

Genetische Charakterisierung der gefährdeten Schafrasse
Rouge du Roussillon und
Erstellung eines Erhaltungszuchtprogramms

INAUGURAL-DISSERTATION
zur Erlangung des Grades eines Dr. med. vet.
beim Fachbereich Veterinärmedizin
der Justus-Liebig-Universität Gießen

Karen Hils

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 2011

© 2011 by Verlag: **Deutsche Veterinärmedizinische Gesellschaft Service GmbH**,
Gießen
Printed in Germany

ISBN 978-3-86345-052-6

Verlag: DVG Service GmbH
Friedrichstraße 17
35392 Gießen
0641/24466
geschaeftsstelle@dvgn.net
www.dvgn.net

Aus dem Institut für Tierzucht und Haustiergenetik
der Justus-Liebig-Universität Gießen

Betreuer: Prof. Dr. G. Erhardt

Genetische Charakterisierung der gefährdeten Schafrasse Rouge du Roussillon und Erstellung eines Erhaltungszuchtprogramms

INAUGURAL-DISSERTATION

zur Erlangung des Grades eines Dr. med. vet.
beim Fachbereich Veterinärmedizin
der Justus-Liebig-Universität Gießen

Eingereicht von

Karen Hils

Tierärztin aus Berlin

Gießen, 2011

Mit Genehmigung des Fachbereichs Veterinärmedizin
der Justus-Liebig-Universität Gießen

Dekan: Prof. Dr. M. Kramer

Gutachter: Prof. Dr. G. Erhardt
Prof. Dr. A. Wehrend

Tag der Disputation: 13.07.2011

	Seite
ABBILDUNGSVERZEICHNIS	III
TABELLENVERZEICHNIS	IV
ABKÜRZUNGSVERZEICHNIS	VI
1. EINLEITUNG	1
2. LITERATURÜBERSICHT	2
2.1. Gefährdete Haustierrassen	2
2.1.1. Gefährdete Schafrassen	4
2.1.2. Gründe für die Erhaltung von Rassen	4
2.1.3. Strategien zur Erhaltung von Rassen	5
2.1.4. Auswahl von Rassen zur Erhaltung	6
2.2. Erhaltungszuchtprogramme	8
2.3. Das Rouge du Roussillon-Schaf	9
2.4. Referenzrassen	12
2.4.1. Coburger Fuchsschaf (CF)	12
2.4.2. Mourerous (MOU)	12
2.4.3. Lacaune viande (LV)	12
2.5. Mikrosatelliten	13
2.5.1. Anwendungsgebiete	13
2.5.2. Mutationsmodelle	14
2.5.3. Nachteile von Mikrosatelliten	15
2.5.3.1. Nullallele	15
2.5.3.2. Ascertainment bias	16
2.6. Untersuchungen zur genetischen Diversität bei Schafen	16
2.7. Einflussfaktoren auf die genetische Variation	17
2.8. Genetische Distanzen	18
2.9. Wrights F-Statistik	19
2.10. Zuordnung von Individuen zu ihrer Ursprungspopulation	21
3. MATERIAL UND METHODEN	22
3.1. Probenmaterial	22
3.1.1. Tiermaterial	22
3.1.2. Standardproben	23
3.2. Verbrauchsmaterialien	23
3.2.1. Chemikalien, Puffer und Reaktionskits	23
3.2.2. Enzyme	24
3.2.3. Oligonukleotide	24
3.2.4. Längenstandards	24
3.2.5. Plastikwaren, Filter, Tücher	24
3.3. Geräte und Zubehör	25
3.4. Computerprogramme	26
3.5. Molekularbiologische Methoden	26
3.5.1. Gewinnung von Buffy Coat aus Vollblut	26
3.5.2. Isolation von DNA aus Buffy Coat	26
3.5.3. Bestimmung der DNA-Konzentration	26
3.5.4. Polymerasekettenreaktion	26
3.5.4.1. Mikrosatellitenmarker	26
3.5.4.2. PCR-Bedingungen	27
3.5.5. Überprüfung des PCR-Erfolges durch Agarosegelelektrophorese	29
3.5.6. Denaturierende Polyacrylamidgelelektrophorese am DNA- Sequencer	29
3.6. Statistische Methoden	30
3.6.1. Deskriptive Statistik	30

