kam zu der Feststellung, dass die Durchführung eines Zuchtprogramms zur Fixierung der *ARR/ARR*-Genotypen nicht zu unerwünschten korrelierten Effekten für die Zahl der geborenen Lämmer und das Geburtsgewicht führen. In Bezug auf Mastleistungseigenschaften der Rassen Merinolandschafe, Schwarzköpfige Fleischschafe und Suffolks konnten BUITKAMP ET AL. (2005) auch bei der stationären Leistungsprüfung keine negativen Korrelationen feststellen, ebenso wie GERNAND ET AL. (2005) und DE VRIES ET AL. (2003A). Schon im Jahr 2002 wurden vom *Landesverband Schleswig-Holsteinischer Schafzüchter e.V.* und dem *Institut für Tierzucht und Vererbungsforschung der Tierärztlichen Hochschule Hannover* die Herdbuchdaten aus Schleswig-Holstein in Hinblick auf eventuelle negative Korrelationen in Bezug auf die Leistungsparameter untersucht (BORCHERS ET AL., 2003). Diese Untersuchung führte ebenfalls zu keinem signifikanten Einfluss des Scrapie-Genotyps auf die gefundenen Leistungsmerkmale. PROKOPOVA ET AL. (2002) befassten sich

mit der möglichen negativen Korrelation des Scrapie-Genotyps mit dem Wachstum der Lämmer. Auch sie konnten keine offensichtliche Beziehung erkennen.

LIPSKY (2006) stellte in Ihrer Arbeit neben eigenen Untersuchungen auch Untersuchungen anderer Wissenschaftler gegenüber und konnte keine nennenswerten Korrelationen mit Leistungsparametern feststellen. Somit lässt sich schlussfolgern, dass zum gegenwärtigen Zeitpunkt keine nachhaltigen negativen Leistungseinbrüche aufgrund der Scrapie-Resistenzucht zu erwarten sind.

Die Scrapie-Resistenzucht wurde ebenfalls vonseiten der Zuchtleiter verstärkt. Dies führte dazu, dass in vielen Zuchtstätten und Auktionen binnen kürzester Zeit möglichst nur noch G1-Böcke eingesetzt wurden.

## **2.4.2 Atypische Scrapie**

Ende der 90er-Jahre traten vermehrt Scrapie-Fälle auf, die nicht die spezifischen Anzeichen der bis dato bekannten bisherigen Scrapie-Fälle aufwiesen. Diese zumeist bei Einzeltieren auftretenden Fälle wurden fortan als „atypische Scrapie“ bezeichnet (BENESTAD ET AL., 2003; BUSCHMANN ET AL., 2004A; ONNASCH ET AL., 2004; GRETSCHEL ET AL., 2005).

### **2.4.2.1 Ätiologie, Pathogenese, Symptomatik und Therapie**

Die erstmals in Norwegen aufgetretenen atypischen Scrapie-Fälle (BENESTAD ET AL., 2003) zeigen bezüglich der Ätiologie und Pathogenese Unterschiede zur klassischen Scrapie auf. BENESTAD ET AL. (2003) beschreiben ausführlich die unterschiedliche Pathogenese des ätiologisch gleichen Erregers, dem Prionprotein PrP<sup>Sc</sup>. Bei der atypischen Scrapie gelingt es jedoch nicht, den Erreger im lymphoiden System nachzuweisen. Aufgrund des Verteilungsmusters zeigt sich, dass die vakuolen Degenerationen hauptsächlich in Cerebellum und Cerebralcortex lokalisiert sind. Im Hirnstamm und in der Obexregion sind sie nicht zu finden (ORGE ET AL., 2004). Es zeigt sich zudem, dass bei der atypischen Scrapie in einer Herde meist nur Einzeltiere betroffen sind und nicht wie bei der klassischen Scrapie mehrere Tiere einer Herde gleichzeitig. BENESTAD ET AL. (2003) folgerten daraus, dass es sich um eine Spontanerkrankung handelt.

Als Leitsymptom für diese Scrapie-Form wird die Ataxie genannt (KONOLD ET AL., 2007). Bei den bisher klinisch beobachteten Fällen konnte kaum Juckreiz, Wollausfall oder eine Paralyse

beobachtet werden. Es ist aber auch möglich, dass keine Symptome feststellbar sind (ORGE ET AL., 2004). Somit ist die atypische Scrapie als solche aufgrund der unterschiedlichen Symptomatik und der Verlaufsform schwieriger zu erkennen. Jedoch ist auch der Verlauf der atypischen Scrapie-Erkrankung immer tödlich, und es gibt aktuell keine Möglichkeit der medikamentösen Therapie bei klinischer Manifestation dieser Krankheit. Tiere, die Symptome zeigen, müssen sofort getötet werden.

#### **2.4.2.2 Eradikationsmöglichkeiten der atypischen Scrapie**

Im Gegensatz zur klassischen Scrapie besteht bei der atypischen Scrapie keine prophylaktische Möglichkeit der Bekämpfung. Als problematisch anzusehen ist die Erkrankung von *ARR/ARR*-genotypisierten Tieren an der atypischen Scrapie-Form (BUSCHMANN ET AL, 2004B). Dies lässt zunächst die Bekämpfung mithilfe von Resistenzzuchtprogrammen ausschließen. Neuere Untersuchungen versuchen, einen Zusammenhang zwischen der Erkrankung und den Prionprotein-Genotypen herzustellen, der es schließlich erlauben könnte, eine Resistenzzucht analog zur Vorgehensweise bei der klassischen Scrapie aufzubauen (LÜHKEN ET AL., 2007).

Auch an den Übertragungswegen der atypischen Scrapie wird geforscht, um Informationen zu erhalten, die eine Bekämpfung ermöglichen könnten. An dieser Stelle sei auf die Publikationen von ORGE ET AL. (2004), MADEC ET AL. (2004), LÜHKEN ET AL. (2004), BUSCHMANN ET AL. (2004B), LE DUR ET AL. (2005), SIMMONS ET AL. (2007) und BENESTAD ET AL. (2008) verwiesen.

#### **2.4.3 Politische Vorgaben zur Scrapie-Bekämpfung**

Die TSE-Problematik veranlasste viele Verbraucherschützer innerhalb der Europäischen Union (EU), über bessere Schutzmaßnahmen nachzudenken. Folglich erließ die EU-Kommission im Mai 2001 eine erste Verordnung, die „Vorschriften zur Verhütung, Kontrolle und Tilgung bestimmter transmissibler spongiformer Enzephalopathien“ enthielt (VO [EG] 999/2001). In dieser Verordnung werden die Vorgehensweise im Umgang mit TSE bei landwirtschaftlichen Nutztieren, die Untersuchungen am Schlachtkörper und deren Freigabe für den menschlichen Verzehr und die TSE-Überwachungsuntersuchungen bei älteren oder verendeten Tieren und deren Folgen geregelt. Sie ist eine Basisverordnung, aus der weitere Verordnungen folgten. So zum Beispiel die Verordnungen [EG] 260/2003 und 1492/2004, die die weitere Vorgehensweise bei Scrapie-positiven Herden beschreiben.

Nach der Basisverordnung mussten alle Tiere einer positiv getesteten Herde gekeult werden, was massive wirtschaftliche Verluste für die betroffenen Betriebe nach sich zog. Mit der Weiterentwicklung der Scrapie-Genotypisierung und der damit einhergehenden Erkenntnis der unterschiedlichen individuellen Anfälligkeit für Scrapie wurde dazu übergegangen, den kompletten Bestand zunächst zu genotypisieren. Nach den Änderungsverordnungen wurden nur noch solche Tiere gekeult, die den Haplotyp *VRQ* aufwiesen. Ferner wurde der Bestand unter amtliche Überwachung gestellt und musste besondere Auflagen in Hinblick auf den weiteren Zuchteinsatz von Vatertieren erfüllen. Jedoch konnte so der wirtschaftliche Totalverlust des Betriebes verhindert und der Erhalt wertvoller Genetik bei den vom Aussterben bedrohten Schafrassen zum Teil gesichert werden.

Mit dem Auftreten der atypischen Scrapie-Erkrankung wurde erneut das Bekämpfungsprogramm geändert (VO 727/2007). Bei Feststellung eines atypischen Scrapie-Falles in einem Bestand werden keine weiteren Tiere gekeult, da diese Erkrankungsform bis dato als eine Einzeltiererkrankung gilt (*Kapitel 2.4.2.1*).

Die EU erließ zudem Entscheidungen, die prophylaktisch vor dem Auftreten von TSE-Fällen schützen sollten. Beim Schaf ist dies – bedingt durch die wissenschaftlichen Beiträge der Genotypisierungen – die Möglichkeit der Zucht auf Scrapie-Resistenz. Hierbei sollen die unterschiedlichen genetischen Empfänglichkeiten der verschiedenen PrP-Genotypen für Scrapie bei Schafen züchterisch genutzt werden (ENTSCHEIDUNG 2002/1003/EG). In dieser Entscheidung wurde ein Screening der Schafbestände mit 50 Proben pro Rasse angeordnet, um einen Überblick über die Verteilung der Allelfrequenzen zu bekommen. Daraus folgernd wurde eine Einteilung der Schafrassen in Bezug auf die Häufigkeit des Auftretens des *ARR*-Allels vorgenommen. Das Ergebnis dieser repräsentativen Untersuchung für Deutschland findet sich bei BRANDT ET AL. (2004A). Eine weitere Entscheidung (ENTSCHEIDUNG 2003/100/EG) verpflichtete die EU-Mitgliedsstaaten bis zum 1. Januar 2004 ein nationales Resistenzzuchtprogramm auf Basis der Ergebnisse der ENTSCHEIDUNG 2002/1003/EG aufzustellen.

Dieser ENTSCHEIDUNG 2002/1003/EG kam Deutschland mit dem Erlass der TSE-RESISTENZZUCHTVERORDNUNG im Jahr 2005 nach (Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen). Ziel dieser Verordnung ist es, in Beständen mit hohem

genetischem Wert das Vorkommen des Haplotypen *ARR* zu steigern. Bei LIPSKY (2006) findet sich eine Aufstellung über die Rassen, die von der Resistenzzuchtverordnung per Ausnahmeregelung entbunden sind. Hierbei handelt es sich um solche Rassen, die bei der repräsentativen Untersuchung (ENTSCHEIDUNG 2002/1003) eine *ARR*-Allelfrequenz von unter 20 % hatten.

Die *European Food and Safety Authority* (EFSA) hat in mehreren Gutachten über die Scrapie-Erkrankung zu verschiedenen Aspekten Stellung bezogen, unter anderem zur Unterteilung in die zwei Scrapie-Erkrankungsarten „klassisch“ und „atypisch“. Dies veranlasste die EU am 26. Juni 2007 eine neue Verordnung (VO [EG] 727/2007) herauszubringen, die die VO 999/2001 in einigen Details ergänzt bzw. ersetzt. Wichtigste Änderungen sind:

- Definition von klassischer und atypischer Scrapie
- Definition von TSE- und Scrapie-Fall bei kleinen Wiederkäuern
- Lockerung der Testpflicht zur TSE-Untersuchung bei Schlachttieren
- Zusätzliche Bestimmung des Allels an der Position 141 bei nachgewiesenem atypischen Scrapie-Fall
- Aufhebung der ENTSCHEIDUNG 2003/100
- Neuformulierung der Mindestanforderungen an ein Programm zur Züchtung von Schafen auf TSE-Resistenz

Bei Fertigstellung dieser Arbeit ist die deutsche TSE-Resistenzzucht-Verordnung weiterhin in Kraft, und es müssen für die einzelnen Rassen Zuchtprogramme aufgestellt werden. Die Anpassung an das EU-Recht wird jedoch sicherlich in Deutschland ebenfalls bald umgesetzt.

#### **2.4.4 Die Scrapie-Problematik beim Bentheimer Landschaf**

Mit dem Aufkommen der Scrapie-Erkrankung wurden die einzelnen Schafrassen auf das Vorhandensein der günstigen *ARR*-Allele hin untersucht. Hierbei wurde festgestellt, dass beim Bentheimer Landschaf eine *ARR*-Allelfrequenz von 6,2 % bei den untersuchten Tieren bestand (BRANDT ET AL., 2004A). Eine Schafrasse, die somit eine geringe genetische Variabilität und zudem eine geringe *ARR*-Prävalenz aufweist, unter Berücksichtigung der Verordnungen zu erhalten, kann als schwierig erachtet werden. Als weitere Tatsache kommt hinzu, dass von den ersten 20 genotypisierten Böcken der Jahre 2000/2001, nur ein einziger

Bock homozygot bezüglich des Haplotyps *ARR* war (ERHARDT ET AL., 2002B). Folglich konnte sich dieser Bock und damit auch die entsprechende Bocklinie vermehrt in der Zucht durchsetzen. Die Züchter waren gehalten eine schnellstmögliche Fixierung und Vermehrung des *ARR*-Haplotyps innerhalb ihrer Herden durchzuführen, um den entstehenden Sanktionen bei einem positiven Fall zu entgehen. Diese übereilte Selektion auf den Haplotyp *ARR* führte dazu, dass die Züchter bei den anstehenden Absatzveranstaltungen zunächst den Scrapie-Genotyp der Böcke bzw. Schafe berücksichtigten und die Tiere hier nach beurteilten. Der Phänotyp sowie die weiteren Leistungsparameter wurden zu diesem Zeitpunkt an zweiter Stelle betrachtet. Die Züchter forcierten so unbewusst das Aussterben von Bocklinien. BRANDT ET AL. (2004A) versuchten daher auf das Problem der Inzuchtsteigerung, des drohenden Verlusts von Bocklinien und der Verschlechterung des Phänotyps beim Bentheimer Landschaf einzugehen. Sie stellten Wege dar, die eine Scrapie-Resistenzucht unter Beibehaltung der genetischen Variabilität ermöglichen.

Mit dem Aufkommen von Exterieur-Mängeln und dem Verschwinden des typischen schwarz-weiß gefleckten Bentheimer Kopfes bis hin zu einem rein weißen Kopf wurden die Züchter aufmerksamer, da sich das Bentheimer Landschaf von seinem Rassestandard entfernte. Dieser Umstand ist ebenfalls auf die strenge Selektion des *ARR*-Haplotypen zurückzuführen, da dieses Merkmal besonders häufig bei Böcken der P-Linie auftrat, die nur wenige Pigmente im Gesicht aufwiesen. Hinzu kamen leichte Fundamentschwächen dieser Böcke, die sich in den nachfolgenden Generationen manifestierten.

## 2.5 Herdbuch-Software inklusive Stammbaumanalyse

Zur Führung und Pflege der Herdbuchdaten kleiner Populationen sind Software-Lösungen ein effizientes Hilfsmittel. Wichtig in diesem Zusammenhang ist die Berechnung und gegebenenfalls Berücksichtigung verschiedener Parameter wie Inzuchtkoeffizient, Verwandtschaftsgrad und Leistungsparameter. Diese Programme sind stets auf dem neuesten Stand der jeweiligen Zuchtpopulation zu halten und können damit eine wichtige Hilfe beim Management zur Erhaltung kleiner Populationen sein. Solche Software-Lösungen sind für verschiedene Zielgruppen entwickelt worden, und dementsprechend sollten diese genutzt werden. Einen aktuellen Überblick über fünf solcher Softwarelösungen gibt die „*Safeguard for Agricultural Varieties in Europe*“ (SAVE-Foundation) in ihrem Informationsdienst (2008).

Hierbei werden folgende Programme näher erläutert:

- ENDOG
- OPTI-MATE
- PEDSYS
- Tierdatenbank ZVSN
- Breeders Assistant

Für die drei Programme ENDOG, OPTI-MATE und PEDSYS werden statistische Kenntnisse des Benutzers vorausgesetzt, um weitere genetische Analysen durchführen zu können. Sie eignen sich somit besser für den wissenschaftlichen Bereich. OPTI-MATE eignet sich ferner sehr gut für Untersuchungen an kleinen Populationen. Hingegen ist mit der Tierdatenbank ZVSN keine weitreichende genetische Analyse der Population möglich, allerdings ist sie relativ einfach zu bedienen und gibt dem Benutzer auch die Möglichkeit, Leistungsdaten übersichtlich einzugeben. Mit dem Programm Breeders Assistant, das teurer ist als die anderen vier Programme, können weitere, sehr spezifischere Daten eingepflegt werden, so zum Beispiel tiermedizinisch relevante Fakten. Im Ganzen zeigt dieses Programm ein besseres Berichtswesen und damit eine komplexere Möglichkeit des Managements kleinerer Populationen.

Weiterhin listet die SAVE-Foundation tabellarisch die einzelnen technischen Details auf ([http://www.save-foundation.net/docu/de/Herdbuch\\_Analyse\\_Software.pdf](http://www.save-foundation.net/docu/de/Herdbuch_Analyse_Software.pdf)), um die Software-Lösungen besser miteinander vergleichen zu können.

Korrekt eingesetzt und mit eindeutigen Datensätzen implementiert, können solche Programme wertvolle Hilfestellungen zur genauen Zuchtplanung geben. Somit kann das Ziel der Leistungssteigerung unter Berücksichtigung der Inzuchtentwicklung auch bei kleinen Populationen durchgeführt werden.

## **2.6 Ziel der eigenen Untersuchung**

Die vorliegende Arbeit hat zum Ziel, die Herdbuchdaten der Bentheimer Landschaf Population im gesamten Bundesgebiet aufzuarbeiten. Es soll erstmals für die Bentheimer Landschaft eine zuchtverbandsübergreifende und damit überregionale Herdbuchdatenbank

aufgebaut werden. Diese Datenbank soll durch Plausibilitätskontrollen von mehrfach gelisteten Tieren bereinigt werden. Ferner soll die züchterische Situation im Kontext der Scrapie-Resistenzucht analysiert und diskutiert werden, um letztlich dem Züchter in Form eines Zuchtprogramms einen Leitfaden geben zu können, wie der Bestand der Bentheimer Landschafe in Deutschland, unter Beibehaltung der vorhandenen Bocklinien und der genetischen Vielfalt, stabilisiert werden kann.

## 3 Datenmaterial und Methoden

### 3.1 Datenmaterial

Für die durchzuführenden Untersuchungen wurden alle Zuchtverbände in Deutschland angeschrieben und um die Überlassung der Herdbuchdaten gebeten, in denen Bentheimer Landschaften im Herdbuch eingetragen sind. Besonders die Abstammungsdaten waren für die vorliegende Arbeit von Interesse. Von den in Deutschland aktuell existierenden 14 Zuchtverbänden werden in 8 Bentheimer Landschaften gezüchtet. Im Zuchtgebiet Rheinland-Pfalz wurde die Zucht während des Arbeitszeitraumes aufgegeben, die Daten konnten allerdings trotzdem übermittelt und genutzt werden.

Die Herdbuchdaten liegen in den einzelnen Verbänden in verschiedenen Formaten vor, da unterschiedliche elektronische Datenverarbeitungsprogramme genutzt werden. Es werden zum Teil spezielle Herdbuchprogramme für die Schafzucht verwendet, die die Eingabe aller gewünschten Leistungs- und Abstammungsdaten bieten, so zum Beispiel die Zuchtprogramme *OVIS* und *Wichmann EDV*. Allerdings gibt es auch Verbände, die die Herdbuchdaten in einer Microsoft®-Excel-Datei verwalten, genauso wie Zuchtverbände, die eine eigene Zuchtdatenverwaltung entwickelt haben.

Die unterschiedlichen Programme erlauben damit auch unterschiedliche Eingabemöglichkeiten und -bedingungen. In Hinblick auf die Herdbuchnummer und die Pedigree-Angaben führt diese Divergenz der Programme teilweise zu Zwangsangaben bei dem Geburtsdatum und der Abstammungsangaben. Somit müssen fiktive oder geschätzte Angaben getätigt werden, um ein Tier einzutragen. Ebenfalls können aber auch fehlende Angaben während der Eingabe toleriert werden. Die verwendete Software der Zuchtverbände stellt für den einzelnen Zuchtverband eine praktikable Lösung dar. Beim Zuchttieraustausch über die Verbände hinweg können diese Programme allerdings eine Fehlerquelle für die nachfolgende Verwendung der Herdbuchdaten einzelner Tiere sein.

### 3.1.1 Herkünfte und Zusammensetzung der Herdbuchdaten

Von folgenden Zuchtverbänden wurden Daten zur Verfügung gestellt:

- Berlin-Brandenburg (BB)
- Bayern (BY)
- Niedersachsen (NS)
- Nordrhein-Westfalen (Rheinland [RH] & Westfalen [WF])
- Rheinland-Pfalz (RP)
- Saarland (SR)
- Schleswig-Holstein (SH)
- Weser-Ems (WE)

Im Folgenden soll kurz die Datenlieferung der einzelnen Verbände näher erläutert und auf die gelieferte Datenstruktur eingegangen werden.

#### 3.1.1.1 Berlin-Brandenburg

Dieses Zuchtbuch wurde mit dem Schafzuchtprogramm *Ovis* geführt. Die Datenlieferung erfolgte im Januar 2007, und die Daten wurden im *.ovs*-Format per E-Mail zugesandt. Bevor mit den Daten gearbeitet werden konnte, mussten diese erst gesichtet und über verschiedene Stufen (Spaltenname, fehlende Datensätze, unvollständige Angaben) angepasst werden, um sie für das in dieser Arbeit verwendete Datenbankprogramm *dBase* nutzbar zu machen. Dieser Schafzuchtverband führte eine zusammengesetzte Herdbuchnummer. Diese setzte sich aus der Betriebsnummer und der entsprechenden Tiernummer zusammen. Diese Kennzeichnung der Tiere führte dazu, dass ein Einzeltier nur in Kombination mit der Betriebsnummer korrekt identifiziert werden konnte. Es folgte daraus, dass Tiere in diesem Zuchtverband dieselbe Tiernummer haben konnten und sich nur in der Betriebsnummer unterschieden. Daher ist es sehr wichtig, dass von Anfang an auf eine korrekte Zuordnung der Tiere in der Zieldatenbank geachtet wird.

Nach erfolgter Programmierung und Übernahme in die Zieldatenbank wurden von diesem Zuchtverband 836 Datensätze (Einzeltiere) gezählt.

### **3.1.1.2 Bayern**

Der bayrische Zuchtverband lieferte im Juli 2007 die Daten per E-Mail. Problematisch bei diesem Zuchtverband war das Format, indem die Daten gesendet wurden. Da die Bayerische Herdbuchgesellschaft ein eigenes Herdbuchprogramm betreibt, mussten die Datensätze exportiert werden. Dies erfolgte in Form einer Textdatei. Die Struktur der bayrischen Herdbuchnummer basiert einzig auf einem numerischen Code mit 9 Stellen. Die erste Stelle gibt den Züchter an, die zweite den Zuchtverband und die 6 Stellen danach stellen die eigentliche HB-Nummer dar. Nachdem dieser Code bei der Programmierung berücksichtigt wurde, konnte ein Programm zur Anpassung der Daten für die überregionale Datenbank geschrieben werden.

Nach erfolgter Programmierung und Übernahme in die Zieldatenbank wurden von diesem Zuchtverband 40 Datensätze (Einzeltiere) gezählt.

### **3.1.1.3 Niedersachsen**

Die Datenlieferung erfolgte Ende Juli 2006 und die Daten wurden im *.ovs*-Format auf CD zu gesandt. Das niedersächsische Zuchtbuch wurde mit dem Schafzuchtprogramm *Ovis* geführt, wie schon unter Berlin-Brandenburg beschrieben. Die weiteren Angaben folgen somit denen von Berlin-Brandenburg.

Nach erfolgter Programmierung und Übernahme in die Zieldatenbank wurden von diesem Zuchtverband 2149 Datensätze (Einzeltiere) gezählt.

### **3.1.1.4 Nordrhein-Westfalen**

Die Datenlieferung erfolgte im August 2006 per E-Mail. Der Zuchtverband nutzt das Herdbuchzuchtprogramm der Firma *Wichmann EDV*, das als Datenbankgrundlage eine *dBase*-Datei verwendet. Nordrhein-Westfalen beinhaltet die Zuchtbücher der vor Kurzem fusionierten Zuchtverbände Rheinland und Westfalen. Der rheinische Zuchtverband benutzte für die Herdbuchnummern der Tiere einen rein numerischen Code, Westfalen teilweise einen alphanumerischen, teilweise einen numerischen. Die alphanumerische Kennzeichnung (*S*, *B*) stammte noch aus alten Zeiten, in denen die Bentheimer Landschaft noch nicht im Herdbuch des Verbandes geführt wurden. Dabei bedeutete „S“ „Sonstige“ bzw. „Schaf“, und „B“ stand für „Bock“. Heute benutzt der Verband eine 6-stellige Nummer. Diese verschiedenen Kennzeichnungsvarianten mussten erkannt und bei der Programmierung berücksichtigt

werden. Ein großes Problem bei diesem Verband war, dass es mehr als 43 verschiedene Varianten der Dateneingabe für die Tierkennzeichnung gab. Bei gleichem Kürzel variierten Groß- und Kleinschreibung, zudem wurden neue Schreibweisen beispielsweise durch das Einfügen von Sonderzeichen (/, -) verwendet sowie die Reihenfolge geändert. All dies erschwerte die Programmierung und damit die korrekte Einzeltiererkennung.

Nach erfolgter Programmierung und Übernahme in die Zieldatenbank wurden von diesem Zuchtverband 2576 Datensätze (Einzeltiere) gezählt.

### **3.1.1.5 Rheinland-Pfalz**

Die Datenlieferung erfolgte im Juli 2006 per E-Mail. Der Zuchtverband benutzte das Herdbuchzuchtprogramm von *Wichmann EDV*. Die Daten lagen ebenfalls schon als *dBase*-Datei vor. In Rheinland-Pfalz wurden die HB-Tiere mit einem alphanumerischen Code versehen. Dabei gibt es ein 2-stelliges Züchterkürzel (z.B. *BE*), das vor die meist 3- bis 4-stellige Nummer gestellt wird. Probleme bei diesem Zuchtverband traten nicht bei der Umschreibung der Daten für die Datenbank auf, sondern in der Erkennung der eigenen Zuchttiere. Da die meisten der Tiere zugekauft wurden, gab es sehr viele Varianten von alphanumerischen Codes, die nicht unbedingt aus dem rheinland-pfälzischen Zuchtgebiet stammten. Dieses musste mit dem für diesen Zuchtverband zu schreibenden Programm erkannt werden, um die Daten korrekt in die Zieldatenbank zu transferieren. Nach erfolgter Programmierung und Übernahme in die Zieldatenbank, wurden von diesem Zuchtverband 276 Datensätze (Einzeltiere) gezählt. Ab dem Jahr 2006 gab es keine Aktualisierung der Daten mehr, da der letzte HB-Züchter seine Zucht aufgegeben hat.