		Seite
3.6.2.	Diversitätsanalysen	31
3.6.3.	Analyse von Populationsstrukturen	31
4.	ERGEBNISSE	35
4.1.	Phänotypische Daten	35
4.2.	Pedigreedaten	36
4.2.1.	Zuchtplanung	37
4.3.	Genetische Daten	38
4.3.1.	Mikrosatelliten	38
4.3.1.1.	Allelzahl und PIC-Werte	38
4.3.1.2.	Private (rassespezifische) Allele	39
4.3.1.3.	Hardy-Weinberg-Gleichgewicht	40
4.3.2.	Genetische Variabilität innerhalb der Populationen	41
4.3.2.1.	F-Statistik	41
4.3.3.	Genetische Differenzierung zwischen den Populationen	42
4.3.3.1.	Genetische Distanzen zwischen den Populationen	43
4.3.4.	Einordnung der Rassen in den europäischen Kontext	43
4.3.4.1.	Hauptkomponentenanalyse	44
4.3.4.2.	Neighbour-Joining- Bäume	45
4.3.4.3.	Bayesian Model-based Clustering Analyse	48
4.3.5.	Zuordnung von Individuen zu ihrer Ursprungspopulation	52
5.	DISKUSSION	54
5.1.	Eignung der Mikrosatelliten	54
5.1.1.	Abweichungen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht	55
5.1.2.	Private (rassespezifische) Allele	55
5.2.	Diversität innerhalb der Populationen	56
5.3.	Genetische Distanzen zwischen den Populationen	57
5.3.1.	F-Statistik	58
5.4.	Einordnung der Rassen in den europäischen Kontext	58
5.4.1.	Hauptkomponentenanalyse	58
5.4.2.	Phylogenetische Bäume	59
5.5.	Zuordnung von Individuen zu ihren Ursprungspopulationen	60
5.6.	Deutsche Population des Rouge du Roussillon-Schafes	61
5.7.	Alter französischer Typ des Rouge du Roussillon-Schafes	61
5.8.	Neuer französischer Typ des Rouge du Roussillon-Schafes	62
5.9.	Beziehung zwischen dem alten französischen und dem deutschen Typ der Rouge du Roussillon-Schafe	63
5.10.	Vollständigkeit der Pedigreedaten und Inzuchtkoeffizient	64
5.11.	Zuchtplanung	64
5.12.	Situation der Rasse in Deutschland und Frankreich	66
5.13.	Tierseuchensituation in der deutschen Population	68
5.14.	Ausblick für die Rasse	69
6.	ZUSAMMENFASSUNG	70
7.	SUMMARY	72
8.	LITERATURVERZEICHNIS	74
9.	ANHANG	87

ABBILDUNGSVERZEICHNIS

Abbildung	Seite
Abbildung 1: Zuchtbock der deutschen Population des Rouge du Roussillon-Schafes	11
Abbildung 2: Mutterschafe des alten französischen Typs des Rouge du Roussillon-Schafes	11
Abbildung 3: Mutterschafe des neuen französischen Typs des Rouge du Roussillon-Schafes	11
Abbildung 4: DNA-Slippage während der Replikation nach Ellegren (2004)	14
Abbildung 5: Streudiagramm der ersten beiden Hauptkomponenten der Allelfrequenzen von 11 Mikrosatellitenmarkern	44
Abbildung 6: Ungewurzelter Neighbor-Joining-Baum der untersuchten Populationen rekonstruiert mit Reynolds genetischer Distanz D_{REY} (1983) auf der Basis von 15 Mikrosatelliten	46
Abbildung 7: Gemeinsamer ungewurzelter Neighbor-Joining-Baum der untersuchten Populationen und der im ECONOGENE-Projekt untersuchten Populationen rekonstruiert mit Reynolds genetischer Distanz D_{REY} (1983) auf der Basis von 11 Mikrosatelliten	47
Abbildung 8: Barplot der untersuchten Populationen bei Annahme von $k=2$ Populationen	48
Abbildung 9: Geographische Verteilung der Rassen bei $k=2$ Clustern	50
Abbildung 10: Graphische Darstellung der jeweiligen Subpopulationsanteile bei Annahme von $k=6$ Subpopulationen am Beispiel eines Laufes	51
ANHANG:	
Abbildung A: Graphische Darstellung der jeweiligen Subpopulationsanteile bei Annahme von $k=3$ Subpopulationen am Beispiel eines Laufes	95
Abbildung B: Graphische Darstellung der jeweiligen Subpopulationsanteile bei Annahme von $k=4$ Subpopulationen am Beispiel eines Laufes	96
Abbildung C: Graphische Darstellung der jeweiligen Subpopulationsanteile bei Annahme von $k=5$ Subpopulationen am Beispiel eines Laufes	97

TABELLENVERZEICHNIS

Tabelle	Seite
Tabelle 1: Bedrohungsstatus - Klassifizierung für bedrohte Haustierrassen nach FAO (2007)	2
Tabelle 2: Untersuchte Populationen und im Folgenden verwendete Abkürzungen	22
Tabelle 3: Verwendete Mikrosatelliten mit Kartierung (OAR), Allelzahl und Allellängen (bp) nach Peter (2005)	27
Tabelle 4: Reaktionsbedingungen der Einzelreaktionen	28
Tabelle 5: Reaktionsbedingungen der Duplexreaktionen	28
Tabelle 6: Reaktionsbedingungen der Multiplexreaktion	29
Tabelle 7: Schafrassen des ECONOGENE-Projektes mit Abkürzungen, Anzahl untersuchter Proben (N) und Herkunftsland nach Peter (2005)	32
Tabelle 8: LSQ-Mittelwerte für Widerristhöhe nach Population	35
Tabelle 9: LSQ-Mittelwerte für Gewicht nach Population	35
Tabelle 10: Inzuchtkoeffizient und Vollständigkeitsindex nach Schmidt (2002) für die deutsche Population des Rouge du Roussillon-Schafes bei Betrachtung aller Tiere (N=152)	36
Tabelle 11: Inzuchtkoeffizient und Vollständigkeitsindex nach Schmidt (2002) für die deutsche Population des Rouge du Roussillon-Schafes bei separater Betrachtung der Tiere bei denen mehr als 50% der Abstammungsdaten bekannt sind (N=60)	37
Tabelle 12: Durchschnittliche Inzucht der Nachkommen und Vollständigkeitsindex für die Anpaarung verschiedener Böcke mit den weiblichen Tiere der Herde von Züchterin S. Pfennig am Beispiel von 10 Böcken bei Berücksichtigung von 5 Ahnengenerationen	38
Tabelle 13: Beobachtete Allelzahl und Mittelwerte der einzelnen Populationen, Gesamtzahl der Allele über alle Populationen	39
Tabelle 14: PIC-Werte der Mikrosatellitenmarker	39
Tabelle 15: Wahrscheinlichkeiten des Vorliegens des Hardy-Weinberg-Gleichgewichts in den einzelnen Populationen untersucht mit dem Chi ² - und dem Likelihood-Ratio-Test (LR) nach Yeh et al. (1997). Wahrscheinlichkeiten unter p=0,05 sind kursiv dargestellt	40
Tabelle 16: Beobachtete (H _O) und erwartete (H _E) Heterozygotie und Anzahl privater Allele (N _{privat}) je Population	41
Tabelle 17: F _{IT} , F _{ST} und F _{IS} nach Weir und Cockerham (1984) je Locus über alle Populationen gemittelt	42
Tabelle 18: Genetische Diversitätsparameter H _O , H _S , D _{ST} , H _T und G _{ST} nach Nei (1973) je Locus über alle Populationen gemittelt	42
Tabelle 19: Nei's „ <i>unbiased measure</i> “ für genetische Identität (<i>I</i>) (oberhalb der Diagonale) und genetische Distanz (D _A) (unterhalb der Diagonale)(Nei, 1972)	43
Tabelle 20: Genetische Distanzen nach Reynolds (D _{REY}) (1983) (oberhalb der Diagonale) und Cavalli-Sforza (D _C) (1967) (unterhalb der Diagonale)	43
Tabelle 21: Zuordnung von 10.000 simulierten Individuen zu ihrer Ursprungspopulation nach verschiedenen Methoden: genetische Distanzen (D _A , D _S , D _C), Allelfrequenzen nach Paetkau et al. (1995) und Bayes Theorem nach Rannala und Mountain (1997)	52

Tabelle	Seite
Tabelle 22: Direkte Zuordnung der untersuchten Individuen zu ihrer Ursprungspopulation nach verschiedenen Methoden: genetische Distanzen (D_A , D_S , D_C), Allelfrequenzen nach Paetkau et al. (1995) und Bayes Theorem nach Rannala und Mountain (1997)	53
ANHANG:	
Tabelle A: Darstellung der beprobten Herden der einzelnen Populationen	87
Tabelle B: Im Rahmen dieser Arbeit typisierte Allele mit Allelfrequenzen je Mikrosatellitenmarker in den untersuchten Populationen	88

ABKÜRZUNGSVERZEICHNIS

Abb.: Abbildung
AR: durchschnittlicher Verwandtschaftskoeffizient
bp: Basenpaare
°C: Grad Celsius
ca.: circa
cm: Zentimeter
Cy5: Indodicarbocyanin
CF: Coburger Fuchsschaf
D_A: Genetische Distanz nach Nei (1983)
D_C: Genetische Distanz nach Cavalli-Sforza (1967)
d. h.: das heißt
DMSO: Dimethylsulfoxid
DNA: Desoxyribonukleinsäure
DREY: Genetische Distanz nach Reynolds (1983)
D_S: Nei's Standard Distanz (1972)
D_{ST}: Anteil an Diversität zwischen den Rassen
EDTA: Ethylendiaminetetraessigsäure
EG: Elterngeneration
F: Inzuchtkoeffizient
ΔF: Inzuchtzuwachs
FAO: Food and Agriculture Organisation der Vereinten Nationen
FCS: Fetales Kälberserum
FIS: Heterozygoten-Defizit innerhalb von Populationen
F_{IT}: gesamtes Heterozygoten-Defizit aller untersuchten Populationen
F_{ST}: Heterozygoten-Defizit zwischen Populationen
g: Gramm
GEH: Gesellschaft zur Erhaltung alter und bedrohter Haustierrassen e.V.
ggr.: geringgradig
G_{ST}: Gendifferenzierungskoeffizient nach Nei (1973)
h: Stunde
H_e: erwartete Heterozygotie
H_o: beobachtete Heterozygotie
H₂O: Wasser
H_S: Anteil Diversität innerhalb der Rassen
H_T: erwartete Heterozygotie einer Population
k: Anzahl angenommener Subpopulationen
kg: Kilogramm
Lab.-Nr.: Labornummer
LV: Lacaune viande
m: männlich
mg: Milligramm
MgCl₂: Magnesiumchlorid
min: Minute
ml: Milliliter
mM: millimolar
mm: Millimeter
MOU: Mourerous
μl: Mikroliter
N: Anzahl der Individuen