### **3.1.1.6 Saarland**

Der saarländische Zuchtverband lieferte im Juli 2006 die benötigten Daten per E-Mail als Microsoft<sup>®</sup>-Excel-Datei. Diese Tabelle war äußerst umfangreich und musste erst für die Datenbank angeglichen werden, um bearbeitet werden zu können. Die Herdbuchtiere in diesem Verband werden alphanumerisch gekennzeichnet (im Sinne einer Lebensnummer). Vorangestellt ist jeweils ein Züchterkürzel, dann eine fortlaufende Nummer plus die Kürzel für den Zuchtverband Saarland (*SL*) und das 2-stellige Geburtsjahr. Zu beachten war bei diesem Verband, ähnlich wie beim rheinland-pfälzischen auch, dass viele Tiere zugekauft wurden und somit viele verschiedene Kennzeichnungsvarianten innerhalb des Verbandes auftauchten.

Nach erfolgter Programmierung und Übernahme in die Zieldatenbank wurden von diesem Zuchtverband 32 Datensätze (Einzeltiere) gezählt.

### **3.1.1.7 Schleswig-Holstein**

Im Jahr 2007 wurde in Schleswig-Holstein mit der Herdbuchzucht der Bentheimer Landschaft begonnen. Der Zuchtverband stellte die Daten der HB-Tiere in Form eines Ausdruckes der Zuchtbescheinigungen zur Verfügung. In diesem Zuchtverband tauchte ein erhebliches Problem auf, denn dieser Verband kennzeichnet zugekaufte Zuchttiere um. Sie bekommen eine neue, für diesen Zuchtverband spezifische Herdbuchnummer und Schleswig-Holstein führt diese Tiere dann ausschließlich unter der neuen HB-Nummer weiter. Die alte Kennzeichnungsnummer geht somit verloren. Die Zuchtbuchnummer in Schleswig-Holstein besteht aus einem 5-stelligen numerischen Code. Die einzelnen HB-Ausdrucke konnten aufgrund der geringen Tierzahl mit den Daten aus anderen Zuchtverbänden abgeglichen und mit der ursprünglichen Nummer in die Zieldatenbank eingetragen werden.

Nach vollständiger Übernahme in die Zieldatenbank wurden von diesem Zuchtverband 6 Datensätze (Einzeltiere) gezählt.

### **3.1.1.8 Weser-Ems**

Die Datenlieferung erfolgte im Oktober 2006 per E-Mail. Dies war ein Update, da schon im Jahr 2005 die Daten zur Prüfung herangezogen wurden. Daher konnten die Daten problemlos übernommen werden, da das entsprechende Programm schon geschrieben war. Auch dieser Zuchtverband führt das Herdbuchprogramm von *Wichmann EDV*. Der Zuchtverband Weser-Ems zeigt sich bezüglich der Tierkennzeichnung und der Dateneingabe als ein relativ konstant arbeitender Verband. Es gibt wenig Fluktuation im Vergleich zu anderen Zuchtverbänden. Jedoch hat sich die Herdbuch-Kennzeichnung über die Jahre hin 3-mal verändert. Dennoch arbeitet der Verband nur mit der numerischen Identifizierung. Anfangs wurde eine 4-stellige Herdbuchnummer hinter dem Rassekürzel verwendet, anschließend eine 5-stellige, und schließlich gab es nur noch eine 6-stellige Nummer ohne Rassekürzel. Dieser Zuchtverband ist der größte Zuchtverband in Deutschland mit den meisten eingetragenen Herdbuchtieren im Zuchtbuch, da in seinem Gebiet das Ursprungszuchtgebiet der Bentheimer Landschaft liegt.

Nach erfolgter Programmierung und Übernahme in die Zieldatenbank, wurden von diesem Zuchtverband 4843 Datensätze (Einzeltiere) gezählt.

### 3.1.2 Vollständigkeit der Daten

Nachdem die Daten in ihrer Struktur identifiziert worden waren, wurde ersichtlich, dass der Großteil der Verbände Lücken in den Abstammungsdaten aufwies (*Tabelle 6*).

**Tabelle 6:** Fehlende Eintragungen (o. E. = ohne Eintrag) von Vätern, Müttern und Geburtsdaten (Geb.dat.) innerhalb der einzelnen Zuchtverbände (ZVB).

ZVB	Gesamt	Vater o. E.	Mutter o. E.	Geb.dat. o. E.
Berlin-Brandenburg (BB)	836	77	30	30
Bayern (BY)	40	0	0	0
Niedersachsen (NS)	2149	237	110	65
Nordrhein-Westfalen (NRW)	2576	624	634	1093
Rheinland-Pfalz (RP)	276	97	102	184
Saarland (SR)	32	4	3	4
Schleswig-Holstein (SH)	6	0	0	0
Weser-Ems (WE)	4843	465	517	658
<i>Gesamt</i>	<i>10758</i>	<i>1504</i>	<i>1396</i>	<i>2034</i>

Es war demnach bei 1504 in der Gesamtdatei eingetragenen Tieren kein Vater bekannt, was einem Anteil von 14 % entspricht. Auf der Mutterseite sind es 13 %. Hierbei traten besonders die Verbände Nordrhein-Westfalen und Rheinland-Pfalz hervor, mit jeweils über 20 % bzw. 30 % unbekanntem Tieren auf der Vater- wie Mutterseite. Somit war in Nordrhein-Westfalen jedes 4. Tier ohne vollständig bekannte Vorfahren im Zuchtbuch geführt, in Rheinland-Pfalz sogar fast jedes 3. Tier.

Werden die Geburtsdaten näher betrachtet, so sind hier ebenfalls fehlende Dateneingaben festzustellen. Bei 19 % der Tiere fand sich kein Geburtsdatum im Zuchtbuch. Im Zuchtverband Rheinland-Pfalz fehlte dieses bei zwei Drittel aller Tiere. Ebenfalls eine hohe Fehlrate von 42 % wiesen die Daten von Nordrhein-Westfalen auf. Bei den anderen Verbänden waren es maximal 14 %. Vergleicht man die Gesamtzahlen über die Zuchtverbände hinweg, so besaß fast jedes 5. Tier keinen Eintrag zum Geburtsdatum, sowie jedes 10. Tier entweder keinen Eintrag zu Vater oder Mutter.

## 3.2 Methoden

### 3.2.1 Zusammenführung der Daten zu einer überregionalen Datenbank

Die Zuchtverbände lieferten die einzelnen elektronischen Herdbücher in verschiedenen Formaten (vgl. *Kapitel 3.1.1*). Durch diese divergierende Herdbuchführung der Verbände waren Mehrfachnennungen für identische Tiere mit unterschiedlicher Tiernummer zu erwarten. Diese Doppelnennungen machten Plausibilitätskontrollen nötig, um eine Gesamtdatenbank zu erhalten, die um diese mehrfach genannten Tiere korrigiert ist. Denn ohne die Korrektur würde die Zahl der aktuellen Bentheimer Landschaf Herdbuchtiere sehr stark überschätzt.

Für diese Kontrollen wurden mit dem Datenbankprogramm *dBase IV Version 5.5 (Firma Borland, 1995)* Programme geschrieben. Hierfür wurde zunächst eine Herdbuchnummer generiert, die weder Nullen noch Züchter- bzw. Verbandskürzel vorangestellt hatte. Diese Herdbuchnummer war die Grundlage für die weiteren Kontrollen. Die auf dieser Nummer aufbauenden Programme suchen in der Datenbank in wiederkehrenden Schleifen Tiere mit gleicher oder ähnlicher Kennung heraus und geben diese in einer Bildschirmmaske aus. Es wurden zunächst nur Tiere kontrolliert, die selbst als Vater- bzw. Muttertier eingesetzt wurden. Hierbei wurden alle verfügbaren Daten (Vater, Mutter, Geburtsdatum, Zuchtverband, Bewertungen etc.) mit abgebildet. Mit diesen Daten sollte abschließend für jedes doppelt oder mehrfach gefundene Tier manuell überprüft werden, ob es sich tatsächlich um doppelte Eintragungen handelte oder letztlich um Tiere aus verschiedenen Zuchtverbänden. Durch dieses Ausschlussverfahren sollte die Basis für die später durchzuführenden Berechnungen gelegt werden.

Bei schwer zu entscheidenden Zuordnungen wurden mittels weiterer Programme die Nachkommen jedes einzelnen Tieres aufgelistet, um damit eine weitere Entscheidungshilfe zu bekommen. So war es durch dieses Verfahren beispielsweise möglich festzustellen, wann die ersten Nachkommen ins Zuchtbuch eingetragen wurden und von welchem Zuchtverband diese stammten. Daraus folgernd ließ sich das Geburtsjahr des gesuchten Tieres berechnen. So konnte mithilfe dieses „neuen“ Parameters eine weitere Entscheidungshilfe herangezogen werden. Allerdings hatte dies den Nachteil, das alle Daten visuell einzeln kontrolliert und auf ihre Plausibilität hin bewertet werden mussten.

Im Dezember 2007 wurde damit begonnen, von den einzelnen Zuchtverbänden ein Daten-Update einzuspielen, um auch den neuesten Lämmerjahrgang (2006–2008) in die Datenbank zu überführen. Dieses Update wurde im März 2008 nach Eingang der Daten des letzten Zuchtverbandes beendet.

### **3.2.2 Das Populations-Management Programm OPTI-MATE**

Die aus allen Daten der Zuchtverbände erstellte Datenbank wurde in das Management-Programm zur Minimierung der Inzucht in gefährdeten Populationen OPTI-MATE implementiert. Dieses Programm wurde von SCHMIDT (1990A) geschrieben und an der Tierärztlichen Hochschule Hannover weiterentwickelt. Für die vorliegende Arbeit wurde die Version 3.87 verwendet (SCHMIDT & WREDE, 2007). Das Programm OPTI-MATE wurde mit der Maßgabe entwickelt, die korrekte Registrierung und Bearbeitung von Abstammungsdaten weitgehend zu vereinfachen. Außerdem soll es den Betreuern von Zuchtpopulationen einfach und schnell die Informationen vermitteln, die eine gezielte Paarungsplanung ermöglichen, um die Inzucht zu minimieren. Für die in dieser Arbeit benötigten Parameter erschien das Leistungsprofil des Programms ausreichend. Es bietet ferner die Möglichkeit, die Population der Bentheimer Landschaft auch in Zukunft züchterisch betreuen zu können.

OPTI-MATE gibt als Grundlage eine Dateistruktur im *dBase*-Format vor, nach der die Daten für das Programm genutzt werden können. Für die Anpassung der Datenbank der Bentheimer Landschaft wurde in *dBase IV* ein Programm geschrieben, das die Daten der Gesamtdatenbank in die vorgeschriebene Struktur von OPTI-MATE implementierte. Anschließend kann OPTI-MATE mit dem vollen Leistungsspektrum genutzt werden. Durch dieses Transkriptionsprogramm können zudem jederzeit jährliche Updates eingespielt werden.

### **3.2.3 Statistische Methoden**

Alle statistischen Berechnungen wurden mit dem Programmpaket SAS (Version 9.1.3, SAS Institute Inc. 2004) durchgeführt.

#### **3.2.3.1 Analyse der Inzuchtkoeffizienten**

Es wurde mithilfe eines linearen Modells und der Prozedur GLM eine Varianzanalyse mit den abhängigen Variablen der verschiedenen Inzuchtkoeffizienten durchgeführt. Als fixe Effekte

wurden in das Modell der Scrapie-Genotyp (*ARR/ARR*, *ARR/XXX*, *XXX/XXX*), das Geschlecht (*männlich*, *weiblich*) und die Interaktion Scrapie-Genotyp \* Geschlecht einbezogen. Dies bedeutet, dass nur solche Tiere für dieses Modell berücksichtigt wurden, die einen vollständigen Scrapie-Genotyp in der Datenbank angegeben haben.

Somit ergibt sich folgendes Modell:

$$y_{ij} = \mu + \text{SEX}_i + \text{SGT}_j + \text{SEX}_i * \text{SGT}_j + e_{ij}$$

wobei:

$y_{ij}$	=	Beobachtungswert des Tieres
$\mu$	=	Mittelwert des jeweiligen Inzuchtkoeffizienten
$\text{SEX}_i$	=	Geschlecht (männlich, weiblich)
$\text{SGT}_j$	=	Scrapie-Genotyp ( <i>ARR/ARR</i> , <i>ARR/XXX</i> , <i>XXX/XXX</i> )
$\text{SEX}_i * \text{SGT}_j$	=	Interaktion von Geschlecht mit Scrapie-Genotyp
$e_{ij}$	=	Restfehler

### 3.2.3.2 Analyse der Inzuchtdepression

Für den Einfluss der verschiedenen Inzuchtkoeffizienten auf die Leistungsparameter Wolle, Exterieur und Bemuskelung – als Bewertung der Inzuchtdepression – wurden die Prozeduren *REG* und *COR* genutzt. Bei der Prozedur *REG* werden die einzelnen Inzuchtkoeffizienten als unabhängige Variable (*inzk\_2*, *inzk5\_60*, *inzk5\_80*) in das Modell aufgenommen und jeweils mit den abhängigen Variablen (Wolle, Exterieur, Bemuskelung) einzeln berechnet. Für die Prozedur *COR* wird die Korrelation für die einzelnen Inzuchtkoeffizienten mit den Leistungsparametern errechnet.

### 3.2.3.3 Berechnung des Vollständigkeitsindex nach Schmidt

EHLING ET AL. (1999) empfehlen eine Berücksichtigung von fünf Ahnengenerationen. In vorliegender Arbeit wurden Inzuchtkoeffizienten mit einem bestimmten Vollständigkeitsindex berechnet. So würde beispielsweise *Inzk5\_60* bedeuten, dass der Vollständigkeitsindex in der 5. Generation mindestens 60 % betragen müsste, um in der Berechnung berücksichtigt zu werden.

Der Vollständigkeitsindex wurde nach folgender Formel von SCHMIDT berechnet (1990B & 1991):

$$I = \frac{(I_{pat.m} \times I_{mat.m}) + (I_{pat.w} \times I_{mat.w})}{2}$$

wobei:

I	=	durchschnittliche Vollständigkeit der...
$I_{pat.m/pat.w}$	=	...männliche/weibliche Ahnen auf Vaterseite
$I_{mat.m/mat.w}$	=	...männliche/weibliche Ahnen auf Mutterseite

Hierbei wurden  $I_{pat.w}$  und  $I_{mat.m}$  wie folgt berechnet:

$$I_{pat.w / mat.m} = \frac{1}{d-1} \times \sum_{i=2}^d a_i$$

wobei:

d	=	Anzahl der Ahnengenerationen (Pedigreelänge)
$a_i$	=	Anteil bekannter Ahnen in Generation i

---

## 4 Ergebnisse

### 4.1 Zusammenführung der Herdbuchdaten

Das Zusammenführen von Herdbuchdaten über die Zuchtverbände hinweg in eine Gesamtdatenbank erforderte mehrere kleine Teilschritte (*Kapitel 3.2.1*). Auffällig war die divergierende Herdbuchführung innerhalb der Verbände. So wurden zum einen verschiedene Schreibweisen für die Herdbucheintragungen benutzt oder bei numerischen Kennungen z. T. Nullen vorangestellt. Verschiedentlich wurde der VDL-Rasseschlüssel für die Bentheimer Landschaft („33“) hinzugefügt. Diese heterogene Herdbuchführung über die Zuchtverbände hinweg war zu erwarten, jedoch nicht innerhalb eines Verbandes.

So lagen beispielsweise für den Zuchtbock „Oskar“ insgesamt 8 Eintragungen bei 4 Zuchtverbänden mit unterschiedlichen Tiernummern, Geburtsdaten und Abstammungsangaben vor (*Tabelle 7*). Bei einem Verband ist dieser Bock 4-mal mit unterschiedlichen Identifizierungen eingetragen. Die Schwierigkeit bestand nun darin zu entscheiden, welche Angaben als korrekt bezeichnet werden konnten. Anhand der unterschiedlichen Plausibilitätskontrollen konnten viele Bockbezeichnungen ausgeschlossen werden, sodass davon ausgegangen werden kann, dass die in *Tabelle 7* farbig unterlegte Bezeichnung die korrekten Angaben von „Oskar“ enthalten. Dieser Bock stellt keinen Einzelfall dar, wie auch für den Bock „Dirk“ zu erkennen ist (*Tabelle 7*).

Auffällig bei der Datenkontrolle waren die häufigen Mehrfachnennungen von Tieren der Zuchtverbände Weser-Ems und Rheinland (Anmerkung: Der Zuchtverband Rheinland ist seit 2006 mit dem Zuchtverband Westfalen zu einem Zuchtverband, der Schafzüchtervereinigung Nordrhein-Westfalen, fusioniert). Beide Verbände benutzten dasselbe Herdbuchführungsprogramm (*Kapitel 3.1.1*). Erschwerend kam hinzu, dass beide Verbände ebenfalls numerische Tierkennungen vergaben. Wenn Tiere von einem Zuchtverband in einen anderen wechselten, behielten bei der Dateneingabe weder die Eltern noch die Großeltern des Tieres die Original-Verbands Kürzel. Stattdessen wurde das Kürzel des neuen Verbandes vorangestellt. Folglich kam es zu falschen Aussagen über das Pedigree bezüglich der Herkunft eines Zuchttieres. Diese Tatsache ließ die Datenzusammenführung bei diesen Verbänden besonders schwierig werden (*Tabelle 7*). Ähnliche Probleme traten auch bei den anderen Zuchtverbänden auf. Besonders bei den kleinen Verbänden wie Rheinland-Pfalz oder

Saarland wurde die wahre Herkunft der Tiere durch das Voranstellen der eigenen Verbandskürzel verschleiert.

**Tabelle 7:** Unterschiedliche Eintragungen am Beispiel des Bocks „Oskar“ bzw. „Dirk“ mit Tiernummer, Zuchtverband (ZVB), Name, Geburtsdatum (Geb.dat.), Vaternummer, Zuchtverband des Vaters (V\_ZVB), Mutternummer und Zuchtverband der Mutter (M\_ZVB; gelb hinterlegt = korrekte Eintragung).

Tiernummer	ZVB	Name	Geb.dat.	Vaternummer	V_ZVB	Mutternummer	M_ZVB
Bock „Oskar“							
WF33/NS5582	NS			WF33/?	WF	WF33/?	WF
WE33/NS5582	NS	E S+ Oskar		WE33/5487	WE	WE33/10665	WE
WE33/RH5582	RH	E Oskar		WE33/RH5487	WE	WE33/RH10665	RH
RP33/ BWE33995582	WE			RP33/ BWE33995487	WE	RP33/ WE339910665	WE
WF33/WE5582	WE	Oskar	25.03.95	WF33/?	WF	WF33/?	WF
WE33/5582	WE	Oskar					
5582	WE	Oskar					
WE33/5582	WE	E O Oskar	24.02.87	WE33/5487	WE	WE33/10665	WE
Bock „Dirk“							
RH33/05697	RH	Dirk		RH33/05567	RH	RH33/10600	RH
WF33/ RH/05697	RH	Dirk		WF33/RH/ 05567	RH	WF33/Rh/ 10600	RH
WF33/ RH05697	RH	Dirk		WF33/	WF	WF33/	WF
WE33/ RH05697	RH	Zw+S+Dirk		WE33/05567	WE	WE33/10600	WE
RH05697	RH						
RP33/B-05697	RP			RP33/B-05567		RP33/10600	
SR05697	SR			?		?	
WE33/05697	WE	Zw+S+Dirk		WE33/	WE	WE33/	WE

*Tabelle 8* zeigt die Anzahl und den Anteil der Tiere je Zuchtverband nach den Plausibilitätskontrollen für die Gesamtdatenbank. Es wurden insgesamt 35 % der männlichen und 13 % der weiblichen Tiere als Mehrfachnennungen gelöscht. Somit umfasste die Gesamtdatenbank der Bentheimer Landschaft vor dem Herdbuchdaten-Update Ende 2007 insgesamt 8783 Herdbuch-Tiere mit 1189 Herdbuch-Böcken und 7594 Herdbuch-Mutterschafen.

**Tabelle 8:** Anzahl (n) der Datensätze der männlichen (♂) und weiblichen (♀) Zuchttiere innerhalb der Zuchtverbände (ZVB) vor und nach den Plausibilitätskontrollen und der Anteil (%) gelöschter Datensätze.

ZVB		Anzahl Tiere (n)		Anteil (%) gelöschter Datensätze
		vor der Kontrolle	nach der Kontrolle	
BB	♂	78	76	2,6
	♀	462	456	1,3
BY	♂	4	4	0,0
	♀	20	18	10,0
HE	♂	0	0	0,0
	♀	5	5	0,0
NS	♂	210	162	22,9
	♀	2085	1882	9,7
RH	♂	360	183	49,2
	♀	932	599	35,7
RP	♂	47	12	74,5
	♀	27	26	3,7
SR	♂	10	7	30,0
	♀	18	16	11,1
WE	♂	983	638	35,1
	♀	4447	3907	12,1
WF	♂	136	107	21,3
	♀	734	685	6,7
Gesamt	♂	1828	1189	35,0
	♀	8730	7594	13,0
	♀+♂	10558	8783	16,8

Nachdem die gelieferten Rohdaten in eine zuchtverbandsübergreifende Gesamtdatenbank implementiert wurden, konnte Ende 2007 mit der Anforderung eines Daten-Updates begonnen werden. Dieses konnte erst im März 2008 abgeschlossen werden, da bei einem Verband technische Probleme mit der elektronischen Datenverarbeitung auftraten, und die Daten des Zuchtbuchs nicht exportiert werden konnten. Durch die Erstellung eigener Transkriptionsprogramme konnten die Updates aller Verbände zeitnah implementiert werden. Durch die Updates erhöhte sich die Anzahl der Tiere in der Gesamtdatenbank auf 9969 Tiere. Hiervon waren insgesamt 1279 Tiere männlich und 8690 weiblich. Diese Zahlen der Gesamtdatenbank waren die Grundlage für alle folgenden Populationsanalysen.

## 4.2 Populationsdaten der Bentheimer Landschaft

### 4.2.1 Aktive Zuchtpopulation

Nach der aktuellen Datengrundlage (*Stand: März 2008*) gibt es in Deutschland 2613 aktive, also paarungsfähige HB-Tiere der Bentheimer Landschaft, wovon 2468 (94,5 %) weiblich und 145 (5,6 %) männlich sind. Die Zuchtverbände Weser-Ems (48,5 %) und Niedersachsen (34,6 %) haben mit insgesamt 83,1 % des Gesamtbestands die meisten aktiven Zuchttiere eingetragen. Anhand dieser Tierzahlen ergibt sich eine effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) von 547. Diese ist jedoch überschätzt, da bei den gelieferten Daten sowohl Böcke als auch Mutterschafe als aktive Zuchttiere eingetragen sind, die bereits im Jahr 1979 geboren wurden (*Tabelle 9*). Wird unterstellt, dass Böcke wie Muttertiere maximal 13 Jahre zur Zucht eingesetzt werden, so reduziert sich der aktive Bockbestand auf 132 Tiere, bei den Mutterschafen reduziert sich die Zahl auf 2393. Mit diesen angepassten Bestandszahlen ergibt sich eine effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) von 500.

**Tabelle 9:** Häufigkeitsverteilung der aktiven Zuchttiere innerhalb 6 verschiedener Geburtsklassen.

Geburtsjahrgang	männliche Zuchttiere(n)	weibliche Zuchttiere(n)
unbekannt	7	5
1979–1990	5	33
1991–1995	2	105
1996–2000	8	506
2001–2005	97	1429
2006–2007	26	395

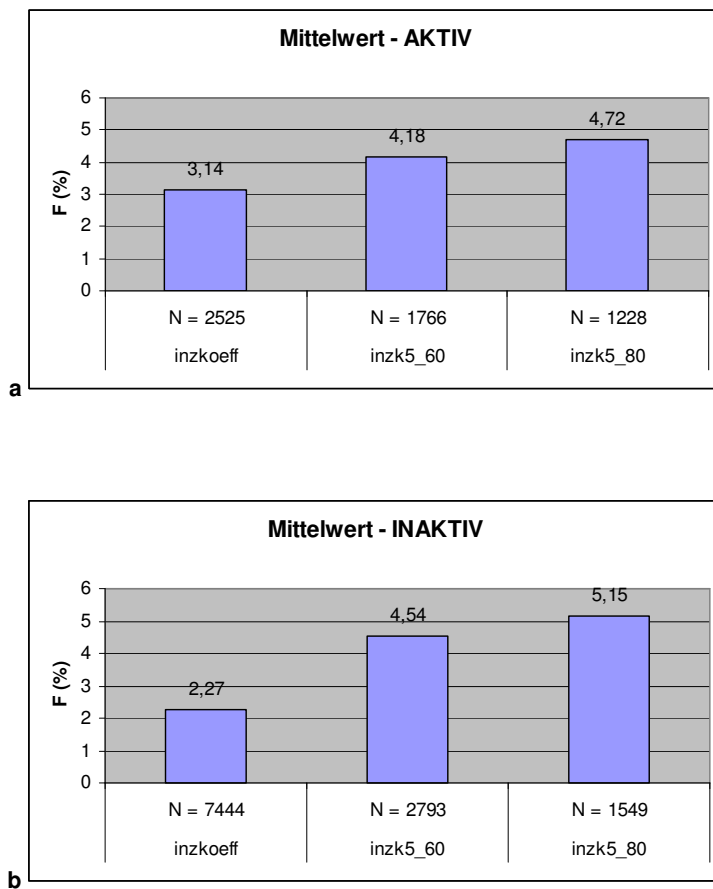
---

Das Nationale Fachprogramm setzt seinerseits zur Erkennung der Gefährdungsstufen von Populationen lediglich die effektive Populationsgröße als Richtgröße fest. Bei der für die Bentheimer Landschaft ausgerechneten effektiven Populationsgröße würde dies den BEO-Status (Beobachtungsstatus) bedeuten ([WWW.GENRES.TGRDEU.DE](http://WWW.GENRES.TGRDEU.DE), Stand: 25. Mai 2008). Die FAO stuft das Bentheimer Landschaft nach diesen Populationsdaten als nicht gefährdete Rasse ein.

#### 4.2.2 Betrachtung der Inzucht

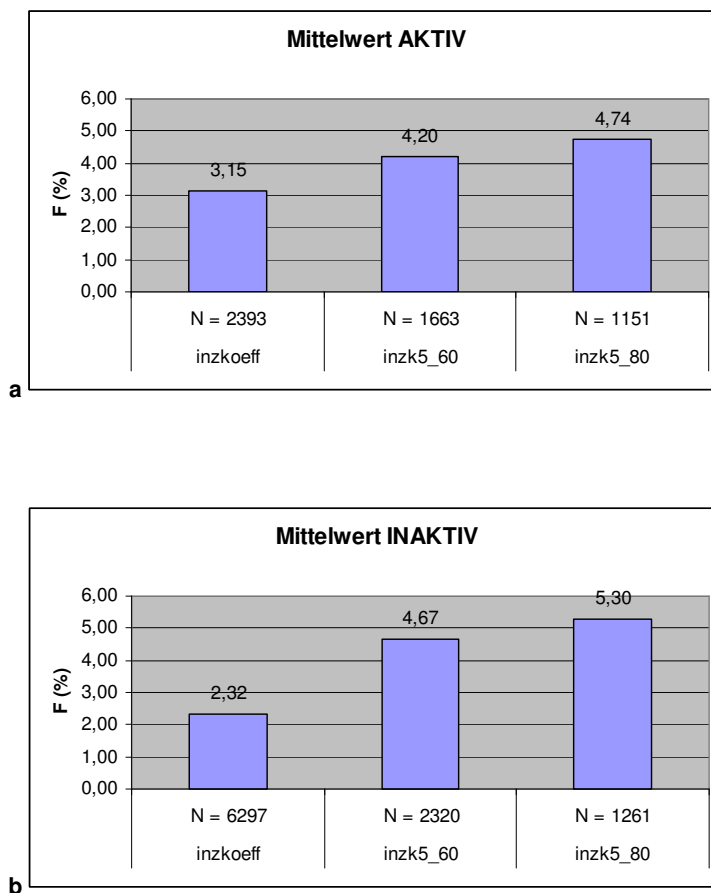
Die nachfolgenden Inzuchtberechnungen werden nach WRIGHT (1923) durchgeführt. Um jedoch eine Unterschätzung des Inzuchtgrades zu vermeiden, werden weitere Parameter bestimmt, die mit dem Vollständigkeitsindex nach SCHMIDT (1990B) errechnet wurden. Ferner sei an dieser Stelle erneut darauf hingewiesen, dass viele Tiere als zuchtaktiv gemeldet wurden, die aber definitiv nicht mehr zur Zucht eingesetzt werden können (*Kapitel 4.2.1*). Für diese Berechnungen wurden alle Tiere, die vor 1995 geboren wurden auf den Status „zuchtinaktiv“ gesetzt, da es unwahrscheinlich erscheint, dass diese Tiere noch in der Zucht eingesetzt werden. Weiterhin wurde zur Berechnung des Vollständigkeitsindex bei Tieren ohne Geburtsdatum ein fiktives Geburtsdatum bestimmt. Hierzu wurde das Geburtsdatum der ersten Nachkommen herangezogen und für das Tier 15 Monate vordatiert. So konnte ein annähernd korrektes Geburtsjahr geschätzt werden. *Abbildungen 3 a und b* geben einen Überblick über die Inzuchtkoeffizienten in der Population, aufgeteilt in zuchtaktive Tiere und zuchtinaktive Tiere.

Bei den aktiven Tieren (*Abbildung 3a*) liegt der Inzuchtkoeffizient ohne Berücksichtigung der Vollständigkeit des Pedigrees bei 3,14 %, wobei in diese Berechnung alle aktiven Tiere ( $n = 2525$ ) eingehen. Wird nun die 5. Generation untersucht und ein Vollständigkeitsindex von 60 % angesetzt, reduziert sich die Tierzahl um 30 % auf  $n = 1766$ . Gleichzeitig steigt der Inzuchtkoeffizient um 1,04 % auf 4,18 % an. Wird der Vollständigkeitsindex auf 80 % gesetzt, beträgt der Anteil der Tiere nur noch 48,7 % von der Ausgangszahl. Diese Tendenz spricht dafür, dass der wahre Inzuchtgrad in der Population der Bentheimer Landschaft höher ist als er ohne Vollständigkeitsindex des Pedigrees berechnet wurde. Die Tendenz des steigenden Inzuchtwertes ist bei den inaktiven Tieren ebenfalls zu erkennen (*Abbildung 3b*). Jedoch ist hier der Inzuchtkoeffizient höher als bei den aktiven Tieren.



**Abbildung 3:** Mittelwert des Inzuchtkoeffizienten (F in %) der aktiven (a) bzw. inaktiven Zuchttiere (b) für alle Tiere (inzkoeff) und für Individuen, die in der 5. Generation 60 % (*inzk5\_60*) bzw. 80 % (*inzk5\_80*) bekannte Ahnen besitzen.

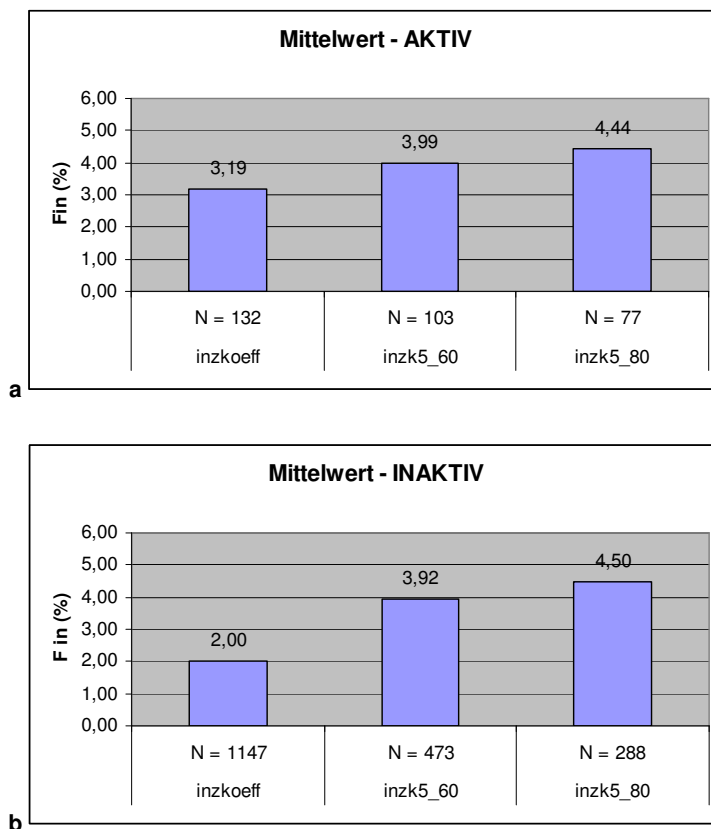
Die *Abbildungen 4a* und *b* sowie *5a* und *b* zeigen die Inzuchtwerte getrennt nach Geschlechtern und Aktivitätsstatus. Die Verläufe der Inzuchtkoeffizienten der weiblichen aktiven (*Abbildung 5a*) wie inaktiven Zuchttiere (*Abbildung 5b*) waren ähnlich zum Gesamtverlauf der aktiven Tiere (*Abbildung 3a*) zu sehen. Dies war ebenfalls für die Höhe des Inzuchtgrades festzustellen. Bei den Inaktiven war er höher.



**Abbildung 4:** Mittelwert des Inzuchtkoeffizienten (F in %) der weiblichen aktiven (**a**) bzw. inaktiven Zuchttiere (**b**) für alle Tiere (inzkoeff) und für Individuen, die in der 5. Generation 60 % (inzk5\_60) bzw. 80 % (inzk5\_80) bekannte Ahnen besitzen.

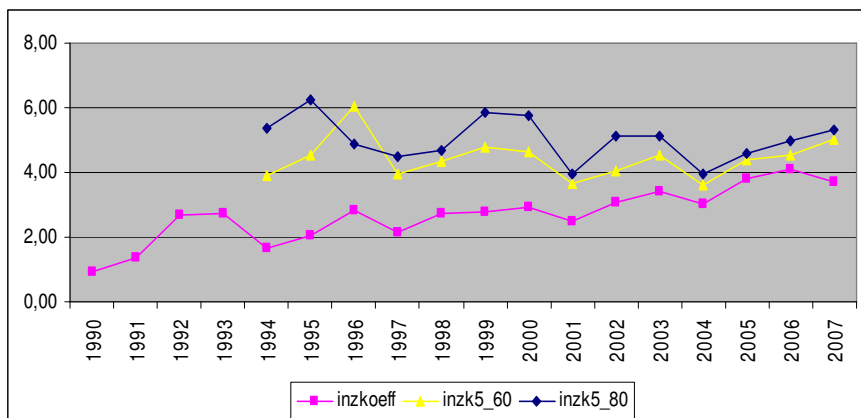
Bei den männlichen aktiven Zuchttieren (*Abbildung 5a*) lag der Mittelwert des Inzuchtkoeffizienten bei den Vollständigkeitsklassen *inzk5\_60* sowie bei *inzk5\_80* bis zu 0,86 % unter denen der weiblichen Tiere. Wie bei den anderen Mittelwerten bisher war auch hier eine Steigerung des Inzuchtkoeffizienten mit dem Vollständigkeitsindex zu beobachten.

Bei den inaktiven Zuchtböcken (*Abbildung 5b*) lag der Mittelwert der Inzuchtkoeffizienten bei allen Vollständigkeitsklassen deutlich unter denen der weiblichen Tiere. Der Unterschied des Inzuchtkoeffizienten zwischen aktiven und inaktiven Böcken war nicht so groß wie bei den Mutterschafen.



**Abbildung 5:** Mittelwerte des Inzuchtkoeffizienten (F in %) der männlichen aktiven (a) bzw. inaktiven Zuchttiere (b) für alle Tiere (inzkoeff) und für Individuen, die in der 5. Generation 60 % (inzk5\_60) bzw. 80 % (inzk5\_80) bekannte Ahnen besitzen.

Um einen Überblick über den temporären Verlauf der Inzucht zu bekommen, sind in *Abbildung 6* die mittleren Inzuchtkoeffizienten über die Geburtsjahre 1990–2007 dargestellt.



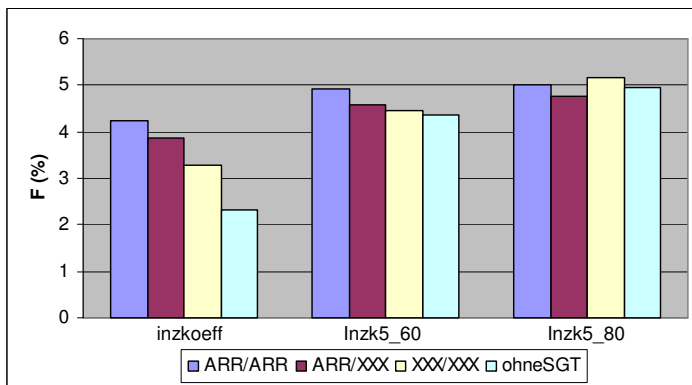
**Abbildung 6:** Übersicht der mittleren Inzuchtkoeffizienten in den Geburtsjahren 1990–2007 für alle Tiere (*inzkoeff*) und für Individuen, die in der 5. Generation 60 % (*inzk5\_60*) bzw. 80 % (*inzk5\_80*) bekannte Ahnen besitzen.

Die Betrachtung der Inzucht über die Jahre der elektronischen Datenverfügbarkeit (seit 1990) hinweg zeigt ebenfalls eine Erhöhung der Inzuchtkoeffizienten in Abhängigkeit des Vollständigkeitsindex. Von 1990 bis heute ist anhand der Inzuchtkoeffizienten (*inzkoeff*) eine geringe, aber doch stetige Inzuchtzunahme zu beobachten. Er steigt von 0,9 % im Jahr 1990 bis auf 3,7 % im Geburtsjahr 2007 an. Bei einem Vollständigkeitsindex von 60 % in der 5. Generation ist ein höherer Inzuchtkoeffizient vorhanden. Beginnend bei 4 % unterliegt er über die Jahre einigen Schwankungen im Bereich von 3,6 – 6,1 %. Ab dem Jahr 2004 steigt er jedoch wieder bis auf 5 % im Jahr 2007 an. Bei dem Vollständigkeitsindex von 80 % werden noch höhere Inzuchtkoeffizienten ermittelt. Hierbei beträgt der höchste Wert im Jahr 1995 6,2 %. Diese Werte unterliegen ebenfalls über die Geburtsjahre betrachtet gewissen Schwankungen, die sich ab dem Jahr 2004 mit ca. 0,3 % höheren Werten nahezu parallel zu den berechneten Werten von *inzk5\_60* bewegen.

Die Inzuchtberechnung wurde ebenfalls unter Berücksichtigung der Scrapie-Genotypen (SGT) untersucht. Dabei wurden folgende Genotypen zusammengefasst.

- ARR/ARR
- ARR/XXX
- XXX/XXX

XXX steht hierbei für alle bekannten Allelkombinationen (z. B. VRQ, ARH, ARQ, AHQ) außer ARR. Des Weiteren wurden auch die Tiere untersucht, die keine Scrapie-Genotypisierungsergebnisse aufweisen. *Abbildung 7* zeigt die Mittelwerte der Inzuchtkoeffizienten nach Scrapie-Genotyp.



**Abbildung 7:** Übersicht der einzelnen Inzuchtkoeffizienten bei verschiedenen Scrapie-Genotypen für alle Tiere (*inzkoeff*) und für Individuen, die in der 5. Generation 60 % (*inzk5\_60*) bzw. 80 % (*inzk5\_80*) bekannte Ahnen besitzen.

In *Abbildung 7* ist zu erkennen, dass Tiere mit dem bevorzugten ARR/ARR-Genotyp bei den Vollständigkeitsklassen *inzkoeff* und *inzk5\_60* jeweils die höchsten Inzuchtkoeffizienten aufweisen. Bei *inzk5\_80* liegt der Inzuchtkoeffizient nur knapp unter dem des Genotyps XXX/XXX, generell liegt er aber unter 5 %. Die Tiere ohne Genotypisierung zeigen bis auf den Inzuchtkoeffizienten *inzk5\_80* eine deutlich niedrigere Inzucht als Tiere mit einer Genotypisierung. Bei *inzkoeff* und *inzk5\_60* zeigen alle Tiere, die mit mindestens einem ARR-

Alle typisiert wurden, eine höhere Inzucht als Tiere ohne *ARR*-Allel bzw. ohne Typisierung. Bei einem Vollständigkeitsindex von 80 % in der fünften Generation kann diese höhere Inzucht in Verbindung mit dem *ARR*-Allel nicht nachgewiesen werden.

Die bereits in *Kapitel 3.2.3.1* beschriebene Varianzanalyse wurde für die typisierten Tiere durchgeführt. Dies bedeutet, es wurden nur solche Tiere für dieses Modell berücksichtigt, die einen vollständigen Scrapie-Genotyp in der Datenbank angegeben haben. Für die Berechnungen in *Abbildung 7* wurden hingegen alle Tiere berücksichtigt. Somit haben auch Tiere ohne eine Genotypisierung auf die Mittelwertberechnung Einfluss genommen.

Für die Varianzanalyse standen insgesamt 1334 Datensätze zur Verfügung. Für den Inzuchtkoeffizienten *inzkoeff* konnten 98,1 % ( $n = 1308$ ) der Datensätze verwendet werden, für *inzk5\_60* noch 75,6 % ( $n = 1008$ ) und 57,7 % ( $n = 767$ ) für den Inzuchtkoeffizienten *inzk5\_80*. In *Tabelle 10* sind die entsprechenden Signifikanzen angegeben.

**Tabelle 10:** Angabe der Signifikanzen des Scrapie-Genotyps (SGT), des Geschlechts (SEX) und der Interaktion von Scrapie-Genotyp mit dem Geschlecht (SGT \* SEX) auf den Inzuchtkoeffizienten (*inzkoeff*, *inzk5\_60*, *inzk5\_80*).

Variable	SGT	SEX	SGT * SEX
<i>inzkoeff</i>	$p < 0,05$ (*)	$p < 0,01$ (**)	$p > 0,05$ (n.s.)
<i>inzk5_60</i>	$p > 0,05$ (n.s.)	$p < 0,05$ (*)	$p > 0,05$ (n.s.)
<i>inzk5_80</i>	$p > 0,05$ (n.s.)	$p > 0,05$ (n.s.)	$p > 0,05$ (n.s.)

n.s. = nicht signifikant ; \*  $p < 0,05$  ; \*\*  $p < 0,01$

Für den Inzuchtkoeffizienten *inzkoeff* konnte eine niedrige Signifikanz ( $p < 0,05$ ) für den Effekt des Scrapie-Genotyps und eine mittlere Signifikanz ( $p < 0,01$ ) für das Geschlecht berechnet werden. Die Interaktion SGT \* SEX war nicht signifikant. Beim Koeffizienten *inzk5\_60* konnte nur bei dem Geschlecht eine niedrige Signifikanz ( $p < 0,05$ ) gefunden werden, der SGT sowie die Interaktion von SGT und SEX zeigen keinen signifikanten Einfluss auf den Inzuchtkoeffizienten. Bei dem Wert von *inzk5\_80* konnte für keinen Effekt ein signifikanter Einfluss bestätigt werden.

### 4.2.3 Betrachtung der Inzuchtdepression

Bei der Herdbuchaufnahme von Mutterschafen respektive der Körung von Böcken werden beim Bentheimer Landschaf die Parameter Wolle, äußere Erscheinung und in den meisten Zuchtverbänden auch die Bemuskelung erfasst. Hierbei stellt der Wert 5 den Populationsdurchschnitt, die Werte 1 und 9 die entsprechenden Minima bzw. Maxima der Bewertungsskala dar. Diese Parameter werden als Merkmale für die Betrachtung der Inzuchtdepression für nachfolgende Berechnungen genutzt. Die Werte sind normalverteilt. Alle Mittelwerte liegen deutlich über dem Wert 5. Der höchste Mittelwert wurde für die Bemuskelung mit 7,13 bestimmt. Die deskriptive Statistik über diese Parameter ist in *Tabelle 11* zusammengefasst.

**Tabelle 11:** Deskriptive Statistik für die Parameter Wolle, Exterieur, Bemuskelung, *inzk2*, *inzk5\_60* und *inzk5\_80*.

Merkmal	n	Mittelwert	Standardabweichung	Minimum	Maximum
Wolle	6926	7,01	0,67	4	9
Exterieur	6936	6,98	0,73	3	9
Bemuskelung	6217	7,13	0,65	4	9
<i>inzk2</i>	8474	2,93	4,47	0,00	36,08
<i>inzk5_60</i>	4559	4,40	4,72	0,00	36,08
<i>inzk5_80</i>	2777	4,96	4,83	0,16	36,08

Für die Leistungsparameter wurden als Minimum die Werte 3 bzw. 4 in der Datenbank gefunden. Bei allen drei Parametern gab es Tiere mit dem Maximalwert von 9. Der höchste Inzuchtwert betrug bei allen Inzuchtkoeffizienten 36,08 %, der Minimalwert 0 bzw. bei *inzk5\_80* 0,16 %. Es wurde für jeden einzelnen Inzuchtkoeffizienten (*inzk2*, *inzk5\_60*, *inzk5\_80*) eine Regressions- und Korrelationsanalyse zu den einzelnen Bewertungsparametern (Wolle, Exterieur, Bemuskelung) durchgeführt (*Tabelle 12*). Zwischen jedem Inzuchtkoeffizienten gab es mit den Leistungsparametern eine negative Regression, mit Ausnahme

von der Bemuskelung beim Inzuchtkoeffizient *inzk2*. Die Regressionswerte stiegen von *inzk2* zu *inzk5\_80* im negativen Bereich an.

**Tabelle 12:** Regressions- (b) und Korrelationskoeffizienten (r) zwischen den Parametern *inzk2*, *inzk5\_60*, *inzk5\_80* mit den Parametern Wolle, Exterieur und Bemuskelung.

	Wolle		Exterieur		Bemuskelung	
	b	r	b	r	b	r
<i>inzk2</i>	-0,00468 *	-0,03175 *	-0,00434 *	-0,02705 *	0,00105 <sup>n.s.</sup>	0,00743 <sup>n.s.</sup>
<i>inzk5_60</i>	-0,00981 ***	-0,07216 ***	-0,01218 ***	-0,08195 ***	-0,00856 ***	-0,06381 ***
<i>inzk5_80</i>	-0,01120 ***	-0,08375 ***	-0,01302 ***	-0,09176 ***	-0,00919 *	-0,06995 *

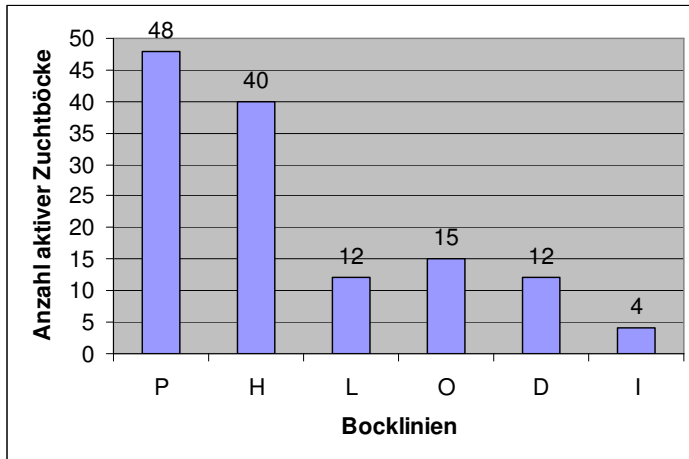
n.s. = nicht signifikant ; \*  $p < 0,05$  ; \*\*  $p < 0,01$  ; \*\*\*  $p < 0,001$

Für den Inzuchtkoeffizienten *inzk2* und die Bemuskelung konnte keine Signifikanz der Ergebnisse abgesichert werden. Bezüglich der Wolle und Exterieur konnte eine leichte Signifikanz ( $p < 0,05$ ) bestätigt werden. Die errechneten Regressions- und Korrelationskoeffizienten beim Inzuchtkoeffizienten *inzk5\_60* zeigen alle eine hohe Signifikanz ( $p < 0,001$ ). Für den Inzuchtkoeffizienten *inzk5\_80* erwiesen sich die Werte bei Wolle und Exterieur ebenfalls als hoch signifikant. Bei der Bemuskelung konnte jedoch nur eine Signifikanz von  $p < 0,05$  errechnet werden. Das Bestimmtheitsmaß ( $R^2$ ) liegt über alle Analysen gesehen zwischen 0,0001 und 0,0084.

#### 4.2.4 Bocklinienidentifizierung

In der Gesamtpopulation der Bentheimer Landschaft werden nach der aktuellen Datengrundlage der Zuchtverbände insgesamt 145 Böcke als zuchtaktiv geführt. Hier gilt es das Problem der Überschätzung der aktiven Tiere zu beachten (*Kapitel 4.2.1*). Zum Teil werden noch die Gründungsväter der Linien selbst als aktive Zuchtböcke aufgeführt. Es ist für die weitere Zuchtentscheidung wichtig, wie viele Böcke der einzelnen Bocklinien der Bentheimer Schafe noch genutzt werden können.

Um nun für die aktive Zuchtpopulation verlässliche Aussagen über das Vorhandensein von Bocklinien treffen zu können, wird für einen Bock erneut eine Zuchtdauer von maximal 13 Jahren (Geburtsdatum: ab 1995) angesetzt. Es können demnach 132 Böcke zur Zucht eingesetzt werden. Die Häufigkeitsverteilung der einzelnen Bocklinien gibt *Abbildung 8* wieder. Bei einem Bock konnte keine Linienzugehörigkeit bestimmt werden.



**Abbildung 8:** Häufigkeitsverteilung der aktiven Bocklinien für die Bentheimer Landschaft Population.

Demnach existieren nur noch 6 Blutlinien der ehemals 9. Neben den schon als ausgestorbenen F- und S-Linien, fehlt nun auch die R-Linie bei den aktiven Böcken. In *Abbildung 8* wird ersichtlich, dass die P-Linie mit 36,4 % die meisten aktiven Zuchtböcke stellt. Die H-Linie ist ebenfalls stark vertreten, hiervon gibt es 40 aktive Zuchtböcke. Die O-, L- und D-Linie sollten weiterhin vermehrt eingesetzt werden, um ihren Anteil in der Population zu erhöhen. Die I-Linie ist mit 4 aktiven Vererbern in der Population zu finden und ist damit die Blutlinie mit den aktuell wenigsten aktiven Böcken in der Bentheimer-Landschaft-Population.

## 4.3 Betrachtung der Genotyp- und Allelfrequenzen

### 4.3.1 Genotypfrequenzen

*Tabellen 13* und *14* zeigen jeweils eine Häufigkeitsverteilung aller vorkommenden Genotypen bei aktiven und inaktiven Zuchttieren, getrennt für männliche und weibliche Tiere. Bei den aktiven Tieren ( $n = 2525$ ) liegen von 572 (29,3 %) Tieren Informationen zum Scrapie-Genotyp vor, bei den inaktiven ( $n = 7444$ ) von 10,2 %.

**Tabelle 13:** Scrapie-Genotyp(SGT)-Verteilung bei den aktiven Zuchttieren. Die PrP-Genotypen mit ARR-Beteiligung sind gelb hinterlegt.

SGT	♀		♂		Gesamt	
	n	%	n	%	n	%
AHQ/AHQ	3	0,66	0	-	3	0,52
AHQ/ARH	7	1,53	1	0,88	8	1,40
AHQ/ARQ	25	5,46	8	7,02	33	5,77
AHQ/VRQ	3	0,66	0	-	3	0,52
ARH/ARH	3	0,66	1	0,88	4	0,70
ARH/ARQ	34	7,42	9	7,89	43	7,52
ARH/VRQ	3	0,66	0	-	3	0,52
ARQ/AHQ	1	0,22	0	-	1	0,17
ARQ/ARH	4	0,87	0	-	4	0,70
ARQ/ARQ	106	23,14	16	14,04	122	21,33
ARQ/VRQ	6	1,31	0	-	6	1,05
ARR/AHQ	28	6,11	8	7,02	36	6,29
ARR/ARH	37	8,08	7	6,14	44	7,69
ARR/ARQ	151	32,97	48	42,11	199	34,79
ARR/ARR	34	7,42	16	14,04	50	8,74
ARR/VRQ	12	2,62	0	-	12	2,10
VRQ/VRQ	1	0,22	0	-	1	0,17
<i>Gesamt</i>	<i>458</i>	<i>100,00</i>	<i>114</i>	<i>100,00</i>	<i>572</i>	<i>100,00</i>

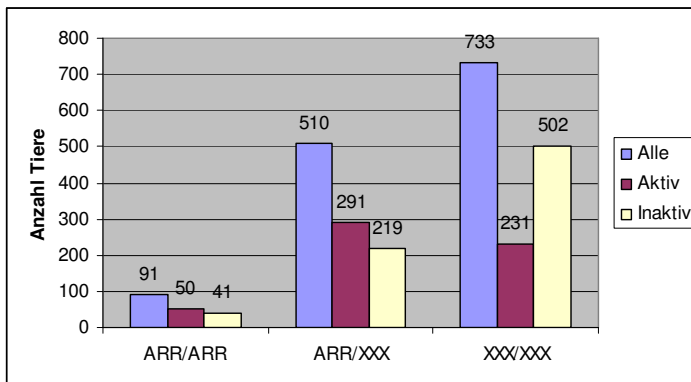
**Tabelle 14:** Scrapie-Genotyp(SGT)-Verteilung bei den inaktiven Zuchttieren. Die PrP-Genotypen mit ARR-Beteiligung sind gelb hinterlegt.