N_e : effektive Populationsgröße
 N_f : Anzahl paarungsfähiger weiblicher Tiere
 N_m : Anzahl paarungsfähiger männlicher Tiere
 N_{privat} : Anzahl privater Allele
OAR: ovines Chromosom
PAA: Polyacrylamid
PCR: Polymerasekettenreaktion
PIC: Polymorphism Information Content
RdR-AF: Rouge du Roussillon- alter französischer Typ
RdR-D: Rouge du Roussillon- deutscher Typ
RdR-AN: Rouge du Roussillon- neuer französischer Typ
rpm: Umdrehungen pro Minute
s: Sekunde
Std.abweichung: Standardabweichung
Tab.: Tabelle
Taq: *Thermus aquaticus*
u. ä: und ähnliches
u. a.: unter Anderem
v/v: Volumenprozent
w: weiblich
w/v: Gewichtsprozent
z. B.: zum Beispiel

EINLEITUNG

Das Jahr 2010 wurde von den Vereinten Nationen zum „Internationalen Jahr der Biodiversität“ ausgerufen. In vielfältigen Aktionen sollte auf das Problem des Arten- und Rassesterbens hingewiesen werden.

Wenn von Biodiversität, Artenschutz und bedrohten Tierarten die Rede ist, denken die meisten Menschen ausschließlich an Wildtiere. Dass jedoch auch unsere alten Haustierrassen in vielen Fällen vom Aussterben bedroht sind, überrascht viele.

Aufgrund des sich wandelnden Klimas und der dadurch veränderten Produktionsbedingungen für tierische Erzeugnisse ist es wichtig, im Bereich der Nutztiere eine große genetische Vielfalt zu erhalten, um in der Lage zu sein, auf diese Veränderungen zu reagieren. Dieses evolutionäre Potential besitzen viele alte Haustierrassen. Sie konnten sich über Jahrhunderte an ihre speziellen Lebensräume anpassen und wurden erst seit Mitte des letzten Jahrhunderts durch die Prozesse der Industrialisierung und Einführung intensiver Tierproduktionssysteme immer mehr verdrängt. Heute befinden sich viele dieser Rassen - aufgrund geringer Populationsgrößen - in einer bedrohten Situation. Durch den Verlust zahlreicher alter Rassen in der jüngeren Vergangenheit wird der Erhalt der verbleibenden tiergenetischen Ressourcen immer wichtiger und auch das Bewusstsein für diese Werte wächst.

Die vorliegende Arbeit beschäftigt sich mit einer dieser Rassen- dem Rouge du Roussillon-Schaf. Die ursprünglich französische Rasse wird seit 1981 auch in Deutschland gehalten. Durch das Engagement deutscher Artenschützer und Tierzüchter gelangte damals eine kleine Zuchtgruppe einer der letzten Herden der Rasse in den Tiergarten Nürnberg. Seitdem wurden die verschiedenen Gruppen völlig separat voneinander über 30 Jahre hinweg gezüchtet. In Frankreich kam es zudem zu einer weiteren Aufteilung der verbliebenen Tiere in zwei Zuchtrichtungen. Die genetischen Auswirkungen dieser besonderen Situation und der verschiedenen Zuchtentscheidungen für die separaten Tiergruppen machen diese Rasse zu einem interessanten Forschungsobjekt.

In dieser Arbeit soll die Rasse aufgrund phänotypischer und genotypischer Merkmale charakterisiert und von Referenzrassen abgegrenzt werden. Mit den gewonnenen Daten sollen Zuchtpläne für eine Erhaltungszucht erstellt werden, um die Erhaltung dieser Rasse langfristig zu ermöglichen.

2. LITERATURÜBERSICHT

2.1. Gefährdete Haustierrassen

Laut Angaben der FAO (2007) gab es 2007 weltweit 7616 Haustierrassen. Davon waren 20% (1491 Rassen) in ihrer Existenz gefährdet.

Als gefährdet werden Rassen eingestuft, wenn sie den Kategorien „kritisch“ oder „bedroht“ beziehungsweise den Unterkategorien „kritisch- Erhaltungsmaßnahme in Umsetzung“ oder „bedroht - Erhaltungsmaßnahme in Umsetzung“ zugeordnet werden können. Die Kriterien, die zu dieser Klassifikation führen, sind in Tabelle 1 aufgeführt.

Es ist zwar ein normaler biologischer Prozess, dass genetische Ressourcen sich innerhalb von Ökosystemen kontinuierlich verändern, der Einfluss von menschlichen Aktionen hat das Tempo dieser Veränderungen im vergangenen Jahrhundert jedoch enorm erhöht (Scherf et al., 2005).

Die Ursachen für die Gefährdung von Haustierrassen sind vielfältig. Die wichtigste Bedrohung besteht darin, dass traditionelle Produktionssysteme und damit einhergehend lokale Rassen in den letzten Jahrzehnten mehr und mehr durch die rasante Verbreitung der intensiven Tierproduktion verdrängt wurden und noch immer verdrängt werden. Die intensive Tierproduktion arbeitet häufig mit wenigen Hochleistungsrassen. Dies hat einerseits zu einer deutlichen Produktionssteigerung im Bereich tierischer Erzeugnisse geführt, birgt jedoch andererseits die Gefahr des Verlustes von tiergenetischen Ressourcen.

Tabelle 1: Bedrohungsstatus-Klassifizierung für bedrohte Haustierrassen nach FAO (2007)

Kategorie	Beschreibung
ausgestorben	keine weiblichen oder männlichen Zuchttiere mehr vorhanden, evtl. noch genetisches Material kryokonserviert vorhanden
kritisch	Anzahl weiblicher Zuchttiere ≤ 100 oder Anzahl männlicher Zuchttiere ≤ 5 oder Gesamtanzahl der Tiere ≤ 120 und tendenziell abnehmend und der Prozentsatz der reinrassigen weiblichen Zuchttiere beträgt $< 80\%$ im Verhältnis zu den männlichen Zuchttieren

Kategorie	Beschreibung
kritisch-Erhaltungsmaßnahme in Umsetzung	die als kritisch eingestuften Populationen, bei denen eine Erhaltungsmaßnahme eingeleitet wurde oder die Populationen von Firmen oder Forschungseinrichtungen betreut werden
bedroht	Anzahl weiblicher Zuchttiere ≥ 100 , aber ≤ 1000 oder Anzahl männlicher Zuchttiere ≥ 5 , aber ≤ 20 oder Gesamtzahl der Tiere ≥ 80 , aber ≤ 100 und zunehmend und Anteil der reinrassigen weiblichen Zuchttiere beträgt mehr als 80% oder Gesamtanzahl der Tiere ≥ 1000 aber ≤ 1200 und tendenziell abnehmend und der Prozentsatz der reinrassigen weiblichen Zuchttiere beträgt $< 80\%$ im Verhältnis zu den männlichen Zuchttieren
bedroht-Erhaltungsmaßnahme in Umsetzung	die als bedroht eingestuften Populationen, bei denen eine Erhaltungsmaßnahme eingeleitet wurde oder die Populationen von Firmen oder Forschungseinrichtungen betreut werden
nicht gefährdet	Populationen, die keiner der genannten Kategorien angehören

Weitere Bedrohungen für gefährdete Haustierrassen stellen akute Ereignisse wie Epidemien, Naturkatastrophen (Dürren, Überschwemmungen) und durch Menschen verursachte Katastrophen (politische Unruhen, Bürgerkriege, Landbereinigung u. ä.) dar (FAO, 2007).

Leider waren auch die politischen und gesetzlichen Rahmenbedingungen im Nutztiersektor der nachhaltigen Bewirtschaftung tiergenetischer Ressourcen nicht immer förderlich (FAO, 2007). Bertaglia (2005) vertritt sogar die Position, dass die gemeinsame Agrarpolitik der EU seit den 1960er Jahren aktiv zum Verlust tiergenetischer Ressourcen und biologischer Vielfalt beigetragen hat. So haben z. B. Subventionen für Getreide die Kosten für die Fütterung von Rassen mit hohem Kraftfutterbedarf künstlich niedrig gehalten.

Als weitere Bedrohung wird die genetische Verunreinigung von lokalen Rassen durch unkontrollierte Einkreuzungen anderer, stärker verbreiteter Rassen von vielen Experten als großes Risiko für den Erhalt tiergenetischer Ressourcen angesehen (FAO, 2007; Hall und Bradley, 1995; Scherf et al., 2005).

Im Rahmen der Biodiversitätskonvention (CBD) von Rio de Janeiro im Jahre 1992 wurde die Erhaltung von tiergenetischen Ressourcen als ein wichtiges Anliegen der mehr als 150 unterzeichnenden Mitgliedsstaaten festgehalten.

2.1.1. Gefährdete Schafrassen

25% aller weltweit gehaltenen Nutztiere sind Schafe. Damit macht diese Tierart den größten Anteil der insgesamt gehaltenen Nutztiere aus. Der größte Teil der Schafe wird in Asien und Nahost, Afrika und Europa (einschließlich Kaukasus) gehalten. Es gibt weltweit 1409 Schafrassen, davon 771 in Europa. Laut FAO (2007) gelten 12% aller bekannten Schafrassen als ausgestorben, 37% werden als gefährdet eingestuft. Dabei handelt es sich in den meisten Fällen um lokale Rassen. 633 (45%) der bekannten Rassen sind nicht gefährdet.