SGT	♀		♂		Gesamt	
	n	%	n	%	n	%
AHQ/AHQ	10	2,16	3	1,01	13	1,71
AHQ/ARH	9	1,94	5	1,68	14	1,84
AHQ/ARQ	42	9,05	21	7,05	63	8,27
AHQ/VRQ	11	2,37	3	1,01	14	1,84
ARH/ARH	9	1,94	2	0,67	11	1,44
ARH/ARQ	59	12,72	35	11,74	94	12,34
ARH/VRQ	6	1,29	3	1,01	9	1,18
ARQ/AHQ	0	–	1	0,34	1	0,13
ARQ/ARH	143	30,82	66	22,15	209	27,43
ARQ/VRQ	59	12,72	12	4,03	71	9,32
ARR/AHQ	12	2,59	13	4,36	25	3,28
ARR/ARH	14	3,02	15	5,03	29	3,81
ARR/ARQ	72	15,52	82	27,52	154	20,21
ARR/ARR	10	2,16	31	10,40	41	5,38
ARR/VRQ	5	1,08	6	2,01	11	1,44
VRQ/VRQ	3	0,65	0	–	3	0,39
<i>Gesamt</i>	<i>464</i>	<i>100,00</i>	<i>298</i>	<i>100,00</i>	<i>762</i>	<i>100,00</i>

Für die Scrapie-Resistenzucht sind besonders die Allele *ARR* und *VRQ* wichtig. Hierbei ist allgemein anerkannt, dass *ARR* für die klassische Scrapie als unempfindlich und *VRQ* als scrapieempfindlich angesehen wird. Aus *Tabelle 13* wird deutlich, dass bei den Mutterschafen knapp 57 % aller untersuchten Mutterschafe einen SGT mit mindestens einem *ARR*-Allel aufwiesen. Bei den Böcken waren es sogar 69 %.

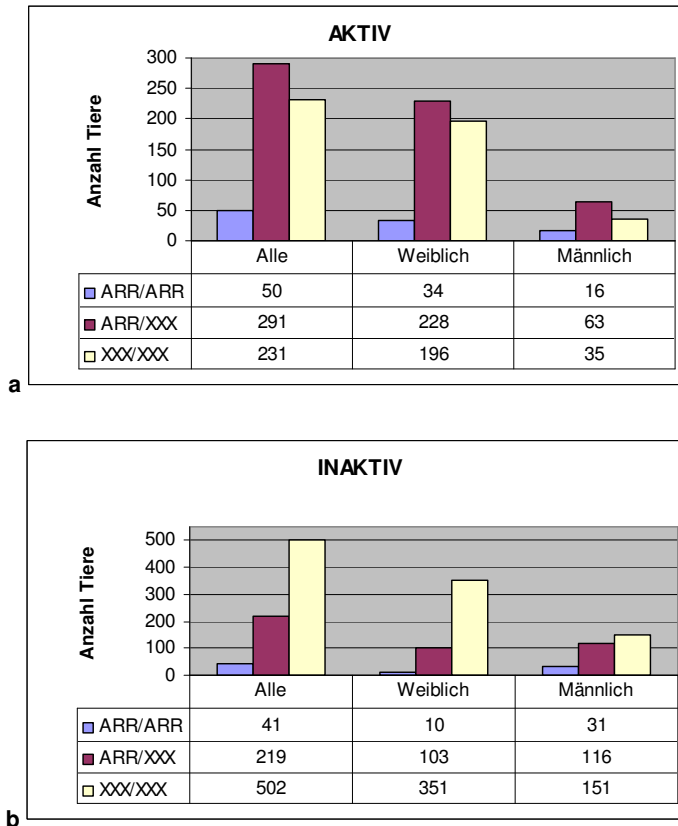
Aus *Tabelle 14* kann bei den zuchtinaktiven untersuchten Tieren ein deutlich geringerer Anteil an Trägern des *ARR*-Allels beobachtet werden. Auffallend ist ebenfalls die Anzahl der gefundenen Scrapie-Genotypen. Bei den aktiven Mutterschafen wurden wesentlich mehr Genotypen ( $n = 17$ ) gefunden als bei den aktiven Böcken ( $n = 9$ ). Bei den als zuchtinaktiv geltenden untersuchten Tieren konnten bei den männlichen wie auch bei den weiblichen jeweils 15 Genotypen bestimmt werden. Für die übersichtlichere Betrachtung der Genotypfrequenzen wurden die Genotypen erneut in die 3 Klassen *ARR/ARR*, *ARR/XXX* und *XXX/XXX* zusammengefasst (*Kapitel 4.2.2*).

*Abbildung 9* stellt die Ergebnisse der *Tabellen 13* und *14* graphisch für alle Tiere sowie für die zuchtinaktiven und -aktiven Tiere dar.



**Abbildung 9:** Anzahl typisierter Tiere (Alle, Aktiv, Inaktiv) für die Genotypen *ARR/ARR*, *ARR/XXX* und *XXX/XXX*.

Es gab weniger aktive als inaktive Tiere mit einem Genotyp der Allelkombination ohne *ARR*. Über alle genotypisierten Tiere verglichen besaßen jedoch die meisten Tiere den Scrapie-Genotyp ohne *ARR*. Für eine weitergehende Aufschlüsselung der Daten wird die Häufigkeit der Scrapie-Genotypen unterteilt in aktive und inaktive Tiere getrennt für jedes Geschlecht graphisch dargestellt (Abbildung 10 a und b)



**Abbildung 10:** Vorkommen des Scrapie-Genotyps *ARR/ARR*, *ARR/XXX* und *XXX/XXX* in der aktiven (a) bzw. inaktiven Gesamtpopulation (b) und getrennt für die weiblichen und männlichen Zuchttiere.

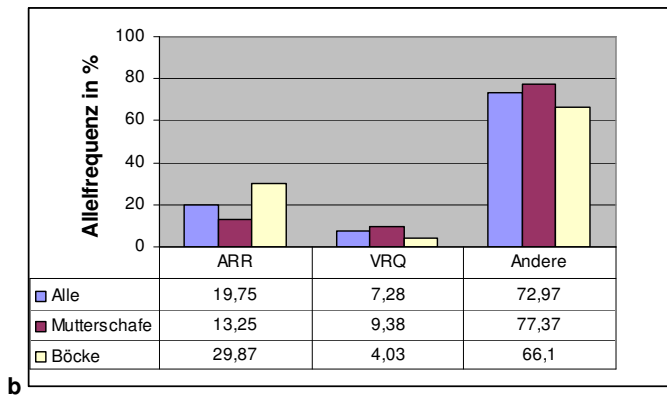
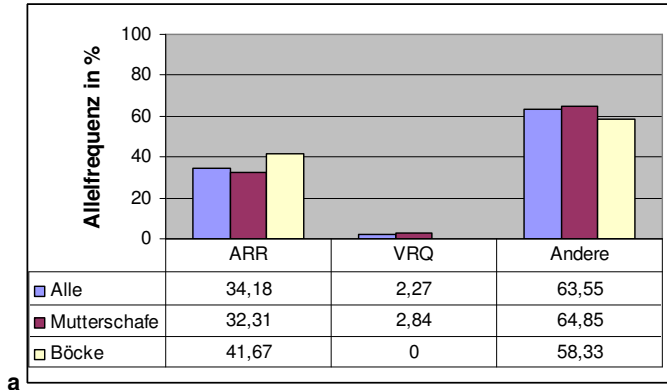
*Abbildung 10 a* zeigt, dass sowohl bei den aktiven männlichen als auch bei den weiblichen Tieren mehr Scrapie-Genotypen mit mindestens einem *ARR*-Allel vorkommen. Dies steht im Gegensatz zu den inaktiven (*Abbildung 10 b*). Ebenfalls ist bei beiden Geschlechtern der Genotyp *ARR/XXX* der am häufigsten typisierte. Die Mutterschafe besitzen bei den aktiven Tieren mehr *ARR/ARR*-Genotypen als die Böcke. Umgekehrt ist dies bei den inaktiven Tieren festzustellen.

### 4.3.2 Allelfrequenzen

Ausgehend von den vorhandenen Genotypen werden im Folgenden die Allelfrequenzen berechnet. Für die Darstellungen wird die Allelfrequenz nur für die zuchtrelevanten Allele *ARR* und *VRQ* und andere als diese beiden gewählt. Bei den Bentheimer Landschaften wurde bei den ersten Untersuchungen im Rahmen der EU-ENTSCHEIDUNG 2002/1003 eine *ARR*-Allelfrequenz von 6,2 % festgestellt (BRANDT ET AL., 2004A). *Abbildungen 11 a* und *b* zeigen anhand der aktuellen Herdbuchdaten für die Bentheimer Landschaft Population die *ARR*-Allelfrequenzen jeweils für die Gesamtanzahl Tiere, die Böcke und die Mutterschafe unter Berücksichtigung des Status als aktives oder inaktives Zuchttier.

Bei den aktiven Zuchttieren wird deutlich, dass bei den Böcken die Allelfrequenz des *ARR*-Allels bei 41,7 % liegt. Somit wird offenbar stärker auf das *ARR*-Allel selektiert als bei den Mutterschafen. Dies spiegelt sich auch im Vorhandensein des *VRQ*-Allels in der Mutterschafpopulation mit einer Allelfrequenz von 2,8 % und dem Fehlen desselben bei den Zuchtböcken wider. Jedoch treten beim Bentheimer Landschaft mit 63,6 % die anderen Allele außer *ARR* und *VRQ* am häufigsten in der Population auf.

Bei den inaktiven Tieren treten bei den Mutterschafen wie auch bei den Böcken die Allele *ARR* und *VRQ* auf. Jedoch macht die Allelfrequenz der Allele *VRQ* und *ARR* nur ungefähr ein Drittel der vorhandenen Allelfrequenzen aus. Aus dem Vergleich der beiden *Abbildungen 11 a* und *b* wird deutlich, dass bei den aktiven Tieren die Allelfrequenz für *ARR* fast doppelt so hoch liegt wie bei den inaktiven. Bei den Mutterschafen hat sich diese sogar mehr als verdoppelt. Die Reduktion der *VRQ*-Allelfrequenz bei beiden Geschlechtern von den inaktiven zu den aktiven Zuchttieren wird deutlich.



**Abbildung 11:** Scrapie-Genotyp (SGT)-Allelfrequenzen für aktive (a) bzw. die inaktiven Zuchttiere (b).

---

## 5 Diskussion

### 5.1 Zusammenführung der Herdbuchdaten

Für die Entwicklung eines Erhaltungszuchtprogramms einer vom Aussterben bedrohten Schafrasse ist es essentiell, eine Datenbank zu erstellen, in der alle verfügbaren Abstammungsinformationen der Population enthalten sind. Im Bereich der Schafzucht ist Deutschland – als föderalistisch organisierter Staat – in viele kleine, regionale Zuchtbereiche, die Schafzuchtverbände, unterteilt. Die in jedem Zuchtverband individuell geführten elektronischen Zuchtbücher wurden im Rahmen dieses Modell- und Demonstrationsvorhabens zusammengeführt, um die erforderliche überregionale Datenbank zu erstellen. Im Vorfeld dieser Arbeit wurde bereits vermutet, dass diese Daten über die Zuchtverbände hinweg inhomogen sind und somit nicht problemlos zusammengestellt werden können. Während der Arbeit hat sich darüber hinaus herausgestellt, dass die Daten auch innerhalb eines Zuchtverbandes ebenfalls nicht als valide gelten können.

#### 5.1.1 Verwendete Herdbuchkennzeichnungssysteme der Zuchtverbände und deren Probleme

Die verschiedenen genutzten EDV-Programme der Zuchtverbände sind zum Teil sehr unterschiedlich mit divergierenden Funktionen aufgebaut, die jedoch nicht alle für vorliegende Arbeit relevant sind. An dieser Stelle sei auf die jeweiligen Programmbeschreibungen verwiesen (*Kapitel 2.5*).

Bei dem Zuchtverband Weser-Ems zum Beispiel ist bekannt, dass er sein numerisches Kennzeichnungssystem mehrmals geändert hat. Der Zahlencode war ursprünglich 4-stellig, wurde dann 5-stellig und schließlich 6-stellig. Hierbei trat das Problem auf, dass den alten 4- und 5-stelligen Nummern bei erneuter Eingabe teilweise die entsprechende Anzahl von Nullen vorangestellt wurde. So entstanden neue Herdbuchkennungen mit und ohne Nullen. Diese Änderung wird zum Teil von den verwendeten Herdbuchprogrammen (Wichmann EDV, OVIS) nicht erkannt. Folglich wurden die eigentlich bekannten, alten Tiere durch die Voranstellung der Nullen zu neuen Individuen, die zusätzlich im Herdbuch aufgeführt wurden. Die daraus resultierenden Mehrfachnennungen mussten für vorliegende Arbeit erkannt und letztlich korrekt zugeordnet werden.

Der ehemalige Rheinische Schafzuchtverband, der Zuchtverband Rheinland-Pfalz und der Zuchtverband Weser-Ems verwenden das gleiche EDV-Programm. Somit wurde auch im Rheinischen und im Rheinland-Pfälzischen Verband eine rein numerische Herdbuchnummer verwendet. In Nordrhein-Westfalen wurde dagegen ein alphanumerischer Code in einen rein numerischen umgewandelt (*Kapitel 3.1.1*). Auch dies wurde nicht konsequent umgesetzt, sodass in dem Zuchtbuch ebenfalls Mehrfachnennungen und zwei Kennzeichnungssysteme parallel in den Daten auftraten. Neben dem Verbandskürzel traten häufig auch andere Sonderzeichen (? , / , ( , ) , Leerzeichen und andere) in dem Herdbuchnummer-Feld der Daten auf. Eine logische Begründung konnte nicht erkannt werden. Teilweise wurden diese Zeichen zusätzlich zu der Tiernummer eingetragen, teilweise nur hinter dem Verbandskürzel. Durch diese Zeichen in den Datenbankfeldern war es unmöglich eine korrekte Zuordnung von Tieren durchzuführen, da das Programm zur Plausibilitätskontrolle das Feld als Einheit betrachtete und somit die Sonderzeichen zu der Nummer hinzuzählte. Eine vernachlässigbare Problematik war die Groß- und Kleinschreibung der Verbandskürzel oder sonstigen Buchstaben in einem Feld. Jedoch kann auch dies von dem Programm nicht unterschieden werden, sodass Tiere mit gleicher Herkunft und Nummer jedoch einer anderen Schreibweise zwei unterschiedliche Individuen darstellen.

In den Zuchtverbänden Berlin-Brandenburg und Niedersachsen wurde das gleiche Herdbuchprogramm verwendet. Das Verbandskürzel setzte sich aus der Betriebsnummer und einer Tiernummer zusammen. Zusätzlich wurde vor diese zusammengesetzte Nummer das Verbandskürzel und die Rassennummer gestellt. Somit ergab sich eine lange, unübersichtliche Nummer, die teilweise nur vereinfacht dargestellt wurde, d.h. Rasse- oder Verbandsschlüssel wurden nicht angegeben. Daraus folgernd konnten diese Tiere nur sehr schwer korrekt zugeordnet werden.

In den Zuchtverbänden Saarland und Bayern wurden kaum Probleme erkannt, da die Tierzahlen in den Verbänden nicht so hoch waren, dass es zu Schwierigkeiten bei der Tiererkennung kam. Doch auch hier bleibt anzumerken, dass die Kennzeichnung erneut zu den anderen Verbänden divergierend ist. Im saarländischen Zuchtverband wird eine Lebensnummer als alphanumerischer Code benutzt, der aus Züchter- mit Zuchtverbandskürzel und einer Tiernummer mit Geburtsjahr besteht. In Bayern gibt es einen rein numerischen Code, ähnlich wie das OVIS-Programm von Berlin-Brandenburg und Niedersachsen.

---

Weiterhin bestand neben der Herdbuchnummer in jedem Zuchtprogramm die Möglichkeit der Namenseingabe. Bei den Bentheimer Landschaften existierten 9 Blutlinien (*Anhang Tabelle A*), für die jeweils ein bestimmter Anfangsbuchstabe festgelegt wurde. Die Böcke aus einer Linie sollten über die Generationen hinweg immer mit dem gleichen Buchstaben beginnen, sodass schon am Namen erkannt werden kann, aus welcher Linie der Bock stammt. Bei einigen Linien fand eine Abspaltung statt, sodass vor dem Liniennamen zusätzlich ein weiterer Buchstabe angefügt wurde. Das Namensfeld wurde jedoch seitens der Zuchtverbände oft zweckentfremdet und es fanden sich dort Abkürzungen über den Geburtstyp (z.B. E = Einling, Zw = Zwilling, Dr = Drilling oder Vi = Vierling). Erst hinter diesem Kürzel wurde der eigentliche Name des Tieres aufgeführt. Jedoch wurde der Name nicht immer in der Tradition der Blutlinie fortgeführt, sondern es wurden auch neue Namen gewählt. Ebenfalls wurden nur die einzelnen Buchstaben der Linie in das Namensfeld eingetragen. Teilweise wurden auch die Liniennamen nicht korrekt eingetragen. Einige Verbände nutzen das Namensfeld um etwaige Prämierungsergebnisse mit einzutragen. So kam es vor, dass Einträge wie „S\*“ oder ein „RS“ genauso wie ein „Ja-Sieger“ o. Ä. im Namensfeld aufgeführt wurden. Dieses Namensfeld erscheint auf jeder Zuchtbescheinigung und sorgt regelmäßig bei den Züchtern für Verwirrung. Ein anschauliches Beispiel hierfür zeigt *Abbildung 12*, die aus einem aktuellen Auktionskatalog stammt. Ferner kann durch die Aneinanderreihung von Kürzeln, Namen und Prämierungsergebnisse das Namensfeld als Abgleich für eine Plausibilitätskontrolle nur bedingt genutzt werden.

Bei Ziegenpopulationen hat sich die Praxis der Namensvergabe stringenter durchgesetzt. Hier können allein über die Namen der Ziegen und Böcke viele Plausibilitätskontrollen durchgeführt werden (STIER, 2008).

### **5.1.2 Validität der Zuchttierdaten innerhalb eines Zuchtverbandes**

Bei der Plausibilitätsüberprüfung der Daten innerhalb eines Zuchtverbandes war eine zum Teil hohe Unvollständigkeit der Herdbuchdaten auffällig gewesen. Besonders deutlich wurde diese Tatsache beim Geburtsdatum der Herdbuchtiere. Bei sehr vielen Tieren fehlte diese Angabe. Das Fehlen des Geburtsdatums ist ungewöhnlich, da es sich um Zuchttiere handelte, bei denen die korrekte Angabe des Geburtsdatums bindend vorgeschrieben ist, um ins Herdbuch eingetragen zu werden.

---

Eine Erklärung für die fehlenden Daten ist möglicherweise die Eintragung des Pedigrees zugekaufter Tiere aus anderen Zuchtverbänden. Auf den gedruckten Zuchtbescheinigungen findet sich nur das Geburtsdatum des gekauften Tieres wieder. Für die weiteren Angaben im Stammbaum des Tieres findet sich kein Geburtsdatum der Ahnen. Bei den verschiedenen elektronischen Zuchtbüchern wird jedoch teilweise eine Eingabe für das Geburtsdatum gefordert. Folglich wird hier ein fiktives Datum eingesetzt oder das Feld – wenn möglich – ohne Eintrag gelassen. Die verwendeten Herdbuchprogramme (z.B. Wichmann EDV, OVIS) generieren jedoch aus jedem Ahnen erneut einen eigenen Datensatz, um korrekt arbeiten zu können. Wird dieser nun abgefragt, erscheint folglich durch die Verknüpfung die Angabe mit dem falschen oder fehlenden Geburtsdatum. Bei vergleichsweise kleinen Zuchtverbänden mit Bentheimer Landschafen wie Rheinland-Pfalz oder auch der größere fusionierte Zuchtverband Nordrhein-Westfalen kann dies die hohen Fehlraten bei den Geburtsdaten erklären. Für die in diesem Projekt durchgeführten Plausibilitätskontrollen ist eine solche Vorgehensweise seitens der Zuchtverbände als unlogisch zu bezeichnen. Hierdurch werden prinzipiell die gleichen Tiere aufgeführt, jedoch mit verschiedenen Geburtsdaten. Diese Tiere lassen sich retrospektiv nur über eine Reihe anderer Parameter innerhalb des Zuchtverbandes zuordnen, was sich aber als äußerst schwierig und arbeitsintensiv herausstellte.

Ebenso verhält es sich bei den fehlenden Angaben über Vater- und Muttertiere in den Herdbuchdatenbanken der einzelnen Verbände. Ein Grund hierfür könnte neben dem oben geschilderten Zukauf der Tiere auch die vermehrte Aufnahme von Vorherdbuchtieren sein. Dies sind Tiere, bei denen es sich mit hoher Wahrscheinlichkeit um reinrassige Bentheimer Landschaft handelt, von denen jedoch Vater und/oder Mutter nicht ins Herdbuch aufgenommen wurden. Entscheidet sich der Züchter aber schließlich doch, mit den Tieren eine Herdbuchzucht zu beginnen, führt dies dazu, dass die Tiere zunächst ins Vorherdbuch aufgenommen werden, um sie phänotypisch auf ihre Rassezugehörigkeit hin zu erfassen. Hierbei sind meist die Angaben zum Geburtsdatum sowie den Vorfahren unbekannt. Deren Nachkommen besitzen nun einen im (Vor-)Herdbuch bekannten Vater sowie eine Mutter. Somit bekommen die Nachkommen von Generation zu Generation ein immer vollständigeres Pedigree. Schließlich können diese Tiere ins Herdbuch aufgenommen werden, wenn eine bestimmte Anzahl an bekannten Vorfahren vorliegt. Diese Vorherdbuchtiere besitzen allerdings keine oder nur unvollständige Angaben über Vater und Mutter. Somit müssen diese Felder unbesetzt bleiben, und es kommt zu der vorgefundenen Unvollständigkeit der Daten. Dies könnte eine weitere plausible Erklärung für die fehlenden Daten sein.

---

### 5.1.3 Validität und Austausch der Zuchttierdaten zwischen den Zuchtverbänden

Durch die zunehmende Verbreitung der Bentheimer Landschaft in Deutschland und damit auch in den Schafzuchtverbänden erfolgt ein reger Zuchttieraustausch. Dies führte unter anderem zu Problemen bei der Dateneingabe von zugekauften Tieren aus einem anderen Zuchtverband, da nicht alle Daten vorlagen, die zur Eingabe benötigt wurden. Somit musste entweder das entsprechende Feld ohne Wert versehen oder ein fiktiver Wert – wie schon vorher ausgeführt – hinzugefügt werden. Diese zuchtverbandsinternen Mehrfachkennzeichen (vgl. *Abbildung 12*) einzelner Tiere wurden nicht vollständig auf der Zuchtbescheinigung aufgeführt, da stets nur das aktuelle Kennzeichen verwendet wird. Hierdurch konnte durch die Abgabe von Tieren an einen anderen Zuchtverband stets nur eine Herdbuchnummer weitergegeben werden. Hierdurch ergab sich bei der dann folgenden Eintragung des neuen Zuchtverbandes die Weitergabe der spezifischen Herdbuchnummer. Dabei passierte es nach den vorliegenden Daten häufiger bzw. in einigen Verbänden immer, dass den Tieren das eigene Verbandskürzel vorangestellt wurde, gefolgt von dem VDL-Rasseschlüssel für das Bentheimer Landschaft („33“). Anschließend folgte erst die eigentliche Herdbuchnummer (*Tabellen 7 und 8*). Dieser Umstand führte bei den Zuchtverbänden Berlin-Brandenburg und Niedersachsen häufig zu Problemen, da diese Verbände eine Kombination von Betriebs- und Tiernummer als Herdbuchnummer eingeführt haben. Wird nun – wie oft vorgefunden – die Betriebsnummer beim Eintrag weggelassen, so kann das Tier über diese Nummer nur schwer korrekt zugeordnet werden, da dieselbe Nummer auch bei anderen Betrieben verwendet werden konnte. Fehlt zudem das korrekte Verbandskürzel, so kann das Tier nicht mehr zugeordnet werden, da neben mehreren Betrieben nun auch mehrere Zuchtverbände infrage kommen können. Aber genau dies konnte unverständlicherweise sehr oft innerhalb der vorliegenden Daten festgestellt werden, was die Einrichtung einer zuchtverbandsübergreifenden Datenbank somit verkomplizierte. Weiterhin traten, wie oben bereits erwähnt, ähnliche Probleme zwischen den Verbänden Weser-Ems, Rheinland-Pfalz und dem ehemaligen Rheinischen Schafzuchtverband auf. Durch diese identische numerische Kennung der Bentheimer Landschaft im Rheinischen und im Weser-Ems-Schafzuchtverband traten zusätzlich Probleme bei Tieren auf, die den Verband gewechselt hatten. Es traten so in beiden Verbänden Tiere mit identischer Nummer auf.