2.1.2. Gründe für die Erhaltung von Rassen

Die Gründe für die Erhaltung von gefährdeten Haustierrassen sind vielfältig. Lokale Rassen sind speziell an ihren Lebensraum angepasst und zeigen daher oft seltene Allele und Allelkombinationen (Hall und Bradley, 1995). Oldenbroek (1999) listet sechs Hauptgründe für die Erhaltung von gefährdeten Haustierrassen:

- Anpassung an zukünftige Veränderungen in den Haltungssystemen: Haltungsformen spielen bei Kaufentscheidungen der Verbraucher eine immer wichtigere Rolle, daher muss man Rassen mit speziellen Anpassungen erhalten, um die unvorhersehbaren zukünftigen Wünsche der Verbraucher umsetzen zu können. Zudem könnte u. a. der fortschreitende Klimawandel neue Produktionssysteme erforderlich machen, da Ressourcen wie Wasser und fertiles Ackerland in Zukunft in deutlich geringerem Umfang zur Verfügung stehen werden. Rassen mit speziellen Anpassungen an hohe Temperaturen oder Trockenheit können dann wertvolle genetische Ressourcen für diese Umstellung sein (Scherf et al., 2005).
- Zukünftige Veränderungen des Marktes: Da sich das Kaufverhalten der Verbraucher in den Industrieländern ständig ändert - und derzeit deutlich in Richtung Qualitätsprodukte, Bevorzugung regionaler tierischer Erzeugnisse und Feinkost tendiert - ist es wichtig, solche Produkte vermehrt anbieten zu können. Auch für die Bereiche der Hobbylandwirtschaft und neuer Sportarten (insbes. bei Pferderassen) ist der Erhalt seltener, lokaler Rassen reizvoll.
- Sozio - ökonomischer Nutzen: lokale Rassen spielen für Produkte in Nischen-Märkten besonders in marginalen Regionen eine wichtige Rolle. Genannt seien die Produktion von Fontina-Käse der ausschließlich aus der Milch von Valdostona-Rindern hergestellt wird und damit den ökonomischen Wert der Milch steigert (Oldenbroek,

1999) oder der große Erfolg des Vermarktungssystems des Schwäbisch-Hällischen Landschweins, das zu einem Mehrpreis der Produkte von 25% für die Erzeuger geführt hat (Nill, 2007). Zudem spielen Tiere in vielen Ländern eine wichtige Rolle als Kapitalanlage und Transportmittel (Hanotte et al., 2005).

- Forschung: lokale Rassen haben oft Anpassungen, wie z.B. Resistenzen gegenüber Krankheitserregern, die durch zukünftige Forschung Fortschritte in der Verbesserung von tierischen Erzeugnissen und der Seuchenbekämpfung ermöglichen können. Dieses Potential kann sich als sehr wertvoll erweisen und sollte daher bewahrt werden.
- Kultureller und historischer Wert: Lokale Rassen sind oft eng mit der Lebensweise der Menschen in bestimmten Regionen verwoben. Sie spielten häufig eine zentrale Rolle im landwirtschaftlichen Besitz und im sozialen Leben der ländlichen Bevölkerung. Mit dem Verlust von Rassen geht auch Wissen über gewachsene lokale historische Traditionen verloren (Gandini und Villa, 2003). Auch der sozio-kulturelle Wert spielt gerade in ärmeren Ländern eine große Rolle: Tiere werden als Prestige-Objekte angesehen und spielen auch in vielen Religionen z.B. als Opfergabe eine wichtige Rolle (Hanotte et al., 2005).
- Ökologischer Wert: Lokale Rassen werden oft in der Landschaftspflege zur Erhaltung der traditionellen Kulturlandschaft, im Naturschutz und zur Produktion lokaler Bioprodukte genutzt und haben daher eine wichtige ökologische Bedeutung.

Notter (1999) schreibt weiterhin, dass die Erhaltung genetischer Diversität bei Haustierrassen wichtig ist, um fortwährende genetische Verbesserungen sicherzustellen und eine schnelle Adaption an sich ändernde Zuchtziele zu ermöglichen.

2.1.3. Strategien zur Erhaltung von Rassen

Bei den Erhaltungsstrategien unterscheidet man in *in-vivo*- und *in-vitro*-Erhaltungsstrategien (FAO, 1998). *In - vivo* steht für Erhaltung von lebenden Tieren und Tiergruppen. Das kann in ihrem ursprünglichen Verbreitungsgebiet unter traditionellen Haltungsbedingungen erfolgen (*in-situ*), oder in Zoologischen Gärten oder wissenschaftlichen Einrichtungen (*ex-situ*).

Die *In-vitro*-Erhaltung beinhaltet die Kryokonservierung von genetischem Material wie Sperma, Eizellen oder auch regenerativen Stammzellen, aus denen wieder Tiere oder Tiergruppen der Rasse erzeugt werden können (Hall und Bradley, 1995).