---

Im Schafzuchtverband Schleswig-Holstein war auffällig, dass die Nummern zugekaufter Tiere aus anderen Verbänden, die dort bereits in das Herdbuch aufgenommen worden waren, einfach umgeschrieben wurden. Dies bedeutete, dass das Tier eine neue, für Schleswig-Holstein spezifische Herdbuchnummer zugeteilt bekam und nur diese Identifikation fortgeführt wurde. Die Nummer des vorherigen Verbandes wurde somit nicht mehr aufgeführt. Einzig auf der Original-Zuchtbescheinigung, mit der das Tier einst verkauft wurde, fand sich die Nummer noch. Durch diese Methode „verschwanden“ Herdbuchtiere, und es entstehen „neue“ Zuchttiere, deren Pedigree identisch ist. Aufgrund der neuen Nummer ist die Identität des Tieres nicht mehr nachvollziehbar. Da der Zuchtverband Schleswig-Holstein jedoch erst im Jahr 2007 die erste Herdbuchzüchterin beim Bentheimer Landschaft bekam, erschwerte diese Kennzeichnungsänderung die Datenzusammenführung nicht allzu sehr. Doch wird dies zukünftig Probleme bereiten, da ein jährliches Update des überregionalen Zuchtbuches durchgeführt werden muss, um aktuelle und korrekte Aussagen über die Population treffen zu können. Diese Problematik kann vermieden werden, wenn die beteiligten Verbände die im Rahmen dieser Arbeit erstellte Gesamtdatenbank benutzen und somit weiterführen.

#### **5.1.4 Kumulative Aspekte bei der Zusammenführung**

Die in *Kapitel 5.1.3* beschriebenen Zuchtbucheintragungen führten sowohl innerhalb eines Zuchtverbandes als auch über die Zuchtverbände hinweg in nachfolgenden Generationen zu Missverständnissen bei der Erkennung der Parenteralgenerationen und des Einzeltieres selbst. Dieser Umstand erschwerte die Zusammenführung der Daten, da von den Zuchtverbänden kein offensichtliches, einheitliches Schema eingehalten wurde und somit zunächst jeder Zuchtverband für sich begutachtet werden musste. Der Arbeitsaufwand, jedes einzelne Zuchtbuch zu kontrollieren, wird als immens eingestuft, da nicht alle Plausibilitätskontrollen per Computerprogramm durchgeführt werden konnten (vgl. *Kapitel 3.2.1*). Das Ergebnis dieser Einzelkontrollen ergab, dass auch innerhalb der Zuchtverbände keine homogene Herdbucheintragung vorlag. Dies überraschte, da es in dieser Form im Vorfeld nicht erwartet wurde. Die *Tabelle 7* stellt die geschilderte Problematik dar, wonach einzelne Böcke in einem Verband mehrere Kennungen aufwiesen. Diese Tatsache erschwerte die korrekte Zuordnung der Tiere über die Zuchtverbände hinweg und verfälschte hierdurch die Bestandszahlen zum aktuellen Zuchttierbestand. Somit wurden die eigentliche Herkunft der Tiere, der originäre Zuchtverband und das korrekte Pedigree eines Herdbuchtieres verschleiert. Wieso die

---

Zuchtverbände diese Kennzeichnungspraxis in dieser Form durchgeführt haben, ist nicht nachzuvollziehen. Durch das unterschiedliche Vorstellen diverser Verbandskürzel, die Änderung der Herdbuchnummern u. Ä. wurde die Einzeltierkennung und damit auch die Erstellung einer zuchtverbandsübergreifenden Gesamtdatenbank erschwert.

Aufgrund der oben geschilderten Geschehnisse ist nachvollziehbar, warum im ehemaligen Rheinischen Zuchtverband und im Rheinland-Pfälzischen Schafzuchtverband so viele Datensätze gelöscht werden mussten (*Tabelle 8*). Der deutlich höhere Prozentsatz gelöschter Böcke erklärt sich durch den starken Bocktausch zwischen den Verbänden. Denn hierdurch ist die Wahrscheinlichkeit des Auftretens von Unklarheiten bei der Dateneingabe sehr hoch. Da die Mutterschafe meistens aus der eigenen Herde oder aus Herden des eigenen Zuchtverbandes remontiert wurden, traten bei ihnen nicht so viele Mehrfachnennungen auf.

Somit sind bei der geplanten Datenzusammenführung mehrere Hürden aufgetaucht, die in dieser Schärfe nicht erwartet werden konnten und die eine einfache Zusammenführung in ein überregionales Herdbuch deutlich erschwerten. Wäre hier seitens der Schafzuchtverbände ein einheitliches Vorgehen bei der Kennzeichnung der eigenen Tiere und vor allem übernommener Tiere vorgegeben, hätten die Probleme minimiert und die Erstellung einer gemeinsamen zuchtverbandsübergreifenden Datenbank beschleunigt werden können. Ferner sollte die korrekte und stets identische Vorgehens- und Verfahrensweise, unabhängig vom jeweiligen Bearbeiter bei der Dateneingabe, innerhalb der Zuchtverbände als wichtige Grundlage festgelegt werden. Die Zuchtverbände hätten hierdurch den Vorteil, dass sie schnell und einfach erkennen könnten, um welches Zuchttier es sich handelt oder aus welchem Zuchtverband es stammt.

Es ist bei der Zusammenführung auch deutlich geworden, dass sich die Plausibilitätsprüfungen in der letzten Entscheidung nicht automatisieren lassen, sondern diese Entscheidungen nur manuell durch Vergleich der Einträge und Nachkommenszahlen in den einzelnen Verbänden getroffen werden können. Es sei angemerkt, dass abschließend nicht alle Tiere im Rahmen dieser Arbeit korrekt zugeordnet werden konnten. Aufgrund der vorgegebenen Datenlage konnten trotz intensivster Bemühungen und verschiedenster Plausibilitätskontrollen einige Mehrfachnennungen von Tieren nicht eindeutig zugeordnet werden. Von diesen unbekanntem Mehrfachnennungen wurde kein Datensatz gelöscht. Stattdessen wurden die Tiere weiterhin als einzelne Tiere fortgeführt, um eventuell später eine

---

korrekte Zuordnung treffen zu können. Die Datenbank befindet sich somit in einem ständigen Anpassungsprozess, der durch die verschiedensten Hinweise seitens der Züchter, Zuchtleiter oder auch durch Zufallsbefunde aufrechterhalten wird.

Die VDL erkannte zwischenzeitlich den Vorteil einer gemeinsamen Datengrundlage und initiierte das OviCap-Programm (VDL, 2008), das für jede betreute Rasse das Ziel hat, eine verbandsübergreifende Datenbank aufzubauen. Ziel soll eine verbesserte Zuchtwertschätzung sowie das jährliche Monitoring der tiergenetischen Ressourcen (MÜLLER & RIKABI, 2005) bei Schafrassen sein. Aktuell wird diese Datenbank für die VDL durch die *Vereinigten Informationssysteme Tierhaltung w.V.* (VIT) in Verden geführt und mittelfristig weiterentwickelt (VIT, 2008). Sollte die Datenlage bei den anderen Schafrassen ähnlich wie die bei den Bentheimer Landschaften aufgebaut sein – und dies ist anzunehmen –, werden diese Ziele nicht so einfach erreicht werden können. Auch die Anzahl der Datensätze wird bei vielen Rassen wohl die der Bentheimer Landschaft um ein Vielfaches überschreiten. Diese dann auftretende Mehrarbeit ist zwingend nötig, um anschließend mit den Daten genaue Pedigree-Analysen oder auch eine BLUP-Zuchtwertschätzung durchführen zu können. Unter den genannten Umständen erscheint dies mithilfe der OviCap-Datenbank nur äußerst schwer ohne Datenverlust durchführbar zu sein.

Eine Lösungsmöglichkeit ist die nach der aktuellen VIEHVERKEHRSVERORDNUNG gesetzlich vorgeschriebene Einzeltieridentifikation. Diese verhindert Doppelnennungen mit unterschiedlichen Nummern, wenn die Tiere den Zuchtverband wechseln, vorausgesetzt, die einzelnen Zuchtverbände verwenden die neue Einzeltierkennzeichnung auch gleichzeitig als Herdbuchnummer. Dies wird wohl nicht bei allen Zuchtverbänden durchgesetzt werden. Dadurch stellt sich die oben beschriebene Problematik erneut ein. Wieso die Zuchtverbände immer noch an ihren alten Strukturen festhalten, ist aus züchterischen Gründen nicht nachzuvollziehen. Durch die gemeinsame Datengrundlage lässt sich eine bessere und sicherere Zuchtwertschätzung durchführen, zumal die Zuchtverbände stärker vernetzt wären. Weiterhin liegt eine bessere Übersicht über die aktive Zuchtpopulation vor, was im Rahmen der jährlichen Bestandsmonitorings besonders für kleine Populationen von großer Wichtigkeit wäre.

Die im vorliegenden Projekt erstellte Datenbank ist von der Struktur her so konzipiert, dass sie direkt in das von der VDL gestartete OviCap-Programm implementiert werden kann, ohne

---

dass Daten verloren gehen. Dies setzt allerdings voraus, dass alle Schafzuchtverbände, in denen Bentheimer Landschaften geführt werden, anschließend nur noch mit den vorliegenden Daten weiterarbeiten, um diverse Folgefehler zu vermeiden. Der notwendige Zeitbedarf für diese Bereinigung der Herdbuchdaten vor der Übernahme in OviCap ist von der Populationsgröße abhängig und lässt sich nicht vorhersagen. Ein langfristiges Monitoring und Erhaltungszuchtprogramm besonders der kleineren Populationen, wie es auch im neuen TIERZUCHTGESETZ festgeschrieben ist, lässt sich nur über eine bundeseinheitliche Herdbuchführung effektiv erreichen.

Schlussfolgernd lässt sich sagen, dass ohne eine intensive manuelle Bearbeitung der Daten keine länderübergreifende Zusammenführung in ein bundesweites Herdbuch für die Bentheimer Landschaften und wohl auch nicht für andere Schafrassen möglich ist.

## 5.2 Populationsdaten der Bentheimer Landschaften

### 5.2.1 Aktive Zuchtpopulation

Die in dieser Arbeit identifizierte aktive Zuchtpopulation für die Bentheimer Landschaften stellt per se keine schlechte Situation für eine gefährdete Population dar. Die ursprünglich von den Züchtern zur Verfügung gestellte Datengrundlage errechnet jedoch eine weitaus höhere Zahl zuchtaktiver Tiere als tatsächlich vorhanden. Dieser Unterschied erklärt sich aus der Tatsache heraus, dass in vielen Zuchtverbänden Tiere als zuchtaktiv gekennzeichnet werden, obwohl sie längst nicht mehr in der Zucht aktiv oder gar ausgeschieden sind. Daher kann davon ausgegangen werden, dass die tatsächliche Anzahl der für die Zucht einsetzbaren Tiere wohl noch weitaus geringer ist als in der vorliegenden Arbeit errechnet.

Aufgrund dieser Feststellung sollten die von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) herausgegebenen Bestandszahlen des Bentheimer Landschaftes im Rahmen des jährlichen Monitorings durchaus kritisch hinterfragt werden. Diese Zahlen können online auf der Homepage ([www.genres/tgrdeu/](http://www.genres/tgrdeu/)) nachgelesen werden. Diese Überschätzung des aktiven Bockbestandes wird auch aus der *Tabelle 1* in *Kapitel 2.2* deutlich. Dort wurden 78 Böcke als aktiv genannt. Retrospektiv kann diese Zahl nicht nachvollzogen werden. Dennoch scheint sie realistischer zu sein, als die in dieser Arbeit gefundene Zahl von 132 aktiven Böcken. Durch diese Tatsache, der Überschätzung des aktiven Bestandes an Zuchttieren, muss auch der Gefährdungstatus dieser Schafrasse hinterfragt werden. Denn nach Vorgabe

der FAO und dem Nationalen Fachprogramm tiergenetische Ressourcen werden hier nur die Bestandszahlen betrachtet, um eine Einteilung in Gefährdungskategorien zu tätigen. Es besteht somit die Gefahr, die Gefährdungssituation einer Rasse falsch einzuschätzen. Daher muss davon ausgegangen werden, dass einige Tiere, die im Jahr 1979 geboren wurden und innerhalb der Verbände noch immer als zuchtaktiv geführt werden, auch in den kommenden Jahren bei Nutzung der Datengrundlage für die Berechnung der aktiven Population herangezogen werden. Hierbei kann nicht ausgeschlossen werden, dass auch in Zukunft Tiere durch Versäumnisse vonseiten der Züchter oder Zuchtverbände als aktiv geführt werden, obwohl sie nicht mehr in der Zucht aktiv sind. Somit erhöht sich die falsche Anzahl zuchtaktiver Individuen in der Population. Folglich wird die aktuelle Populationsgröße stets überschätzt und der Eindruck erweckt, dass sich die Population nicht mehr in der Gefährdung befindet. Eine bessere und vor allem korrekte Datengrundlage wäre hier sicherlich hilfreich, um zukünftig verlässlichere Aussagen über die aktive Zuchttierpopulation treffen zu können.

### 5.2.2 Bocklinienverteilung

Die Erhaltung möglichst vieler Bocklinien ist ein wichtiger Teilaspekt zur Aufrechterhaltung der genetischen Vielfalt einer Population. Bei den Bentheimer Landschaften war bekannt, dass ursprünglich 9 Bocklinien für die Zucht eingesetzt werden konnten. Ziel der vorliegenden Arbeit war es unter anderem, die aktiven Böcke ihren Blutlinien zuordnen zu können, um Aussagen über die zukünftige Einsatzmöglichkeiten zu erhalten. *Abbildung 8* in *Kapitel 4.4* zeigt die Häufigkeitsverteilung der noch vorhandenen Bocklinien und deren Vertreter. Demnach scheinen nur noch 6 von 9 Blutlinien zur Verfügung zu stehen. Nur die P- und die H-Linie können als gesichert angesehen werden. Der Wegfall von Linien bzw. die Häufigkeitsverteilung der aktiven Böcke in Bezug auf die Blutlinien kann als Folge der Scrapie-Resistenzucht angesehen werden.

Durch die Resistenzucht ist die dominante P-Linien-Verteilung erklärbar. Denn in der Anfangszeit der Scrapie-Resistenzucht traten auf den Auktionen die ersten Zuchtböcke mit *ARR/ARR*-Genotyp bzw. *ARR/XXX*-Genotyp nur in dieser Linie auf. Durch diese Genotypverteilung konnten sich die P-Böcke überdurchschnittlich in der Population verbreiten. Die anderen Blutlinien sollten daher in den nächsten Zuchtjahren gezielt eingesetzt werden, um deren Bestand zu stabilisieren. Die I-Linie hat derzeit nur noch 4 aktive Vererber. Daher gilt es, besonderes Augenmerk auf diese Böcke zu werfen, um diese Linie nicht ebenfalls unwiederbringlich zu verlieren. Fast jeder zweite Bock stammt aus der P-Linie.

---

Diese Dominanz ist unter Berücksichtigung der Ergebnisse von WAGNER ET AL. (2005) als bedenklich zu betrachten. Hier sollte gezielt angepaart werden, um die noch vorhandene genetische Vielfalt innerhalb der Rasse weiterhin über die Bocklinien zu erhalten.

Problematisch ist die Abspaltung von Linien innerhalb anderer Blutlinien. So sind aus der P-Linie seit 1987 zwei weitere Linien herausgezüchtet worden, die L- und die R-Linie. Die Böcke der L-Linie besaßen weiterhin Namen, die mit „P“ begannen. Jedoch wurde vor den Namen der Buchstabe „L“ gesetzt, so z.B. „L-Pedro“. Der Begründer der P-Linie ist „Polizist“ (HB-Nr. 5162) und der L-Linie schließlich „L-Panter“ (HB-Nr. 5647). Der Halbbruder von „L-Panter“, „Purzel“ (HB-Nr. 5692), ist der Gründer der R-Linie. Diesen P-Böcken wurde analog zu den L-Böcken der Buchstabe „R“ vorangestellt. Bei solchen Konstellationen ist es für das OPTI-MATE-Programm schwierig zu erkennen, welcher Blutlinie der Bock angehört, da es im Pedigree stets bis zum „Stammvater“ zurückgeht. In diesem Fall wäre dies immer „Polizist“ (HB-Nr. 5162) gewesen, und somit wären alle Böcke nur Böcke der P-Linie. Diese Tatsache führte dazu, dass alle Böcke einzeln im Pedigree angeschaut und für jeden die Linienzugehörigkeit bestimmt werden musste. Diese R-Linie (aus der P-Linie) darf jedoch nicht verwechselt werden mit der R-Linie aus dem Rhönschafbock Rieder (HB-Nr. 5188), die per se bei den aktiven Zuchtböcken nicht mehr vorzukommen scheint. Durch die bereits geschilderte Problematik bei der Kennzeichnung der HB-Tiere entstanden bei der Erkennung der Blutlinien einige unklare Situationen, da teilweise Tiere mit identischer Nummer unterschiedliche Pedigreeangaben hatten.

Ein wichtiges Ziel der zukünftigen Erhaltung aller Bocklinien sollte eine offene Kommunikation zwischen Züchter und Zuchtverbänden sein, um gezielt bestimmte Bocklinien in Herdbuchbetrieben einzusetzen und damit Nachkommen zu sichern. Sollten wichtige Vererber in die Gebrauchszucht von Bentheimer Landschaften abwandern, muss sichergestellt sein, dass diese Böcke auch anschließend in der Herdbuchzucht eingesetzt werden, da sonst keine Nachkommen für die Herdbuchzucht genutzt werden können.

Für eine nachhaltige Nutzung der vorhandenen Bocklinien wäre das langfristige Anlegen einer Kryoreserve mit Sperma rassotypischer Vertreter zu empfehlen. Mit Beginn der Scrapie-Resistenzucht wurde im Jahr 2003 der Versuch gestartet im Rahmen des Nationalen Fachprogramms von Bentheimer Landschaftböcken eine Kryoreserve an der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft in Mariensee mit Unterstützung der

Zuchtverbände und der GEH aufzubauen (SCHMIDT ET AL., 2005). Bei dieser Methode wurde den Böcken *post mortem* aus der *Cauda epididymidis* Sperma entnommen und kryokonserviert. Durch den schon angelaufenen Selektionsprozess auf die *ARR*-Genotypen ergab sich jedoch ein hoher Zeitdruck. Bei dieser Methode wurden die Böcke geschlachtet, was zur Folge hatte, dass nicht die aktuellen und/oder guten Vererber zur Kryoreserve geschickt wurden. Es ergab sich damit beim Bentheimer Landschaf eine Einlagerung von nur 7 Böcken aus den zwei Zuchtverbänden Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen (SCHMIDT ET AL., 2005). Dieser Anfang einer Kryoreserve sollte weiterhin genutzt und ausgebaut werden. Den Züchtern sollte diese Möglichkeit des Erhaltes, auch und gerade von älteren Böcken, erklärt und empfohlen werden. Es sollte auch noch die Möglichkeit des Absamens aktueller Vererber angedacht werden, um rechtzeitig eine Sicherung anlegen zu können. Hier müssen die Zuchtverbände mit ihren Züchtern und der Institution in Mariensee eng zusammenarbeiten. Sicherlich muss hier mit allen Beteiligten über die Kostenfrage diskutiert werden, für den Erhalt der genetischen Basis wäre diese Maßnahme jedoch äußerst sinnvoll. Hierzu kann die vorliegende überregionale Datenbank wertvolle Hinweise über die für die Erhaltung der Population bedeutenden Vererber liefern. Nur über eine Datenbank mit den Gesamtdaten einer Population aus allen Zuchtverbänden, kann die Erhaltung von Bocklinien in kleinen Populationen durch entsprechende Anpaarungsvorschläge unter Minimierung der Inzucht erreicht werden.

### 5.2.3 Inzucht

Die vorliegenden Populationsdaten lassen eine Inzuchtberechnung über mehr als 10 Geburtsjahrgänge zu. Wie schon zu vermuten war, ist eine stetige Inzuchtsteigerung zu beobachten. Diese Steigerung der Inzucht sollte nicht zu kritisch betrachtet werden, dennoch muss sie über die nächsten Jahre hinweg kontrolliert werden, um einen weiteren Anstieg zu vermeiden. Wird die aufgrund der Populationsgröße zu erwartende Inzuchtrate (FALCONER, 1984) zugrunde gelegt, ergibt sich für die Bentheimer-Landschaf-Population bei einer effektiven Populationsgröße von 500 (*Kapitel 4.2.1*) folgende Situation:

$$\Delta F = \frac{1}{2N_e} \quad \rightarrow \Delta F = 0,001$$

Somit würde eine Inzuchtsteigerung pro Generation um 0,1 % erwartet. Tatsächlich aber steigt die Inzucht bei den Bentheimer Landschafen jedoch um ca. 0,5 % pro Geburtsjahrgang

an, was bei einem Generationsintervall von ca. 3–4 Jahren (NITTER, 2003) einer Inzucht von ca. 1,5–2,0 % pro Generation bedeutet. Ein durchschnittlicher Zuwachs an Inzucht von 0,5–1,0 % pro Generation wird allgemein als normal angesehen (FAO, 2003; EHLING ET AL., 1999; BIJMA, 2000; WIEGEL, 2001). Die unterschiedliche Höhe der verwendeten Inzuchtkoeffizienten liegt im Vollständigkeitswert des Pedigrees begründet. Je vollständiger das Pedigree, desto mehr Tiere können für eine Inzuchtberechnung verwendet werden und damit zu einer möglichen Erhöhung der Inzucht beitragen. Werden die einzelnen Inzuchtkoeffizienten pro Generation betrachtet, so zeigt sich, dass bei zukünftigen Anpaarungen im Vorfeld auf die daraus resultierende Inzucht geachtet werden muss. Einzelne sehr hohe Inzuchtkoeffizienten haben zwar keinen bedeutenden Einfluss auf den mittleren Inzuchtgrad der Population, können aber in Einzelfällen bedenklich sein (BIEDERMANN ET AL., 2003). Diese Extremwerte finden sich auch bei der Bentheimer Population wieder (z.B. Maximum von  $\text{Inzk5}_{80} = 36\%$ ). Hierzu bietet das in dieser Arbeit verwendete OPTIMATE-Programm die Möglichkeit, virtuell eine Anpaarung durchzuführen, um anschließend die Inzuchtkoeffizienten der Nachkommen zu erhalten. Mit dieser Option kann der Züchter die zur Auswahl stehenden Väter für seine Herde nach dem geringsten Inzuchtvererber selektieren.

Vergleicht man die hier errechneten Inzuchtparameter mit denen anderer Untersuchungen, so lässt sich durch die tendenzielle Inzuchtsteigerung bei den Bentheimer Landschaften eine sich entwickelnde Inzuchtproblematik aussprechen. Dies gilt insbesondere bei Berücksichtigung der wenigen zur Verfügung stehenden Bocklinien. HUBY ET AL. (2003) analysierten den Inzuchttrend von 6 französischen Schafrassen und fanden eine Inzuchtrate von  $\Delta F \leq 0,4\%$  in allen Rassen. NORBERG & SØRENSEN (2007) konnten bei Schafen der Rassen Texel, Shrophsire und Oxford Down in einem Geburtsjahr einen Inzuchtkoeffizienten von 5,7 % respektive 10,2 % sowie 7,8 % errechnen. Sie schlussfolgerten aus Ihren Ergebnissen, dass die Züchter zukünftig gezielter anpaaren sollten, um die Inzuchtsteigerung zu begrenzen. Diese betrug bei allen drei Rassen ca. 1 % pro Generation. Bei den Untersuchungen von MAIWASHE & BLACKBURN (2004) an der Navajao-Churro-Schafpopulation konnten die Autoren ähnliche Inzuchtkoeffizienten von bis zu 37,5 % finden wie in vorliegender Arbeit. Der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient der Navajao-Churro-Population liegt aber nur bei 1,2 % – im Gegensatz zu den in der vorliegenden Arbeit gefundenen 4,2 % – bei einer jährlichen berechneten Inzuchtsteigerung von 0,1 %. Durch die geringen Bestandszahlen und Betriebe sehen die Autoren bereits bei diesen Werten Gründe, ein Zuchtprogramm zum Erhalt

---

der genetischen Diversität aufzubauen. An Untersuchungen von Ziegen finden sich ähnliche Inzuchtwerte bei Tauernschecken (WOKAC, 2003). Diese zeigten durchschnittliche Inzuchtkoeffizienten zwischen 5 und 6 %, besaßen aber eine deutlich niedrigere Inzuchtrate ( $\Delta F = 0,19 \%$  pro Generation) als die Bentheimer Landschaft. Die Autorin sieht bei diesen Parametern keinen Grund zur Änderung der Zuchtstrategie, sondern empfiehlt vielmehr, die Zucht auf die Erhaltung der Multifunktionalität auszurichten. BIEDERMANN ET AL. (2005) gaben für die Population des in seinem Fortbestand gefährdeten Schwarzbunten Niederungsrindes einen mittleren Inzuchtkoeffizienten von 3,1 % an. Ferner postulierten Sie, dass die zu erwartende Inzuchtrate von 0,18 % nicht praktikabel erreicht werden könne, da die gleichmäßige Verteilung der Vatertiere auf die Kühe nicht garantiert werden kann.

Als diskussionswürdiges Beispiel können die Inzuchtwerte einer Versuchsherde aus der Arbeit von LOTTNER (2006) herangezogen werden. Für ihre untersuchten Herden der Rasse Merinofleisch- und Merinolandschaf gab sie an, dass 86,75 % aller Tiere ( $n = 400$ ) einen Inzuchtkoeffizienten von 0 % aufwiesen und lediglich 1,75 % ( $n = 7$ ) einen Wert bis 2,5 % besitzen. Bei der Berechnung dieser Werte muss erneut die korrekte Kennzeichnung der Tiere innerhalb des Pedigrees angesprochen werden. Denn bei der Betrachtung der Inzuchtwerte spielen sie eine wichtige Rolle. Werden z. B. Mutterschafe, die selbst hochgradig ingezüchtet sind, von einem unverwandten – oder unbekanntem – Partner gedeckt, hat deren Nachzucht einen erwarteten Inzuchtkoeffizienten von Null. Somit kann Inzucht mit Fremdpaarung in einer einzigen Generation völlig beseitigt werden, wie auch BAUMUNG & FÜRST-WALTL (2002) bei Ziegen in Österreich bestätigten. Durch die falsche bzw. heterogene Kennzeichnung gleicher Tiere entsteht jedoch nur der Eindruck, dass es sich um unverwandte Tiere handelt, da das Programm die Kennzeichnung nicht erkennen kann. Da bei den von LOTTNER (2006) verwendeten Schafrassen eine ähnliche Herdbuchstruktur anzunehmen ist wie bei den Bentheimer Landschaften, sind diese Inzuchtkoeffizienten kritisch zu hinterfragen. Wird in der Folge die Plausibilität des Pedigrees mit den Ergebnissen aus der Erstellung des überregionalen Zuchtbuches kombiniert, dürfte der wahre Inzuchtkoeffizient bei den Tieren der Population der Bentheimer Landschaft noch höher liegen als in vorliegender Arbeit berechnet. Diesem Punkt muss zukünftig mehr Beachtung geschenkt werden, um die Züchter nicht mit einem unterschätzten Inzuchtwert in vermeintlicher Sicherheit zu wähen. Hier wäre es von Vorteil, eine übergeordnete Zuchtcoordination einzurichten, bei der die zur Verfügung stehenden Böcke im Vorfeld einer Auktion auf ihre Inzuchtparameter einschließlich Pedigreedarstellung hin kontrolliert werden können.

### 5.2.3.1 Inzucht in Abhängigkeit vom Scrapie-Genotyp

WINDIG ET AL. (2004) erläuterten, dass bei einer sehr schnellen Umzüchtung durch den Einsatz von *ARR*-homozygoten Böcken in Populationen mit einer sehr niedrigen *ARR*-Allelfrequenz – wie z.B. bei den Bentheimer Landschafen – mit einer deutlichen Einengung der genetischen Variation zu rechnen ist. Durch die wenigen zu Anfang der Scrapie Genotypisierung bekannten *ARR*-Träger bei den Bentheimer Landschafen war demnach zu vermuten, dass die Inzucht bei den *ARR*-genotypisierten Tieren am höchsten ist, wobei die Ergebnisse nicht oder nur gering statistisch signifikant abgesichert werden konnten. Dies konnte in der vorliegenden Untersuchung bestätigt werden. Ausnahme ist der Inzuchtkoeffizient bei 80 % Vollständigkeit des Pedigrees in der 5. Generation. Hier besitzen die Tiere mit dem Scrapie-Genotyp *XXX/XXX* den höchsten Inzuchtkoeffizienten mit 5,16 % gegenüber dem *ARR/ARR*-Genotyp mit 5,02 %. Diese Tatsache lässt sich durch die Anzahl der für diese Berechnungen zur Verfügung stehenden Tiere erklären. Für den Scrapie-Genotyp *XXX/XXX* wurden 350 Tiere für die Inzuchtberechnung hinzugezogen, bei dem Scrapie-Genotyp *ARR/ARR* waren es nur 66 Tiere. Die Differenz der Inzucht von 0,14 % zeigt auch keinen signifikanten Unterschied. Entscheidend für die teilweise hohen Inzuchtgrade ist unter anderem das Bock-Muttern-Verhältnis. Ein hohes Verhältnis vermindert die Anzahl der notwendigen Generationen zur Fixierung des *ARR*-Allels, bringt aber einen höheren Inzuchtzuwachs in die Population und einen wesentlich höheren Genanteil des eingesetzten Bockes (DE VRIES ET AL., 2006). Dieses Beispiel trat bei den Bentheimer Landschafen durch die P-Bocklinie auf. Die Böcke aus der P-Linie besaßen eine überdurchschnittlich hohe *ARR*-Allelfrequenz und konnten somit ihren Genanteil in der Population erhöhen. Diese Problematik wurde bei den Bentheimer Landschafen rechtzeitig erkannt und frühzeitig darauf hingewiesen, die Mutterschafe ebenfalls in die Genotypisierung einzubeziehen (BRANDT ET AL., 2004A) und eine gezielte Anpaarung durchzuführen, um alle Bocklinien zu erhalten. Jedoch führen die von BRANDT ET AL. (2004A) genannten Maßnahmen zu höheren Typisierungskosten, und dies konnte von den meisten Züchtern selbständig nicht getragen werden. Daher forderten verschiedene Autoren (BRANDT ET AL., 2004A; DE VRIES ET AL., 2006), dass zum Erhalt der genetischen Diversität bei der Umzüchtung auf den Genotyp *ARR/ARR* finanzielle und fachliche Unterstützung gewährt werden sollte. Der Vorschlag der Autoren, die Gelder zum Erhalt einer Rasse unter anderem an die Genotypisierung zu koppeln, fand in der Praxis keine Umsetzung. Diese Maßnahmen hätten dazu führen können, dass der Anstieg der Inzuchtkoeffizienten in der Population langsamer verlaufen wäre.

---

## 5.2.4 Inzuchtdepression

BIEDERMANN (1992) zeigte für verschiedene Tierarten die Veränderung unterschiedlicher Parameter (Milch- und Fettmenge beim Rind, Ferkelzahl bei Geburt, Schlupfrate, Eizahl und Körpermasse beim Huhn) bei einer Inzuchtsteigerung von 10 %. Diese Inzuchtdepression in Abhängigkeit von der Inzuchtsteigerung hängt sehr stark vom Merkmal ab (NITTER, 2003). Inzuchtdepressionen treten wie Heterosiseffekte meist bei gering heritablen Merkmalen auf, wie z.B. den Fruchtbarkeitsparametern. Hier sind auch die Inzuchtdepressionen am höchsten und bei Qualitätsmerkmalen am geringsten.

Um die Inzuchtdepression für die vorliegende Arbeit zu untersuchen, wurden die Parameter Wolle, Exterieur und Bemuskelung aus den elektronischen Zuchtbüchern für jedes Tier ausgewählt. Für eine genauere Betrachtung vorhandener Inzuchtdepressionen der Bentheimer-Landschaf-Population wäre es zukünftig sinnvoller, zusätzlich die Fruchtbarkeitskennzahlen in der Population mit zu untersuchen. Dies ist aus dem Literaturstudium über Inzuchtdepressionen ersichtlich. Bei Untersuchungen von SCHMIDT & v. HEIMENDAHL (2002) wurde beim Norfolk Horn Schaf eine Zunahme der Lämmersterblichkeit um ca. 6,4 % je 10 % Inzuchtzunahme bei Müttern und Lämmern festgestellt. In verschiedenen Publikationen (BRANDT & MÖLLERS, 1999; ERCANBRACK & KNIGHT, 1991) wird bei Schweinen respektive Schafen weiter berichtet, dass die Inzuchtdepression nicht wie erwartet einen negativen Einfluss auf die Anzahl der Neugeborenen besitzt, sondern eher auf die Geburts- und Absetzgewichte. Für die vorliegende Arbeit konnten diese Kenngrößen nicht verwendet werden, da nicht alle Verbände die Fruchtbarkeitsdaten in den gelieferten Dateien zur Verfügung stellten. Dieser wichtige Aspekt sollte bei weiterführenden Untersuchungen von vorneherein eingeplant werden, um so eine bessere Aussagekraft über mögliche Inzuchtdepressionen zu erhalten. Die in dieser Arbeit untersuchten Parameter sind einfach durch subjektive phänotypische Bewertung zu erfassen und müssen für alle Tiere vorliegen. Einzige Ausnahme stellte der Wert der Bemuskelung dar. Das Bentheimer Landschaf wird in einigen Zuchtverbänden ohne die Bemuskelungs-Benotung ins Zuchtbuch aufgenommen. Die Begründung vonseiten der Zuchtleitungen war, dass es sich beim Bentheimer Landschaf nicht um ein Fleischschaf, sondern ein Landschaf handele, das nicht auf Bemuskelung selektiert werden soll. Der bei allen drei untersuchten Parametern über der Durchschnittsnote 5 gelegene Mittelwert wurde vorausgesetzt, da es sich bei den Tieren um eingetragene Zuchttiere handelte, die aus züchterischer Sicht überdurchschnittliche Rassevertreter sein

---

sollten. Die errechnete geringe Standardabweichung bei allen Merkmalen lässt jedoch den Schluss zu, dass die Benotungsskala besonders im unteren Bereich nicht ganz ausgenutzt wird. Aus der Literatur lassen sich nur aus einer Untersuchung von DE VRIES ET AL. (2003B) Vergleichswerte für das Bentheimer Landschaft heranziehen. In dieser Untersuchung wurden von 3170 Bentheimer Landschaften aus den Zuchtverbänden Niedersachsen und Westfalen ebenfalls die Parameter Wolle, Exterieur und Bemuskelung analysiert. Die Mittelwerte unterschieden sich nur marginal von denen der vorliegenden Arbeit. Ebenso waren die Standardabweichungen fast identisch. Anhand der Minimum- und Maximum-Werte lässt sich erkennen, dass bei der Körkommission bzw. bei der Herdbuchaufnahme bei den Bentheimer Landschaften fast alle Noten vergeben wurden. Dennoch soll kritisch angemerkt werden, dass die Tiere meist zu schnell mit der Topnote 9 versehen werden. Dies zeigte ebenfalls die geringe Standardabweichung. Diese hohe Benotung steht für ein aus tierzüchterischer Sicht perfektes Tier. Diese Kritik der geringen Ausnutzung der Punkteskala deckt sich mit den Äußerungen von STIER ET AL. (1988A & 1988B) und SAVAS ET AL. (2001). Dementsprechend vorsichtig sollte mit diesen Bewertungen umgegangen werden. In weiteren Untersuchungen von DE VRIES ET AL. (2004B) bei verschiedenen Fleisch- und Milchschaften konnten ebenfalls geringe Standardabweichungen gefunden werden. Die Mittelwerte der einzelnen Parameter befanden sich auch hier dicht um den Wert 7. Bei allen zitierten Untersuchungen lag der Mittelwert des Exterieurs immer unter dem der Bemuskelung. Dies konnte ebenfalls bei vorliegender Arbeit beobachtet werden.

Bei der durchgeführten Regressions- bzw. Korrelationsanalyse der Leistungsparameter mit den Inzuchtkoeffizienten waren die berechneten negativen Regressionskoeffizienten zu erwarten. Somit führte die Erhöhung der einzelnen Inzuchtkoeffizienten zu einer Abnahme der Bewertungsnoten für jeden einzelnen Parameter (Wolle, Exterieur und Bemuskelung). Alle errechneten Korrelationskoeffizienten waren jedoch sehr gering und folglich liegt keine enge Beziehung zwischen den Inzuchtkoeffizienten und den herangezogenen Leistungsparametern vor. Diese Tatsache ist ferner an dem geringen errechneten Bestimmtheitsmaß von 0,0001–0,0084 zu erkennen.

Aus den durchgeführten Analysen und dem Vergleich mit den Literaturangaben von DE VRIES ET AL. (2003B) lässt sich die Aussage ableiten, dass die Zuchttiere der Bentheimer Landschaft sich über die Jahre hinweg – trotz der Inzuchtproblematik – nicht nachhaltig in den hier

---

untersuchten Leistungsparametern verschlechtert haben. Somit liegt für diese Parameter keine Inzuchtdepression vor.

### 5.2.5 Genotyp- und Allelfrequenzen

Die Scrapie-Resistenzucht gestaltete sich bei den Bentheimer Landschaften äußerst schwierig, da eine schlechte Ausgangssituation zu Beginn der Genotypisierungen vorgefunden wurde (BRANDT ET AL., 2004A; SCHMIDT ET AL., 2005). Es gab nur wenige *ARR*-Vererber. Anfangs wurden zudem nur die Böcke genotypisiert, obwohl BRANDT ET AL. bereits 2004 darauf hinwies, dass Mutterschafe ebenfalls untersucht werden sollten, um eine möglichst breite genetische Vielfalt in der Zucht beizubehalten. Die in *Kapitel 4.3* dargestellten Genotypen (*Tabelle 13 und 14*) innerhalb der Bentheimer Population zeigen tendenziell eine Verringerung der Anzahl an Genotypen. Die Genotypisierung wurde durch die Schäfer meist wie oben beschrieben nur für die Böcke durchgeführt. Hierdurch ist der starke Rückgang von 15 Genotypen bei den inaktiven Zuchtböcken auf nur noch 9 bei den aktiven Böcken zu erklären. In den Angaben von DISTL & HAMANN (2005) findet sich bei der Auflistung von aktuell im Herdbuch eingetragenen Böcken bzw. Mutterschafen noch kein homozygoter *ARR*-Vererber unter den Böcken und nur zwei G1-genotypisierte Mutterschafe. Dabei sei angemerkt, dass bei dieser Untersuchung insgesamt nur 18 Böcke bzw. 108 Mutterschafe als genotypisiert geführt werden. Diese Datengrundlage ist jedoch nicht kongruent mit den Auktionskatalogen der gemeinsamen Absatzveranstaltung in Uelsen, da dort bereits im Jahr 2004 drei Böcke als G1-Tiere aufgetrieben wurden. Im Jahr 2005 wurden insgesamt fünf Böcke mit dem G1-Status für die Körung vorgestellt. Wieso diese Unterschiede der genotypisierten Tiere entstanden sind, kann an dieser Stelle nicht nachvollzogen werden. Da sonst keine weiteren Genotypisierungsergebnisse von Bentheimer Landschaften in der bisherigen Literatur gefunden wurden, ist der Anstieg von G1-Tieren innerhalb von 4 Jahren auf nunmehr 50 zuchtaktive Tiere (34 weibliche und 16 männliche) als enormer Anstieg zu sehen. Die starke Selektion auf *ARR*-Träger innerhalb der Bentheimer Landschaft Population ist hierdurch erkennbar. Für die Züchter war es in der Anfangszeit der Scrapie-Bekämpfungsmaßnahmen äußerst wichtig, schnellstmöglich eine heterozygote Herde (*ARR/XXX*) aufzubauen, um den bei Scrapie-Fällen auferlegten Sanktionen der Behörden (Keulung, Isolierung des Betriebes etc.) zu entgehen. Bei den entsprechenden Auktionen der Jahre 2004–2007 kann dieses gezielte Steigern auf die gewünschten Genotypen beobachtet werden. Böcke mit einem *ARR*-Allel konnten höhere Verkaufspreise erzielen als Tiere ohne

---

das gewünschte Allel (WABMUTH & BRANDT, 2005A; WABMUTH & BRANDT, 2005B; WABMUTH & BRANDT, 2005C). Bei Rassen mit einem höheren *ARR*-Anteil konnte gezeigt werden, dass der Genotyp keinen so starken Einfluss auf den Auktionspreis besitzt (WABMUTH & BRANDT, 2005B; WABMUTH & BRANDT, 2005C).

Werden nun aus den Genotypen die Scrapie-Allelfrequenzen berechnet, zeigt sich dieser Einfluss der Zucht auf die Scrapie-Resistenz erneut sehr deutlich. Die Frequenzen für das „resistente“ *ARR*-Allel haben sich sowohl bei den Mutterschafen als auch bei den Böcken deutlich erhöht. Bei den aktiven Zuchttieren ist eine Frequenz von 42 % für die männlichen Tiere und 32 % bei den weiblichen vorhanden. Somit wurde innerhalb weniger Generationen eine aktive Zuchttierpopulation erreicht, in der die *ARR*-Frequenz von anfangs 6,2 % (BRANDT ET AL., 2004A; SCHMIDT ET AL., 2005) auf nun 37 % angestiegen ist. In den Angaben von DISTL & HAMANN (2005) konnten Allelfrequenzen für das *ARR*-Allel von 14,6 % gefunden werden bei insgesamt 1570 Genotypisierungen. Diese hohe Anzahl an typisierten Tieren kann nicht direkt mit der in dieser Arbeit gefundenen Anzahl verglichen werden, da für die vorliegende Untersuchung nur Herdbuchtiere herangezogen wurden. Bei der von DISTL & HAMANN (2005) genannten Anzahl handelt es sich mit hoher Wahrscheinlichkeit zusätzlich um Tiere aus Gebrauchsschafhaltungen.

Das *VRQ*-Allel tritt bei den aktiven Zuchtböcken nicht mehr auf. Es wurde völlig durch die Selektionsmaßnahmen eliminiert. Bei den genotypisierten Mutterschafen ist diese Tendenz ebenfalls zu erkennen, jedoch werden hier weiterhin Schafe mit einem *VRQ*-Allel in der Zucht eingesetzt. Dies ist durchaus zu vertreten, da züchterisch wertvolle Mutterschafe mit einem solchen Allel gezielt verpaart werden können, und so ihre wertvollen Eigenschaften weiterhin für die Population genutzt werden können.

Nach Auftreten der atypischen Scrapie ist bei den Züchtern der Nutzen einer Scrapie-Resistenzzucht bzw. die gesetzliche Grundlage dazu immer mehr infrage gestellt worden. Die Europäische Kommission führte das für alle Züchter verpflichtende Resistenzzuchtprogramm sodann als freiwillige Komponente ein. In der deutschen Gesetzgebung gilt jedoch immer noch die TSE-RESISTENZZUCHTVERORDNUNG. Diese Situation ist für die Züchter nicht nachvollziehbar: So wird diese Verpflichtung in einigen Zuchtverbänden nicht mehr ernst genommen und das Resistenzzuchtprogramm ebenfalls auf freiwilliger Basis durchgeführt. Die weiteren Folgen dieser Überlegungen waren im Jahr 2008 bei der Auktion sichtbar. Es

---

wurde nun seitens der Züchter wieder mehr auf den Phänotyp geachtet und Tiere ersteigert, die nicht zwangsläufig ein *ARR*-Allel besaßen. Zukünftig werden sich die Herdbuchzüchter sicherlich auf die von BRANDT ET AL. (2004A) genannten Maßnahmen (gezielte Verpaarung, Genotypisierung der Mutterschafe, Erhaltung der Bocklinien) konzentrieren, da die aktuelle Ausgangssituation durch die genotypisierten Mutterschafe und Böcke eine gezielte Anpaarung ermöglicht und die Züchter mittlerweile an diese Resistenzzucht aufgrund der geänderten Rechtslage entspannter herangehen können.

### 5.3 Praxisbeispiele

Ein weiteres Ziel dieser Arbeit war die Aufstellung eines Zuchtprogramms, das neben den wissenschaftlichen Erkenntnissen ebenfalls sehr stark auf die praktische Zuchthilfe ausgerichtet ist. In *Kapitel 3.2.2* wurde erläutert, wie es den Züchtern ermöglicht wird, eine Anpaarungssituation mithilfe des Programms OPTI-MATE virtuell für einen bestimmten Bock zu einer bestimmten Herde oder zu einzelnen Mutterschafen durchführen zu lassen. Hiermit können vor dem eigentlichen Deckeinsatz die Auswirkungen auf die Inzucht des Bockes simuliert und dessen Folgen abgeschätzt werden. Dies wird sicherlich vermehrt vor den nächsten Auktionen nachgefragt werden. Dem Züchter können somit diverse Hilfsmittel an die Hand gegeben werden, um seine Zuchtentscheidung zu unterstützen. Ob der Züchter letztlich der ausgesprochenen Empfehlung folgt, sei ihm selbstverständlich freigestellt. In den bisher durchgeführten Zuchtberatungen wollten die Züchter vermehrt wissen, wie der Inzuchtgrad einzelner Tiere und die Verwandtschaft innerhalb ihrer Herde ist und welche Bocklinien bei ihnen noch aktiv im Deckeinsatz sind. *Tabelle 15* zeigt eine solch vereinfacht erstellte Maske am Beispiel eines Zuchtbetriebes. Mit den gewonnenen Daten können die Züchter bei der nächsten Eliteauktion eine für ihren Bestand optimierte Bockauswahl treffen.

Das Beispiel in *Tabelle 15* zeigt, dass bei einigen Tieren des Betriebes ein überdurchschnittlich hoher Inzuchtcoeffizient vorliegt. Das Muttertier „Luisa“ hat beispielsweise einen Inzuchtcoeffizienten von über 18 %. Anhand der Bocklinien konnte hier dem Züchter gezeigt werden, wie sich die Herde diesbezüglich aufbaut und wie zukünftig verfahren werden sollte. Sicherlich ist bei manchen Betrieben das Gespräch mit dem zuständigen Zuchtleiter zu suchen, um die Details aus der Beratung zu verstehen und gezielt umzusetzen.

**Tabelle 15:** Praxisbeispiel einer Zuchtberatung für einen Betrieb mit den gewünschten Parametern Geschlecht (Sex), Name, Inzuchtkoeffizient  $F$  (%), den Inzucht-Verursacher, den Stammvater und die Bocklinie.

Tier-ID	Sex	Name	$F$ (%)	Inzucht-Verursacher	Stammvater	Bocklinie
aus Datenschutzgründen gelöscht	m	Louis	4,16	WEm5998 (Peppo)	NSm005981 (L-Pankraz)	L
	w	Hallo	3,85	WEm5647 (Panter)	WEm5298 (Holländer)	H
	w	Lotta	4,16	WEm5998 (Peppo)	NSm005981 (L-Pankraz)	L
	w	Helene	12,54	WFwS1288 (Sonja)	NSm005981 (L-Pankraz)	L
	w	Herta	3,86	WEm5625 (Hato)	WEm5298 (Holländer)	H
	w	Luisa	18,41	WFmB1415 (Larifari)	NSm005981 (L-Pankraz)	L
	w	Lore	6,23	WFwS1293 (Gesine)	NSm005981 (L-Pankraz)	L
	w	Lydia	6,23	WFwS1293 (Gesine)	NSm005981 (L-Pankraz)	L
	w	Leoni	6,48	WEm5998 (Peppo)	NSm005981 (L-Pankraz)	L
	w	Lima	8,35	WEm5998 (Peppo)	NSm005981 (L-Pankraz)	L
	w	lcka	8,43	WEm5998 (Peppo)	NSm005981 (L-Pankraz)	L

Ein weiteres Praxisbeispiel zeigt, wie wichtig eine solche zuchtverbandsübergreifende Datenbank im Kontext der Erhaltungszucht erscheint. *Abbildung 12* zeigt einen Auszug aus dem Kör- und Auktionskatalog der Rasse Bentheimer Landschaf von der Eliteauktion aus dem Jahr 2008. Diese Seite zeigt nochmals eindrucksvoll, wie verwirrend die aktuelle Datenlage bei den Herdbuchtieren ist. Der Bock „001“ (oben in *Abbildung 12*) und der Bock „002“ (unten in *Abbildung 12*) besitzen beide den gleichen Vater und sind somit Halbgeschwister. Dies ist so nicht zu erkennen, da der Vater bei Bock „001“ als „WE33/RH03102 Zw+Posse“ und bei Bock „002“ als „RH--003102 Posse+“ bezeichnet wird. Diese Kennzeichnungsform ist keine Seltenheit und auf den ersten Blick ist nur der Name übereinstimmend. Die Herdbuchnummer setzt sich bei beiden aus einer völlig anderen Schreibweise zusammen. Diese Form der Kennzeichnung lässt nicht ohne weiteres den Schluss zu, dass es sich um das gleiche Individuum handelt. Zusätzlich fehlt bei Bock „001“ der Geburtstyp. Dieser findet sich dann im Namensfeld wieder. Geht man im Pedigree des Vaters „Posse“ eine Stufe weiter zurück zum Vater des „Posse“, so gibt es erneut unterschiedliche Schreibweisen für das gleiche Tier im Vergleich von Bock „001“ mit Bock „002“. Erneut wurde bei dem oberen Bock ein „WE33“ vorangestellt und zusätzlich erhält er ein „Dr“ für den Geburtstyp Drilling im Namensfeld. Die Angaben über die Mutter von Posse

sind ebenfalls unterschiedlich angegeben. Bei der unteren fehlen die Fruchtbarkeitsparameter, der Geburtstyp und der Rasseschlüssel im Vergleich zur oberen Angabe.

Diese Beispielseite des Auktionskatalogs zeigt auf, dass die aktuelle Datengrundlage zu sehr verwirrenden und teilweise auch falschen Darstellungen von Herdbuchtieren führt, und dies bei Tieren, die auf der bundesweiten Eliteauktion vorgestellt werden. Für den praktischen Schafzüchter ist somit schwer zu erkennen, welchen Bock er für seine Herde einsetzen kann. Durch die Angabe von nur zwei Generationen ist auch die Rückverfolgbarkeit durch solche unvollständig bzw. falsch ausgefüllten Stammdatenblätter nur sehr schwer durchführbar. Selbstverständlich darf das Argument nicht außer Acht gelassen werden, dass dies in der bisherigen Zuchtgeschichte des Bentheimer Landschafes mit diesen Kennzeichnungsvarianten bisher gut funktioniert hat und die Rasse aus ihrem Bestandstief geführt werden konnte. Dem ist sicherlich so, doch die Arbeit zeigt auch die vielen Probleme auf, die sicherlich nicht hätten entstehen müssen. Diese sollten zukünftig vermieden werden, um einen weiteren Verlust der genetischen Vielfalt zu vermeiden. Hier muss, wie diese Praxisbeispiele zeigen, gemeinsam mit den Züchtern und allen Zuchtverbänden eine durchführbare und klar ersichtliche Struktur aufgebaut werden.

**Klasse 1 Bentheimer Landschaf Altböcke**

<b>001</b> Züchter: Kieft, Herbert, Meppener Str. 97, 49824 Ringe Besitzer: Heidotting, Heinrich, Alt Heseperthwist, 49767 Twist Landesverband: Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.		WE Bock
WE006817 Pierre G-Typ: 2 A-Typ: 2 Geb.Datum: 06.02.2005		SGT: ARR/ARQ Bentheimer Landschaf
Fruchtbarkeit Mutter: -1 Punkte		Teilindex: _____ Gewicht: _____ Bemuskelung: 7 Punkte: _____ Wolle: 8 Punkte: _____ Zuchtkl.: _____ Zuchtindex: _____ Preis: _____ Äuß. Ersch.: 7
WE33/RH03102 Zw+ Posse SGT:ARR/ARR Bw -Wo8-Äu8	WE33/RH06137 Dr	
	WE33/17 Z Fk 9,1-9-16-15	
WE33/30555 E GTyp: 1 ATyp: 1 SGT:ARR/ARQ Fk 6,0-7-11-11 Bw Be8-Wo7-Äu7	WE33/6527 Zw Hilbert Be7-Wo8-Au7	
	WE33/15606 Z Fk 9,1-11-21-21	Be7-Wo7-Äu6
<b>002</b> Züchter: Herbert Kieft, 49824 Ringe Besitzer: Hochwildpark Schwarze-Berge, 21224 Rosengarten Landesverband: Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V.		NS Bock
WE--028391 Pull + G-Typ: 2 Geb.Datum: 24.12.2005		SGT: ARR/ARR Bentheimer Landschaf
		Teilindex: _____ Gewicht: _____ Bemuskelung: 0 Punkte: _____ Wolle: 0 Punkte: _____ Zuchtkl.: _____ Zuchtindex: _____ Preis: _____ Äuß. Ersch.: 0
RH--003102 Posse + GTyp: 2 SGT:ARR/ARR Bw Be -Wo8-Äu8	RH--006137	
	WE--000017 Fk	
WE--003804 GTyp: 2 SGT:ARR/ARQ Fk 4,0/5/8/7 Bw Be8-Wo7-Äu7	WE--006462	
	WE--017022 Fk	

**Abbildung 12:** Auszug des Auktionskataloges der Eliteauktion in Uelsen aus dem Jahr 2008. Über die roten Linien sind identische Tiere mit jedoch unterschiedlichen Kennzeichnungen verbunden.