Als beste Option für die Erhaltung von gefährdeten Haustierrassen empfehlen Taberlet et al. (2008) die *in-situ*-Erhaltung, da bei dieser Erhaltungsform die Möglichkeit besteht, dass sich

die Rassen weiterentwickeln und ihr adaptives Potential somit erhalten bleibt. Zudem werden bei der *in-situ*-Erhaltung auch immer die traditionellen Haltungssysteme und die kulturelle Bedeutung der Rassen mit erhalten. Dies ist bei der *in-vitro*-Erhaltung nicht der Fall (Hall und Bradley, 1995). *In-vitro*-Techniken eignen sich jedoch gut als Absicherung für den Fall des Verlustes von einer großen Anzahl von Tieren durch Epidemien oder andere Katastrophen. Sie sollten aus oben genannten Gründen jedoch nicht die einzige Erhaltungsmaßnahme darstellen. Die Kryokonservierung von bedrohten Haustierrassen hat in den letzten Jahren in Europa stark an Bedeutung gewonnen. Etliche hochmoderne Kryobanken sind entstanden. In mehreren deutschen Kryobanken - u. a. der des Fraunhofer Instituts für Biomedizinische Technik und Forschung - lagern derzeit Zellen von seltenen Haustierrassen und verschiedenen Wildtierarten (Fixemer, 2009).

2.1.4. Auswahl von Rassen zur Erhaltung

Es gibt in der Literatur verschiedene Ansätze nach welchem Prinzip tiergenetische Ressourcen erhalten werden sollten. Hall und Bradley (1995) sprechen sich für eine *in-vivo* Erhaltung von reinrassigen Tieren aus, da die einzigartigen Allelkombinationen, die sich durch Anpassung an spezielle Umweltbedingungen ausgebildet haben, schwierig zu rekonstruieren sind, falls die Rassen verschwinden.

Bennewitz et al. (2008) und Shresta (2005) hingegen plädieren für das Zusammenfassen von gefährdeten Rassen in synthetischen Kreuzungen um die Gene längerfristig zu erhalten, da diese neuen Rassen durch eine höhere Anzahl von Zuchttieren nicht im Bestehen gefährdet wären und eine höhere Produktivität aufweisen würden. Bei dieser Vorgehensweise würde zwar die Inzucht reduziert, die Diversität zwischen den verwendeten Rassen würde jedoch verloren gehen.

Auch bei der Auswahl der zu erhaltenen Rassen gibt es verschiedene Herangehensweisen. Gandini und Oldenbroek (1999) stellen folgende Kriterien für die Auswahl von Rassen für die Erhaltung auf:

- Grad der Bedrohung
- Besondere Anpassungen an spezielle Lebensräume
- Besondere ökonomisch interessante Merkmale
- Einzigartige Merkmale im Phänotyp
- Kulturell-historische Bedeutung
- Genetische Einzigartigkeit

Diese Kriterien sollten nach Ansicht der Autoren noch dahingehend gewichtet werden, dass Rassen, die in einer Kategorie einen besonders hohen Wert haben, bevorzugt werden. Der Grad der Bedrohung stellt für die Autoren das wichtigste Auswahlkriterium dar.

Ruane (1999) wiederum schlägt vor große, stabile Population - unabhängig von ihrem Bedrohungsstatus - zu bevorzugen.

Hannotte et al. (2005) empfehlen eine geographische Auswahl der Rassen. Höchste Priorität haben dabei die wilden Vorfahren unserer Nutztiere, gefolgt von Populationen, die an den Orten der Anfänge der Domestikation und an alten Handelsrouten vorkommen. Weiterhin sollen dann repräsentative Rassen aus allen agro-ökologischen Zonen und Produktionssystemen erhalten werden, um einen Großteil der Anpassungen zu bewahren.

Weitzman (1993) und Eding et al. (2002) haben Rechenmodelle basierend auf Daten molekularer Marker zur Priorisierung von einzelnen Rassen für die Erhaltung entwickelt:

Bei Weitzman (1993) werden die Verschiedenheiten von Rassen, Spezies oder Subspezies aufgrund von paarweisen Distanzmaßen geschätzt. Der Ansatz ignoriert jedoch die genetische Variabilität innerhalb der Rassen sowie auch den Effekt der Inzucht auf genetische Distanzen (European Cattle Genetic Diversity Consortium, 2006).

Eding et al. (2002) ordnen die Populationen anhand ihres Beitrags zur allgemeinen genetischen Diversität. Sie nutzen dafür die mittleren Inzuchtkoeffizienten die aufgrund der Daten von molekularen Markern zwischen und innerhalb dieser Populationen geschätzt werden. Die gefährdeten Rassen werden im Kontext eines Datensets von nicht gefährdeten Rassen evaluiert und der Grad des genetischen Verlustes bei Verschwinden dieser Rasse berechnet. Diese Methode legt vor allem auf eine Fülle von Genotypen wert, nicht so sehr auf den Erhalt besonders seltener Allele.