---

## 5.4 Ausblicke

### 5.4.1 Ausblick für die Rasse Bentheimer Landschaf

Aus allen Teilergebnissen lässt sich ableiten, dass die Züchter es sicherlich geschafft haben, das Bentheimer Landschaf in seinem Bestand zu festigen. Dennoch stimmen die Ergebnisse bedenklich, wie an den Bocklinien und der Inzucht gezeigt werden konnte. Werden nun die Folgen der aktuellen Tierseuchensituation wie die Blauzungen Infektion diskutiert, so müssen nach den Jahren 2006–2007 retrospektiv betrachtet noch mehr Bedenken geäußert werden, da viele wertvolle Zuchttiere bei den Bentheimer Landschafen verendet sind. Wenn hierunter noch wichtige Vertreter der seltenen Blutlinien waren, ist eine zukünftige, gezielte Anpaarungsplanung äußerst wichtig, um alle Bocklinien zu erhalten. Die Scrapie-Resistenzucht sollte weiterhin durchgeführt werden, auch vor dem Hintergrund der noch offenen Fragen bezüglich der atypischen Scrapie. Die aktuellen wissenschaftlichen Untersuchungen bestätigen weiterhin, dass mit dem Resistenzzuchtprogramm die Prävalenz einer klassischen Scrapie-Erkrankung gesenkt werden kann. Jedoch sollte diese Resistenzucht unter Beachtung der möglichen Inzucht und Bocklinie durchgeführt werden, wie BRANDT ET AL. (2004A) für das Bentheimer Landschaf bereits beschreiben, um die genetische Variabilität zu erhalten.

Im Jahr 2007 wurde in der Grafschaft Bentheim ein Verein zum Erhalt der Bentheimer Rassen „Bentheimer Landtiere e.V.“ gegründet, wozu neben dem Bunten Bentheimer Schwein, den Bentheimer Kraienköpfe auch das Bentheimer Landschaf gehört. Dieser Verein hat als Aufgabe den Erhalt der genannten Rassen zu unterstützen. Als eine der ersten Maßnahmen wurde die Einführung einer Ankaufs- und Ausstellungsprämie durchgesetzt. Dies bedeutet, dass jeder Züchter, der an der Eliteauktion Böcke aufreibt eine Prämie erhält. Genauso bekommt ein Züchter beim Kauf eines bei der Veranstaltung gekörten Bockes ebenfalls eine Prämie. So konnte ein Anreiz geschaffen werden, mehr Böcke zur Körung aufzutreiben, und durch die höheren Versteigerungspreise bekommen die Züchter mehr Geld für ihre Tiere. Dies führt zu einem lebhafteren Auktionsverlauf. Diese Aktivität zeigt, dass viel für den Rasseerhalt getan wird. Jährlich finden gemeinsame Treffen statt, zu denen alle Zuchtleiter und Züchter des Bentheimer Landschafes eingeladen werden, um gemeinsam die aktuellen Probleme zu besprechen.

---

Mit Sorge muss allerdings der entstandene Disput der großen Herdenhalter mit den kleineren Nebenerwerbs- bzw. Hobbybetrieben betrachtet werden. Diese Diskussion anlässlich eines Jahrestreffens führte in der Folge zum Rückzug einiger großer Herdenhalter von der bundesweit gemeinsam durchgeführten Körung und Auktion. Im Jahr 2007 führten diese erstmals im Gebiet des Zuchtverbandes Berlin-Brandenburg eine eigene Absatzveranstaltung durch. Diese „Splittung“ der Herdbuchzüchter ist für eine gemeinsame Zuchtplanung eine sehr ungünstige Ausgangssituation, zumal die Herdenhalter beabsichtigen, die Böcke nur unter sich auszutauschen. Dies führt zu keiner Verbesserung der Situation des Bentheimer Landschafes. Hier müssen beide Seiten, kleinere wie größere Züchter, erneut aufeinander zugehen und sich gemeinsam auf eine Strategie einigen. Keiner wird längere Zeit ohne den anderen eine gute, solide Zuchtarbeit leisten können.

Bleibt die Züchterschaft um das Bentheimer Landschaf weiterhin so aktiv, können die angesprochenen Differenzen beigelegt werden und eine verbandsübergreifende Zucht inklusive Scrapie-Resistenzucht geplant werden, dann sieht die Zukunft für das Bentheimer Landschaf sehr viel versprechend aus.

#### **5.4.2 Ausblick für die Erstellung überregionaler Zuchtbücher und Datenbanken**

Was verschiedene Autoren (ERHARDT ET AL., 2002B; FAO 2007A) über die Errichtung einer zentralen Datenbank postuliert haben, kann mit der vorliegenden Arbeit bestätigt werden. Für eine gezielte und vor allem nachhaltige Erhaltungszuchtarbeit ist es äußerst hilfreich, solch eine zuchtverbandsübergreifende Herdbuchdatenbank zu erstellen und den Zuchtverbänden zur Verfügung zu stellen. Mit dieser Datenbank, die im günstigsten Fall nur von einer Stelle (Zuchtverband) aktualisiert und gepflegt wird, kann trotzdem die zuchtverbandsübergreifende Erhaltungszucht geplant und können jederzeit aktuelle Populationsparameter berechnet werden. Wichtigste Grundlage hierbei ist die gewissenhafte und korrekte Datenführung und -eingabe.

Es wäre anzuraten, für jede Rasse separat eine solche Datenbank aufzubauen, um keine zusätzlichen Verwechslungsmöglichkeiten mit Individuen anderer Rassen einzugehen. Hierbei sollte primär mit den vom Aussterben bedrohten Schafrassen begonnen werden. Die Gründe hierfür sind einerseits die meist geringe Populationsgröße dieser Rassen, was die Arbeit für den Aufbau einer zentralen Datenbank erleichtern würde. Andererseits ist die

---

Verteilung dieser Rassen meist auf wenige Zuchtverbände begrenzt, was die Durchführung der Plausibilitätskontrollen vereinfachen würde, da eine bessere Rückverfolgbarkeit einzelner Tiere durchgeführt werden kann. Das wichtigste Argument für die Erstellung solcher Datenbanken liefert – neben dem neuen TIERZUCHTGESETZ - allerdings das „Nationale Fachprogramm Tiergenetische Ressourcen“ (BMELV, 2008), das den Erhalt tiergenetischer Ressourcen in Deutschland fordert. Dieses Ziel kann nach Untersuchung der Daten der vorliegenden Arbeit nur über solche überregionale Zuchtbücher erreicht werden. Es müsste für jede Rasse eine eigene Datenbank erstellt und von einer Zuchtstelle für die gesamte deutsche Population betreut werden, wobei andere Zuchtverbände die Daten einsehen, verwenden und nach einem vorgegebenen Muster eingeben können. Im Hintergrund sollten stets die notwendigen Plausibilitätskontrollen bei der Dateneingabe durchgeführt werden. Somit könnte auch das geforderte jährliche Monitoring der Schafrassen (Populationsgröße) ohne großen Aufwand durchgeführt und jederzeit veröffentlicht werden. Zukünftig kann in der Schafzucht ohne solche zentralen Datenbanken langfristig betrachtet keine nachhaltige Tierzucht mehr aufrechterhalten werden.

Das von der VDL gestartete OviCap-Projekt ist ein zukunftsweisender Schritt in die richtige Richtung im Bereich der Schaf- wie auch der Ziegenzucht. Kritisch anzumerken bleibt jedoch, ob es in der geplanten Form ausgeführt werden kann, da die Daten der einzelnen Zuchtverbände ohne die wie in dieser Arbeit erfolgten Kontrollen in die Gesamtdatenbank implementiert werden. Dies führt unweigerlich zu Mehrfachnennungen, sowie falschen Pedigree-Angaben bei Zuchtleistungsprüfungen, fehlerhaften aktuellen Bestandsgrößen und weitere in dieser Arbeit herausgestellten Probleme. Es wäre sicherlich sinnvoll, hier zunächst mit den Rassen zu beginnen, die eine geringe Populationsgröße besitzen, da deren Erhaltung eine hohe Prioritätsstufe zugrunde gelegt wird. Die in der vorliegenden Arbeit gewonnenen Erkenntnisse sollten für die Erstellung anderer überregionaler Zuchtbücher genutzt werden.

## 6 Zusammenfassung

Das Ziel dieser Arbeit bestand erstens in der Überführung aller verfügbaren Herdbuchinformationen der 8 regionalen Zuchtverbände in eine einheitliche Datenbank für alle Bentheimer Landschaft in Deutschland, zweitens in der Berechnung von Parametern für die aktive Population (Inzucht und Allelfrequenzen der Prionproteine), sowie der Identifizierung der verbliebenen Bocklinien und schließlich der Entwicklung eines Zuchtprogramms, um die Inzucht unter Berücksichtigung der vorhandenen Bocklinien und der Scrapie-Resistenzucht zu minimieren.

Die gesamten verfügbaren Herdbuchinformationen aller 8 Zuchtverbände wurden auf zwei- bzw. mehrfache Eintragungen über die Verbände oder innerhalb der Verbände hin kontrolliert und anschließend in eine gemeinsame Datenbank übertragen. Die Zahl der eingetragenen Böcke reduzierte sich um 35 %, bei den Mutterschafen wurden nur 13 % der eingetragenen Tiere aufgrund von Doppeleintragungen gelöscht. Mithilfe der Abstammungsinformationen wurden die Bocklinien identifiziert und die Allelfrequenzen der Prionproteine bestimmt.

Aktuell existieren insgesamt 2393 aktive Mutterschafe und 132 aktive Böcke. Diese ergeben eine effektive Populationsgröße von ungefähr 500. Der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient aller in der Zucht aktiven Tiere mit einem Vollständigkeitsindex über 5 Generationen von 60 % beträgt 4,2 %. Es besteht ein geringer Anstieg der durchschnittlichen Inzucht von 1990 bis 2007. Bei den aktiven Böcken existieren nur noch 6 der ursprünglich 9 Bocklinien. Die P- und H-Linie sind stark vertreten, während die anderen 4 Linien jeweils nur etwa 4–15 Nachkommen unter den aktiven Böcken haben. Dies kann vor allem durch die strenge Selektion auf das bevorzugte *ARR*-Allel innerhalb der letzten 3 Jahre erklärt werden. Die *ARR*-Allelfrequenz stieg in der Population von ursprünglich 6 % auf 42 % innerhalb der aktiven Böcke und auf 32 % innerhalb der aktiven Mutterschafe an.

Die Implementierung der einzelnen Herdbuchdaten der Verbände in eine einheitliche Datenbank zur Berechnung von Populationsparametern (Inzucht und Allelfrequenzen) war aufgrund der doppelten bzw. mehrfachen Eintragungen der Tiere mit wechselnden Identifikationen über oder sogar innerhalb der Zuchtverbände eine sehr komplexe Aufgabe. Eine strikte Selektion auf das *ARR*-Allel, besonders in dieser kleinen Population, die von Anfang an eine niedrige Frequenz des gewünschten *ARR*-Allels aufwies, kann sehr schnell zum Verlust wertvoller Bocklinien führen. Nur ein Zuchtprogramm für die gesamte

Population mit dem Ziel, die Inzucht zu minimieren und alle Bocklinien zusätzlich zur Selektion auf Scrapie-Resistenz zu erhalten, kann die Population mit der höchstmöglichen genetischen Variabilität erhalten.

## 7 Summary

It was the first aim of this study to create one data base which consists of all the information of the eight regional breeding associations for the Bentheimer Landschaf in Germany. In a second step inbreeding coefficients and allele frequencies of the Prion protein for the active population were estimated and the remaining ram lines were identified a breeding program was developed to minimize the inbreeding considering the remaining ram lines and the Scrapie-resistance breeding programme.

From the eight breeding associations, all the available pedigree information of the stud book were checked for double or multiple entries of animals within or across the breeding associations before implementing the final data base. Because of double or multiple entries the number of rams reduced by 35 % and the number of ewes by 13 %. From the pedigree information the ram lines were identified and the allele frequencies of the prion protein were estimated for the active population.

Actually the Bentheimer Landschaf population comprises a total of 2393 active ewes and 132 active rams. This results in an effective population size of nearly 500. Of all active animals with a pedigree completeness index of 60 % over five generations, the mean inbreeding coefficient is 4,2 %. A slight increase of inbreeding between 1990 and 2007 could be observed. From the former nine ram lines, there remain actually only six ram lines. The P- and H-Line are well represented, but the other ram lines have only 4 till 15 offspring within the active rams. The high number of rams originating from the P- and H-line could be explained by the strong selection for the *ARR*-allel during the last 3 years. The frequency of the *ARR*-allel increased from 6 % to 42 % within the active ram population and to 32 % within the active ewes.

The development of the unique data base including all pedigree information from all eight breeding organisations was a very time consuming task because of the double or multiple entries of the animals with changing identifications even within but mainly across breeding associations. Concerning the selection for scrapie resistance, the Bentheimer Landschaf population had at starting position a very low *ARR*-allele frequency of only 6 %. Especially in such small populations with low *ARR*-allele frequencies a strong selection for the *ARR*-allele could induce the loss of valuable ram lines. To minimize inbreeding, conserve all ram lines and select for scrapie resistance in such small populations only a breeding program

across all breeding organisations can optimize these tasks with the major goal to maintain the population in the long run.

---

## 8 Literaturverzeichnis

**ANALLA, M.; MONTILLA, J. M.; SERRADILLA, J. M. (1998):** Analyses of lamb weight and ewe litter size in various lines of Spanish erino sheep. *Small Ruminant Research* 29, S. 255–259

**AUSSCHUSS DER DEUTSCHEN GESELLSCHAFT FÜR ZÜCHTUNGSKUNDE (DGfZ) ZUR ERHALTUNG GENETISCHER VIELFALT BEI LANDWIRTSCHAFTLICHEN NUTZTIEREN (1991):** Empfehlungen zur Kryokonservierung von Sperma, Embryonen und Erbsubstanz in anderer Form zur Erhaltung genetischer Vielfalt bei einheimischen landwirtschaftlichen Nutztieren. *Züchtungskunde* 63, S. 81–83

**BAUMUNG, R.; FÜRSTL-WATTL, B. (2002):** Vererbung – Inzucht. Vortrag anlässlich 1. Fachtagung für Ziegenzüchter und -halter, 12.–13. November in Irnding

**BELT, P.B.G.M; MUILEMAN, I.H.; SCHREUDER, B.E.C.; RUIJTER, J.B. DE; GIELKENS, A.L.J.; SMITS, M.A. (1995):** Identification of five allelic variants of the sheep PrP gene and their association with natural scrapie. *Journal of General Virology* 76, S. 509–517

**BENESTAD, S.L.; SARRADIN, P.; THU, B.; SCHONHEIT, J.; TRANULIS, M.A.; BRATBERG, B. (2003):** Cases of scrapie with unusual features in Norway and designation of a new type, Nor98. *The Veterinary Record* 153, S. 202–208

**BENESTAD, S.L.; ARSAC, J.-N.; GOLDMANN, W.; NÖREMARK, M. (2008):** Atypical/Nor98 scrapie: properties of the agent, genetics, and epidemiology. *Veterinary Research* 39, S. 19

**BIEDERMANN, G. (1992):** Zur Problematik der Inzucht in kleinen Haustierrassen. Vortragszusammenfassung „Genetische und methodische Probleme bei der Erhaltung alter Haustierrassen in kleinen Populationen“ am 24. Oktober 1992 in Witzenhausen. Herausgeber Deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde e.V., Bonn.

**BIEDERMANN, G.; WALDMANN, S.; MAUS, F. (2003):** Genetische Analyse der Population des Hinterwälder Rindes. *Archiv für Tierzucht* 46, S. 307–319

**BIEDERMANN, G.; POPPINGA, O.; WEITEMEYER, I. (2005):** Die genetische Struktur der Population des Schwarzbunten Niederungsrindes. *Züchtungskunde* 77, S. 3–14

**BIJMA, P. (2000):** Long-term genetic contributions. Prediction of rates of inbreeding and genetic gain in selected populations. Ph. D. Thesis, Wageningen University

**BMELV (2004):** Tiergenetische Ressource – Nationales Fachprogramm, Broschüre, Bonn

**BMELV (2008):** Tiergenetische Ressource – Nationales Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung tiergenetischer Ressourcen in Deutschland. Bonn

**BOLBECHER, G. (1989):** Haltung von Haustieren in zoologischen Gärten, Wildparks und Freilichtmuseen der Bundesrepublik Deutschland und West-Berlins. Dissertationsschrift München

**BORCHERS, N.; DE VRIES, F.; DRÖGEMÜLLER, C.; HAMANN, H.; REINECKE, S.; DISTL, O.; LÜPPING, W. (2003):** Sind korrelierte Effekte zu erwarten? Deutsche Schafzucht 6, S. 19–21

**BRANDSMA, J.H.; JANSSE, L.L.G.; VISSCHER, A.H. (2004):** Association between PrP genotypes and litter size and 135 days weight in Texel sheep. Livestock Production Science 85, S. 59–64

**BRANDT, H.; MÖLLERS, B. (1999):** Inzuchtdepression bei Merkmalen der Fruchtbarkeit und der Gewichtsentwicklung beim Göttinger Miniaturschwein. Archiv für Tierzucht 42, S. 601–610.

**BRANDT, H.; SCHMIDT, T.; WAGNER, H. (2004A):** Erfolgreiche Zuchtstrategie gegen TSE-Empfänglichkeit. Deutsche Schafzucht 12, S. 4–7

**BRANDT, H.; LÜHKEN, G.; LIPSKY, S.; ERHARDT, G. (2004B):** Der Einfluss von Polymorphismen im Prionprotein-Gen bei Merinoland- und Rhönschafen auf Fruchtbarkeitsmerkmale bei Mutterschafen und Gewichte bei Lämmern. Züchtungskunde 76, S. 344–353

**BRANDT, H. (2005):** Korrelierte Effekte zwischen PrP-Genotyp und Fruchtbarkeitsmerkmalen beim Schaf. DGfZ-Schriftenreihe 39, S. 61–67

**BUTKAMP, J.; MENDEL, C.; GÖTZ, K.-U. (2005):** Korrelierte Effekte zwischen TSE-Genotyp und Mast- sowie Schlachtleistung. DGfZ-Schriftenreihe 39, S. 55–60

**BUSCHMANN A.; BIACABE, A.G.; ZIEGLER, U.; BENCSIK, A.; MADEC, J.Y.; ERHARDT, G.; LÜHKEN, G.; BARON, T.; GROSCHUP, M.H. (2004A):** Atypical scrapie cases in Germany and France are identified by discrepant reaction patterns in BSE rapid tests. Journal Virological Methods 117, S. 27–36

**BUSCHMANN A.; LÜHKEN, G.; SCHULZ, J.; ERHARDT, G.; GROSCHUP, M.H. (2004B):** Neuronal accumulation of abnormal prion protein in sheep carrying a scrapie-resistant genotype (PrP<sup>Arr/Arr</sup>). *Journal of General Virology* 85, S. 2727–2733

**BUSCHMANN, A.; LÜHKEN, G.; ERHARDT, G.; GROSCHUP, M.H. (2005):** Klassische und atypische Erscheinungsformen von Scrapie – Diagnostik und Übertragungsversuche. *DGFZ-Schriftenreihe* 39, S. 5–17

**CHARLESWORTH, B.; CHARLESWORTH, D. (1999):** The genetic basis of inbreeding depression. *Genetical Research* 74, S. 329–340

**DE VRIES, F.; BORCHERS, N.; DRÖGEMÜLLER, C.; HAMANN, H.; REINICKE, S.; LÜPPING, W.; DISTL, O. (2003A):** Analyse der Assoziation zwischen den Prionproteingentypen und Leistungsmerkmalen bei Fleischschafzuchten. *Züchtungskunde* 75, S. 249–258

**DE VRIES, F.; HAMANN, H.; DISTL, O. (2003B):** Schätzung genetischer Parameter für Landschafzuchten. *Archiv für Tierzucht* 47, S. 351–358

**DE VRIES, F.; HAMANN, H.; DRÖGEMÜLLER, C.; GANTER, M.; DISTL, O. (2004A):** Analysis of associations between the prion protein genotype and reproduction traits in meat sheep breeds. *Animal Science* 79, S. 397–404

**DE VRIES, F.; HAMANN, H.; DISTL, O. (2004B):** Schätzung genetischer Parameter für Fleisch- und Milchschafrassen. *Züchtungskunde* 76, S. 117-126

**DE VRIES, F.; HAMANN, H.; DRÖGEMÜLLER, C.; GANTER, M.; DISTL, O. (2005):** Analysis of associations between the prion protein genotype and production traits in east friesland milk sheep. *Journal of Dairy Science* 88, S. 392-398

**DE VRIES, F.; HAMANN, H.; DISTL, O. (2006):** Auswirkungen verschiedener Strategien der Zucht auf Scrapie-Resistenz auf Inzuchtentwicklung in kleinen Populationen. *Züchtungskunde* 78, S. 28–43

**DISTL, O.; HAMANN, H. (2005):** Stand der Zucht auf TSE-Resistenz in Deutschland. *DGFZ-Schriftenreihe* 39, S. 43-54

**DRÖGEMÜLLER, C.; DE VRIES, F.; DISTL, O. (2003):** Prionprotein-Genotypisierung in Deutschland. DGfZ-Schriftenreihe 29, S. 39-52

**EBNER, D. (2001):** Traberkrankheit. *In: Lehrbuch der Schafkrankheiten.* Hrsg.: Ganter, M., 4. Auflage Parey Verlag, Berlin, S. 210–215

**EHLING, C.; SCHMIDT, T.; NIEMANN, H. (1999):** Untersuchungen zur genetischen Struktur und Diversität der Genreserve Deutscher Schwarzbunter Rinder alter Zuchtrichtung in Niedersachsen. Züchtungskunde 71, S. 130–146

**ERCANBRACK, S.K.; KNIGHT, A. (1991):** Effects of inbreeding on reproduction and wool production of Rambouillet, Targhee and Columbia ewes. *Journal of Animal Science* 69, S. 4734–4744

**ERHARDT, G.; BRANDT, H.; BREYHAHN, R.; FÜRST ZU SOLMS-HOHENSOLMS-LICH, P.R.; GROENEVELD, E.; GROSCHUP, M.; LÜHKEN, G.; NITTER, G.; RÖBLER, H.-J.; SCHULTE-COERNE, H.; THIEL, H.-J.; WEISS, E. (2002A):** Stellungnahme einer gemeinsamen Projektgruppe der Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde e.V. (DGfZ) und der Deutschen Veterinärmedizinischen Gesellschaft e.V. (DVG) zur Genotypisierung von Schafen auf Scrapie-Resistenz. Züchtungskunde 74, S. 3–5

**ERHARDT, G.; BRANDT, H.; BREYHAHN, R.; FÜRST ZU SOLMS-HOHENSOLMS-LICH, P.R.; GROENEVELD, E.; GROSCHUP, M.; LÜHKEN, G.; NITTER, G.; RÖBLER, H.-J.; SCHULTE-COERNE, H.; THIEL, H.-J.; WEISS, E. (2002B):** Voraussetzungen und Möglichkeiten für die Genotypisierung von Schafen auf Scrapie-Resistenz im Rahmen von Zuchtprogrammen. Züchtungskunde 74, S. 6–31

**FALCONER, D.S. (1984):** Einführung in die quantitative Genetik. 1. Auflage Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart

**FALGE, R. (1996):** Haltung und Erhaltung tiergenetischer Ressourcen in Ex-situ-Haltung in Zoos und Tierparks. *In: Schriftenreihe des Informationszentrums für genetische Ressourcen (IGR), Bonn, S. 60–77*

**FAO (2003):** Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. Management of small populations at risk. Food and Agriculture Organization, Rome

**FAO (2007A):** The state of the world's animal genetic resources for food and agriculture - in brief edited by Dafydd Pilling & Barbara Rischkowsky. Food and Agriculture Organization, Rome.

**FAO (2007B):** The global plan of action for animal genetic resources and the Interlaken declaration. Food and Agriculture Organization, Rome

**GANTER, M. (2003):** Epidemiologische und pathogenetische Grundlagen zur TSE. DGfZ-Schriftenreihe 29, S. 4–16

**GERDES, K. (1995):** Eine alte Landschaftsrasse: Das Bentheimer Landschaf. Deutsche Schafzucht 14, S. 336–337

**GERDES, K. (2002):** Das Bentheimer Landschaf. Deutsche Schafzucht 14, S. 346–348

**GERNAND, E.; LENZ, H.; MOOG, U.; WABMUTH, R. (2005):** Untersuchung von Assoziationen zwischen dem Prion-Protein-Gen und Leistungseigenschaften beim Schaf an Stations- und Felddaten. Archiv Für Tierzucht 48, S. 383–395

**GOLDMANN, W.; HUNTER, N.; BENSON, G.; FOSTER, J.D.; HOPE, J. (1991):** Different scrapie-associated fibril proteins (PrP) are encoded by lines of sheep selected for different alleles of the Sip gene. Journal of General Virology 72, S. 2411–2417

**GRETZSCHEL, A., BUSCHMANN, A., EIDEN, M., ZIEGLER, U., LÜHKEN, G., ERHARDT, G.; GROSCHUP, M.H. (2005):** Strain typing of German transmissible spongiform encephalopathies field cases in small ruminants by biochemical methods. Journal of Veterinary Medicine B, Infectious Diseases and Veterinary Public Health 52, S. 55–63.

**HARING, F. (HRSG.); HAMMOND, J.; JOHANSSON, I. (1961):** Das Bentheimer Schaf. *In:* Rassenkunde, 2. Halbband des Handbuches der Tierzüchtung. Verlag Paul Parey, Hamburg und Berlin

**HERMANN, A.; STOCK, K.F.; DISTL, O. (2008):** Die Entwicklung der Haus- und Nutztierbestände in deutschen Zoos und Tierparks anhand eines Vergleiches ausgewählter Untersuchungen aus drei Jahrzehnten. Züchtungskunde 80, S. 247–261

**HERTER, M.; WILSDORF G. (1918):** Die Bedeutung des Schafes für die Fleischerzeugung. Deutsche-Landwirtschafts-Gesellschaft, Berlin

**HUBY, M.; GRIFFON, L.; MOUREAUX, S.; DE ROCHAMBEAU, H.; DANCHIN-BURGE, C.; VERRIER, E. (2003):** Genetic variability of six French meat sheep breeds in relation to their genetic management. *Genetics Selection Evolution* 35, S. 637–655

**HUNTER, N.; FOSTER, J.D.; HOPE, J. (1992):** Natural scrapie in British sheep: breeds, ages and PrP gene polymorphisms. *Veterinary Record* 130, S. 389–392

**HUNTER, N. (1997):** Molecular Biology and Genetics on scrapie in sheep. *In: The Genetics of sheep.* Eds.: Piper L.R. & Ruvinsky A. CAB International, S. 225–240

**HUNTER, N.; MOORE, L.; HOSIE, B.D.; DINGWALL, W.S.; GREIG, A. (1997):** Association between natural scrapie and PrP genotype in a flock of Suffolk sheep in Scotland. *Veterinary Record* 140, S. 59–63

**KAULFUB, K.H.; HOFFMAN, B. (2003):** Umdenken und nach dem eigenen Weg suchen. *Deutsche Schafzucht* 6, S. 22–24

**KONOLD, T.; DAVIS, A.; BONE, G.; BRACEGIRDLE, J.; EVERITT, S.; CHAPLIN, M.; SAUNDERS, G.C.; CAWTHRAW, S.; SIMMONS, M.M. (2007):** Clinical findings in two cases of atypical scrapie in sheep: a case report. *BMC Veterinary Research* 3, S. 2

**KÜNZI, N.; STRANZINGER, G. (1993):** Allgemeine Tierzucht. 1. Auflage. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart

**LAMBERSON, W.R.; DAVID, L.T.; KENNETH, E.R. (1982):** The effects of inbreeding in a flock of Hampshire sheep. *Journal of Animal Science* 55, S. 780–786

**LAMBERSON, W.R.; THOMAS, D.L. (1984):** Effects of inbreeding in sheep: A review. *Animal Breeding* 53, S. 287–297

**LAPLANCHE, J.L.; CHATELAIN, J.; WESTAWAY, D.; THOMAS, S.; DUSSAUCY, M.; BRUGERE-PICOUX, J.; LAUNY, J.M. (1993):** PrP Polymorphism associated with natural scrapie discovered by denaturing gel electrophoresis. *Genomics* 15, S. 30–37

**LE DUR, A.; BÉRINGUE, V.; ANDRÉOLETTI, O.; REINE, F.; LAN LAI, T.; BARON, T.; BRATBERG, B.; VILOTTE, J.-L.; SARRADIN, P.; BENESTAD, S.L.; LAUDE, H. (2005):** A newly identified type of scrapie agent can naturally infect sheep with resistant PrP genotypes. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 102, S. 16031–16036

**LIPSKY, S. (2006):** Beziehungen zwischen Prionprotein-Genotypen und Leistungsmerkmalen bei verschiedenen Schafrassen. Dissertation am Fachbereich Veterinärmedizin der Justus-Liebig-Universität Gießen. VVB Laufersweiler Verlag, Gießen

**LOTTNER, S. (2006):** Felduntersuchung zur Bekämpfung der Moderhinke bei Schafen mittels Vakzinen und genetischer Marker. Dissertation am Fachbereich Veterinärmedizin der Tierärztlichen Hochschule Hannover ([http://elib.tiho-hannover.de/dissertations/lottners\\_ss06.pdf](http://elib.tiho-hannover.de/dissertations/lottners_ss06.pdf))

**LÜHKEN, G.; BUSCHMANN, A.; GROSCHUP, M.-H.; ERHARDT, G. (2004):** Prion protein A136H154Q171 is associated with high susceptibility to scrapie in purebred and crossbred german merinoland sheep. Archive Virology 149, S. 1571–1580

**LÜHKEN, G.; BUSCHMANN, A.; GROSCHUP, M.H.; ERHARDT, G. (2005):** Klassische und atypische Erscheinungsformen von Scrapie – Genetische Grundlagen. DGFZ-Schriftenreihe 39, S. 17–24

**LÜHKEN, G.; BUSCHMANN, A.; BRANDT, H.; EIDEN, M.; GROSCHUP, M.-H.; ERHARDT, G. (2007):** Epidemiological and genetical differences between classical and atypical scrapie cases. Veterinary Research 38, S. 65–80

**MADEC, J.-Y.; SIMON, S.; LEZMI, S.; BENCSEK, A.; GRASSI, J.; BARON T. (2004):** Abnormal prion protein in genetically resistant sheep from a scrapie-infected flock. Journal of General Virology 85, S. 3483–3486

**MAIWASHE, A.N.; BLACKBURN, H.D. (2004):** Genetic diversity in and conservation strategy considerations for Navajo Churro sheep. Journal of Animal Science 82, S. 2900–2905

**MAY, G. (1868A):** Die Wollen, Racen, Züchtung, Ernährung und Benutzung des Schafes. Verlag von Eduard Trewendt, Breslau

**MAY, G. (1868b):** Das Schaf. Band 1. Verlag von Eduard Trewendt, Breslau

**MCGOWAN, J.P. (1922):** Scrapie in sheep. *Scottish Journal of Agriculture* (5), S. 365-375

**MENDEL, C. (2003):** Entwurf eines Zuchtprogramms auf TSE-Resistenz bei seltenen Schaf-rassen. Vortrag anlässlich des Workshops der DGfZ zur TSE-Resistenzzucht bei Schafen am 12.02.2003 in Hannover

**MENDEL, C. (2006):** persönliche Mitteilung

**MÖSTL, K.; MÖSTL, E. (1998):** Mögliche Ursachen der spongiformen Enzephalopathien. *In: BSE und andere spongiforme Enzephalopathien.* Hrsg.: Braun, U., Parey Verlag, Berlin und Wien. S. 13-23

**MÜLLER, U.; RIKABI, F. (2005):** Möglichkeiten der Nutzung der zentralen Datenbank bei Schafen und Ziegen (OviCap) zum Monitoring von tiergenetischen Ressourcen. *DGfZ-Schriftenreihe* 39, S. 106–112

**NICHOLAS, F.W. (1991):** Incorporation of new reproductive technology in genetic improvement programmes. *In: Evolution and Animal Breeding.* Eds.: Hill, W.G. & Mackay, T.F., C.A.B. International, S. 203–209

**NIEMANN, H.; FALGE, R. (1996):** Effizienz und Nutzung biotechnologischer Verfahren zur Erhaltung tiergenetischer Ressourcen. *In: Schriftenreihe des Informationszentrums für genetische Ressourcen (IGR),* Bonn, S. 37–47

**NITTER, G. (2003):** Züchtung. *In: Schafzucht.* Hrsg.: Strittmatter, K., Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart

**NORBERG, E.; SØRENSEN, A.C. (2007):** Inbreeding trend and inbreeding depression in the danish populations of Texel, Shropshire, and Oxford Down. *Journal of Animal Science* 85, S. 299–304

**ONNASCH, H.; GUNN, H. M.; BRADSHAW, B.J.; BENESTAD, S.L.; BASSET, H. F. (2004):** Two Irish cases of scrapie resembling Nor98. *The Veterinary Record* 155, S. 636–637.

**ORGE, L.; GALO, A.; MACHADO, C.; LIMA, C.; OCHOA, C.; SILVA, J.; RAMOS, M.; SIMAS, J.P. (2004):** Identification of putative atypical scrapie in sheep in Portugal. *Journal of General Virology* 85, S. 3487–3491

**PARRY, H. B. (1962):** Scrapie: a transmissible and hereditary disease of sheep. *Heredity* 17, S. 75–105

**PETER, C. (2006):** Molekulargenetische Charakterisierung von Schafrassen Europas und des Nahen Ostens auf der Basis von Mikrosatelliten. Dissertation am Fachbereich Veterinärmedizin der Justus-Liebig-Universität Gießen. VVB Laufersweiler Verlag, Wettenberg

**POSTLER, G.; BÜHLER, R. (2004):** Ökologischer Gesamtzuchtwert Schwäbisch-Hällisches Schwein. Abschlussbericht zum Forschungsprojekt ÖZW-SHS 02OE396. [http://orgprints.org/12923/01/12923-02OE396-besh-buehler-2004-gesamtzuchtwert\\_shs.pdf](http://orgprints.org/12923/01/12923-02OE396-besh-buehler-2004-gesamtzuchtwert_shs.pdf) (Stand: April 2009)

**PROKOPOVA, L.; LEWIS, R.M.; DINGWALL, W.S.; SIMM, G. (2002):** Scrapie-Genotype: A correlation with lean growth rate? *Proceedings of the 7<sup>th</sup> World Congress on Genetics applied to Livestock Production*. Montpellier, 19.–23. August, S. 779–782

**PRUSINER, S.B. (1982):** Novel proteinaceous infectious particles cause scrapie. *Science* 216, S. 136–144

**SAMBRAUS, H.-H. (1994):** Bentheimer Landschaf. *In: Gefährdete Nutztierassen: Ihre Zuchtgeschichte, Nutzung und Bewahrung*. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart, S. 283–286

**SAMBRAUS, H.-H. (2001):** Bentheimer Landschaf. *In: Farbatlas der Nutztierassen*. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart, S. 121

**SAVAS, T.; RÖHE, R.; KALM, E. (2001):** Genetisch-Statistische Analyse der Mastleistungs- und Schlachtkörperwertmerkmale von Fleischschafrassen aus der Feldprüfung von Schleswig-Holstein. *Züchtungskunde* 73, S. 62–73

**SAVE-FOUNDATION, (2008):** SAVE e-News 2/2008. [www.save-foundation.net](http://www.save-foundation.net) (Stand: April 2009)

**SCHARNHÖLZ, R. (1987):** Das Bentheimer Landschaf. Deutsche Schafzucht 9, S. 184–186

**SCHMIDT, T.A. (1990A):** Analyse der westfälischen Rotbuntzucht bezüglich Inzucht, Verwandtschaft, Fremdgenanteil, Generationsintervall und Zuchtfortschritt. Dissertation am Institut für Tierwissenschaften. Landwirtschaftliche Fakultät der Universität Bonn

**SCHMIDT, T.A. (1990B):** Schätzung von Inzuchtkoeffizienten unter Verwendung unvollständiger Pedigrees. 41. EAAP-Tagung vom 9.-12. Juli in Toulouse

**SCHMIDT, T.A. (1991):** Methodische Betrachtung zu Inzuchtberechnungen, dargestellt am Beispiel der westfälischen Rotbuntzucht. Tagung des Ausschuss für genetisch-statistische Methoden in der Tierzucht, 25.–27. Februar, Rostock

**SCHMIDT, T.A.; EHLING, C.; HENNING, M.; RATH, D. (2005):** Aufbau und Stand der deutschen Kryoreserve beim Schaf. DGfZ-Schriftenreihe 39, S. 97–105

**SCHMIDT, T.A.; HEIMENDAHL, A. v. (2002):** persönliche Mitteilung, zitiert aus WOKAC ET AL. (2003)

**SCHMIDT, T.A.; WREDE, J. (2007):** OPTI-MATE Version 3.87. Programmbeschreibung

**SCHREUDER, B.E.C.; KEULEN, L.J.M VAN; VROMANS, M.E.W.; LANGEVELD, J.P.M.; SMITS, M.A. (1998):** Tonsillar biopsy and PrP<sup>Sc</sup> detection in the preclinical diagnosis of scrapie. Veterinary Research. 142, S. 564–568

**SCHUSTER, C. (1992):** Populationsanalyse und Zuchtwertschätzung beim Reinzucht Shagya-Araber. Giessener Schriftenreihe Tierzucht und Haustiergenetik, Band 56

**SIMIANER, H.; KÖNIG, S. (2003):** Ist Inzucht ein Problem in der deutschen Holsteinzucht? Milchrind 3, S. 40–43

**SIMMONS, M.M.; KONOLD, T.; SIMMONS, H.A.; SPENCER; Y.I.; LOCKEY, R.; SPIROPOULOS, J.; EVERITT, S.; CLIFFORD, D. (2007):** Experimental Transmission of atypical Scrapie to sheep. Veterinary Research 3, S. 20–27

**STIER, C.-H.; VON KORN, St.; PETERS, K. J. (1988A):** Fleischleistungsprüfungen in der Schafzucht. 1. Mitteilung: Der Einfluss systematischer Faktoren im Feld. Züchtungskunde 60, S. 62–71

**STIER, C.-H.; KORN, ST. VON; PETERS, K. J. (1988B):** Fleischleistungsprüfungen in der Schafzucht. 3. Mitteilung: Genetische Fundierung der im Feld und auf Station erfassten Mastleistungskriterien sowie Ansätze zur Optimierung der niedersächsischen Fleischleistungsprüfungen beim Schaf. *Züchtungskunde* 60, S. 123–134

**STIER, K. (2008):** persönliche Mitteilung

**TABERLET, P.; VALENTINI, A.; REZAI, H.R.; NADERI, S.; POMPANON, F.; NEGRINI, R.; AJMONE-MARSAN, P. (2008):** Are cattle, sheep, and goats endangered species? *Molecular Ecology* 17, S. 275–284

**THURING, C.M.A. (2002):** Pre-clinical detection of PrP<sup>Sc</sup> in sheep towards a discrimination test for scrapie and BSE in sheep. PhD thesis. Faculty of Veterinary Medicine. University College Dublin, Ireland and Central Institute for Animal Disease Control. Lelystad, Netherlands

**VAN KEULEN, L.J.M.; SCHREUDER, B.E.C.; MELOEN, R.H.; MOOIJ-HARKES, G.; VROMANS, M.E.W.; LANGEVELD, J.P.M. (1996):** Immunohistochemical detection of prion protein in lymphoid tissues of sheep with natural scrapie. *Journal of Clinical Microbiology* 34, S. 1228–1231

**VAN KEULEN, L.J.M.; SCHREUDER, B.E.C.; VROMANS, M.E.W.; LANGEVELD, J.P.M.; SMITS, M.A. (2000):** Pathogenesis of natural Scrapie in sheep. *In: Prion Diseases – Diagnosis and Pathogenesis.* Hrsg.: Groschup, M.H. & Kretzschmar H.A., H.A., Springer Life Sciences. Springer Verlag, Wien, New York, S. 57–71

**VDL (2007):** persönliche Mitteilung

**VDL (2008):** Schafhaltung in der Bundesrepublik Deutschland. Fakten, Zahlen und agrarpolitische Entscheidungen zur Schafhaltung in Deutschland. Berlin

**VIT (2008):** <http://www.vit.de/index.php?id=ovicap0> (Stand: 31.12.2008)

**WAGNER, H. (2003):** Genetische Charakterisierung des Bentheimer Landschafts. Diplomarbeit im Fach Tierzucht am Fachbereich Agrarwissenschaft der Justus-Liebig-Universität Gießen

**WAGNER, H.; PETER, C.; BRANDT, H.; ERHARDT, G. (2005):** Genetische Diversitätsbestimmung beim Bentheimer Landschaf mittels Mikrosatelliten als Basis für züchterische Entscheidungen. *Züchtungskunde* 77, S. 291–302

**WANKE, D.; BIEDERMANN, G. (2005):** Noch Platz für Nischen? Bedeutung und Potential alter und gefährdeter Rinderrassen im ökologischen Landbau. *In: Ende der Nische.* Hrsg.: Heß, J. & Rahmann, G., Beiträge zur 8. Wissenschaftstagung Ökologischer Landbau, Kassel, S.391–394

**WABMUTH, R.; BRANDT, H. (2005A):** Der Einfluss des Genotyps auf die Auktionspreise. *Deutsche Schafzucht* 16, S. 7–8

**WABMUTH, R.; BRANDT, H. (2005B):** Auktionen: Was sich in Heller und Pfennig auszahlt. *Deutsche Schafzucht* 17, S. 4–5

**WABMUTH, R.; BRANDT, H. (2005C):** Das Prämierungsergebnis ist wichtiger als der Genotyp. *Deutsche Schafzucht* 18, S. 19–21

**WIEGEL, K. A. (2001):** Controlling inbreeding in modern breeding programs. *Journal of Dairy Science* 84, Suppl. E, S. 177–184

**WIENER, G.; LEE, G.J.; WOOLLIAMS, J.A. (1992):** Effects of rapid inbreeding and crossing of inbred lines on conception rate, prolificacy and ewe survival in sheep. *Animal Production* 55, S. 115–121

**WINDIG, J.J.; EDING, H.; MOLL, L.; KAAL, L. (2004):** Effects on inbreeding of different strategies aimed at eliminating scrapie sensitivity alleles in rare sheep breeds in the Netherlands. *Animal Science* 79, S. 11–20

**WINKELMANN, J. (1995):** Schaf- und Ziegenkrankheiten. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart

**WOKAC, R.M. (2002):** 40 Jahre Tauernschecken – ein Inzuchtproblem? 1. Fachtagung für Ziegenzüchter und -halter, 12.-13. November 2002. Bundesanstalt für alpenländische Landwirtschaft Gumpenstein, Irnding

**WOKAC, R.M. (2003):** Bedeutung der Inzucht bei Tauernschecken-Ziegen? *Archiv für Tierzucht* 46, S. 455–469

**WRIGHT, S. (1921):** Systems of mating. Genetics 6, S. 111–161

**WRIGHT, S. (1923):** The Theory of Path Coefficients a Reply to Niles's Criticism. Genetics 8, S. 239–255

**ZENTRALE DOKUMENTATION FÜR TIERGENETISCHE RESSOURCEN:** <http://www.genres.de/tgrdeu/> (Stand: April 2009)

## **Rechtsvorschriften**

### **EU-Verordnungen und -Entscheidungen**

**VERORDNUNG (EG) 999/2001** mit Vorschriften zur Verhütung, Kontrolle und Tilgung bestimmter transmissibler spongiformer Enzephalopathien (ABl. L Nr. 147 vom 31.5.2001, S. 1)

**VERORDNUNG (EG) Nr. 260/2003** der Kommission vom 12. Februar 2003 zur Änderung der Verordnung (EG) Nr. 999/2001 des Europäischen Parlaments und des Rates hinsichtlich der Tilgung vontransmissiblen spongiformen Enzephalopathien bei Schafen und Ziegen und der Regeln für den Handel mit lebenden Schafen und Ziegen sowie mit Rinderembryonen (ABl. L Nr. 37 vom 13.02.2003, S. 7)

**VERORDNUNG (EG) Nr. 1492/2004** der Kommission vom 23. August 2004 zur Änderung der Verordnung (EG) Nr. 999/2001 des Europäischen Parlaments und des Rates hinsichtlich der Maßnahmen zur Tilgung transmissibler spongiformer Enzephalopathien bei Rindern, Schafen und Ziegen, hinsichtlich des Handels mit und der Einfuhr von Samen und Embryonen von Schafen und Ziegen sowie hinsichtlich des spezifizierten Risikomaterials (ABl. L Nr. 274 vom 24.8.2004, S. 3)

**VERORDNUNG (EG) Nr. 1698/2005** des Rates vom 20. September 2005 über die Förderung der Entwicklung des ländlichen Raums durch den Europäischen Landwirtschaftsfonds für die Entwicklung des ländlichen Raums (**ELER-Verordnung**) (ABl. L 277 vom 21.10.2005, S. 1–40)

**VERORDNUNG (EG) Nr. 727/2007** zur Änderung der Anhänge I, III, VII und X der Verordnung (EG) Nr. 999/2001 mit Vorschriften zur Verhütung, Kontrolle und Tilgung

bestimmter transmissibler spongiformer Enzephalopathien vom 26. Juni 2007 (ABl. L 165 vom 27.6.2007, S. 8)

**ENTSCHEIDUNG 2002/1003/EG** der Kommission vom 18. Dezember 2002 zur Festlegung von Mindestanforderungen an eine Erhebung der Prionprotein-Genotypen von Schafressen (ABl. L 349 vom 18.12.2002, S. 105]

**ENTSCHEIDUNG 2003/100/EG** der Kommission vom 13. Februar 2003 zur Festlegung von Mindestanforderungen an die Aufstellung von Programmen zur Züchtung von Schafen auf Resistenz gegen übertragbare spongiforme Enzephalopathien (ABl. L 41 vom 14.2.2003, S. 41)

### **Nationale Gesetze und Verordnungen**

**TIERZUCHTGESETZ** vom 21. Dezember 2006 (BGBl. I S. 3294), geändert durch die Verordnung vom 20. August 2008 (BGBl. I, S. 1749)

Verordnung zur Festlegung der Mindestanforderungen an die Züchtung auf Resistenz gegen transmissible spongiforme Enzephalopathien bei Schafen (**TSE-RESISTENZZUCHTVERORDNUNG**) vom 17. Oktober 2005 (BGBl. I, Nr. 66, S.3028 vom 26. Oktober 2005, zuletzt geändert durch die neunte Zuständigkeitsanpassungsverordnung vom 31. Oktober 2006 durch Bundesgesetzblatt Jahrgang 2006 Teil I Nr. 50, S. 2407, Art. 415 vom 07. November 2006)

Verordnung zum Schutz gegen die Verschleppung von Tierseuchen im Viehverkehr (**VIEHVERKEHRSVERORDNUNG**) vom 6. Juli 2007 (BGBl. I S. 1274 (1967)), geändert durch Artikel 3 der Verordnung vom 25. April 2008 (BGBl. I S. 764)

## 9 Anhang

**Anhang Tabelle A:** Herkunft der Bocklinien innerhalb der Bentheimer Landschaft Zucht.

Name	Herkunft	Abkürzung im Herdbuch
Didier	Frankreich	D
Franz	Frankreich	F
Holder	Holland	H
Holzer	Holland	I
Oranier	Holland	O
Polo	Deutschland	L
Pole	Deutschland	P
Richard	Deutschland	R
Lewein	Deutschland	S

**Anhang Tabelle B:** Ziele des Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung tiergenetischer Ressourcen.

Ziel	Beschreibung des Ziels
1	Die Vielfalt der tiergenetischen Ressourcen langfristig in wissenschaftlich abgesicherten und kosteneffizienten Programmen <i>in situ</i> und <i>ex situ</i> zu erhalten
2	Die tiergenetischen Ressourcen durch geeignete Maßnahmen, u.a. durch Beschreibung, Evaluierung, Dokumentation und Zuchtversuche verstärkt für nachhaltige Tierproduktionssysteme attraktiv zu machen
3	Einen Beitrag zur Erhaltung und Nutzung landwirtschaftliche geprägter Grünlandökosysteme zu leisten und den Einsatz tiergenetischer Ressourcen in Natur- und Landschaftsschutzgebieten zu fördern
4	Alle Aktivitäten zur Erhaltung tiergenetischer Ressourcen zu unterstützen und ein transparentes System von Zuständigkeiten und Verantwortlichkeiten zwischen Bund, Ländern sowie nicht staatlichen Organisationen und privaten Sponsoren aufzubauen
5	Zusammenarbeit auf nationaler, europäischer und internationaler Ebene zu fördern und daraus resultierende Synergien zu nutzen

## 10 Danksagung

Zunächst möchte ich mich bei der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) in Bonn bedanken, die durch ihre finanzielle Förderung im Rahmen des Modell- und Demonstrationsvorhabens die Durchführung dieses Projektes erst ermöglichte.

Ohne einen Betreuer ist solch eine Arbeit nicht durchführbar. Ich danke zutiefst Herrn Professor Dr. Horst Brandt, als meinem Doktorvater, für die in jeder Hinsicht hervorragende Betreuung dieser Arbeit. Ich danke ihm für die unzähligen Stunden, die er mir geschenkt hat, während wir über die Herdbuchdaten philosophiert oder den Erhalt gefährdeter Schafrassen diskutiert haben. Durch seine offene und unkomplizierte Art an Probleme heranzugehen, hat er mir gezeigt, dass auch die aussichtslosen Situationen beherrschbar sind und der Spaß an der wissenschaftlichen Tätigkeit nicht verloren gehen sollte. Solch einen Betreuer wie ich ihn hatte, wünschen sich viele Doktoranden, doch den wenigsten ist solch ein Glück vergönnt!

Ich danke weiterhin allen Zuchtleitern der beteiligten Schafzuchtverbände, ohne deren tatkräftige Unterstützung diese Arbeit wohl nie hätte angefertigt werden können. Ebenfalls möchte ich auch allen Züchtern der Bentheimer Landschaft danken. Durch unzählige Diskussionen mit Ihnen konnte ich viel über die einzelnen Blutlinien lernen und dass die Zuchtgeschichte höchst interessant verlief.

Der Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen (GEH) e.V. danke ich für die Projektbeteiligung und finanzielle Unterstützung! Stellvertretend sei hierfür Frau Antje Feldmann gedankt, die mich immer mit Rat und Tat unterstützt hat.

Der größte Dank geht an meine Eltern. Ohne ihre stets bedingungslose Unterstützung und den Rückhalt bei allen Entscheidungen die ich getroffen habe, wäre ich wohl nie soweit gekommen! Ich danke Euch von ganzem Herzen für alles, was ihr je für mich gemacht habt und immer noch tut. Nur Euch hab ich es zu verdanken, dass ich meinen Traum leben darf!

*DANKE!*

Meiner Lebensgefährtin Andrea danke ich – wohl wissend um meine Schandtaten - für Ihre Geduld, die sie während der Durchführung der Arbeit und den unzähligen Stunden meiner Abwesenheit hatte. Danke dass Du da bist, ab jetzt gehöre ich wieder ganz Dir!

Dr. Markus Kräling, Dr. Jörg Simon, Hendrik Sommer und last but not least Andreas „fRed“ Feuerstein danke ich für die tolle gemeinsame Zeit in der Universitätsstadt und deren Umgebung.

---

## **Selbstständigkeitserklärung**

Ich erkläre:

Ich habe die vorgelegte Dissertation selbständig und ohne unerlaubte fremde Hilfe und nur mit den Hilfen angefertigt, die ich in der Dissertation angegeben habe. Alle Textstellen, die wörtlich oder sinngemäß aus veröffentlichten Schriften entnommen sind, und alle Angaben, die auf mündlichen Auskünften beruhen, sind als solche kenntlich gemacht. Bei den von mir durchgeführten und in der Dissertation erwähnten Untersuchungen habe ich die Grundsätze guter wissenschaftlicher Praxis, wie sie in der „Satzung der Justus-Liebig-Universität Gießen zur Sicherung guter wissenschaftlicher Praxis“ niedergelegt sind, eingehalten.

Gießen, den 22.05.2009

---

Henrik Werner Wagner





ISBN 978-3-941703-43-8



Verlag: Deutsche Veterinärmedizinische Gesellschaft Service GmbH  
35392 Gießen · Friedrichstraße 17 · Tel. 0641 / 24466 · Fax: 0641 / 25375  
e-mail: [info@dvgnet.de](mailto:info@dvgnet.de) · Homepage: <http://www.dvgnet.de>