Im Ergebnis werden bei Anwendung der Methode von Eding et al. (2002) dabei eher die Gründerpopulationen als erhaltenswert eingestuft, während der Ansatz von Weitzman (1993) die Erhaltung einzelner ingezüchteter Linien mit besonders seltenen Allelen favorisiert. Das European Cattle Genetic Diversity Consortium (2006) verglich beide Ansätze anhand eines Datensatzes von 69 Europäischen Rinderrassen und stellte eine schlechte Korrelation zwischen beiden Methoden fest. Weitzmans Ansatz reflektiert eher genetische Isolation einzelner Populationen als deren wahren Beitrag zur Diversität. Jedoch zeigte auch Edings Methode Schwächen. Beide Ansätze müssen noch verbessert werden und sollten weiterhin kulturelle Hintergründe und einzigartige Merkmale von Rassen mit berücksichtigen.

Caballero und Toro (2002) zeigen auf, dass Entscheidungen zur Erhaltung von Arten die einzig auf genetischen Distanzen basieren, irreführend sein können, wenn die Populationen substrukturiert sind.

Gizaw et al. (2008) entwickelten ein mathematisches Ranking-System für 14 äthiopische Schafrassen basierend auf Informationen zum Bedrohungsstatus, Verbreitung und Beitrag zur genetischen Diversität.

2.2. Erhaltungszuchtprogramme

Ziel der Erhaltungszucht ist die Erhaltung des gesamten genetischen Potentials einer Population. Dafür ist eine Zucht mit vielen Vatern nötig. Idealerweise käme von jedem Vater ein Sohn und von jeder Mutter eine Tochter in der Zucht zum Einsatz (Simon, 1994).

Bei der Erstellung von Zuchtprogrammen können drei Arten von Daten genutzt werden:

- Phänotypische Daten
- Genotypische Daten, die durch Einsatz genetischer Marker erhoben werden
- Pedigreedaten.

In den meisten Fällen werden Pedigreedaten genutzt, da diese leicht und kostengünstig zu beschaffen sind, die Zuchtgeschichte für lange Zeiträume überschaubar machen und leicht auszuwerten sind (Verrier et al., 2005).

Genetische Marker können vielfältigen Nutzen bei der Erstellung von Erhaltungszuchtprogrammen haben. So können u. a. Lücken im Pedigree durch Klärung von unklaren Verwandtschaftsbeziehungen gefüllt werden (Ivy et al., 2009; Bowling et al., 2003), Substrukturen in den Populationen aufgedeckt werden (Ely et al., 2005) oder genetisch wertvolle Individuen identifiziert werden (Russello und Amato, 2004).

Die meisten Erfahrungen mit Erhaltungszuchtprogrammen wurden bislang an bedrohten Wildtierpopulationen gesammelt. Die Zoologischen Gärten belegen international hierbei eine wichtige Vorreiterrolle. Für jede Spezies werden vom Europäischen Zoo- und Aquarienverein (EAZA) Koordinatoren festgelegt. Diese Koordinatoren sind in Spezialistengruppen organisiert und entwerfen aufgrund von gesammelten Daten Managementpläne für die Tierart, die sie betreuen (EAZA, 2009).

Allein in Europa werden seit 1985 Erhaltungszuchtprogramme für über 150 Tierarten durch die „Europäischen Erhaltungszuchtprogramme“ (EEP) koordiniert. Zusätzlich dazu werden über die weniger intensiven „Europäischen Zuchtbuchprogramme“ (ESB) weitere 140 Arten koordiniert gezüchtet. Dabei wird für jede Tierart ein Koordinator festgelegt, der aus dem

Pool der vorhandenen Zuchttiere die idealen Zuchtpaare festlegt. Die Teilnahme der zoologischen Einrichtungen erfolgt freiwillig, die Entscheidungen der Koordinatoren sind bei Teilnahme an den Programmen jedoch bindend.

Idealerweise führen diese Zuchtprogramme zu einer gesunden Population, die wieder in ihrem ursprünglichen Verbreitungsgebiet ausgewildert werden kann. Dies ist zum Beispiel beim Przewalski - Pferd gelungen (Walzer et al., 2000).

Weitere Beispiele für Erhaltungszuchtprogramme bei Wildtieren sind der Mexikanische Wolf (Hedrick und Fredrickson, 2008) und die Harpyie (Lerner et al., 2009).

Auch auf dem Gebiet der Erhaltungszucht von bedrohten Haustierrassen gibt es schon vielfältige Erfahrungen. Genannt seien als erfolgreiche Erhaltungszuchtprogramme in Deutschland das Schwäbisch- Hällische Landschwein (Bäuerliche Erzeugergemeinschaft Schwäbisch Hall, 2010), das Vorwerkhuhn (Weigend et al., 1999), das Rhönschaf (Vereinigung Deutscher Rhönschafzüchter, 2010) und das Rote Höhenvieh (Bundesarbeitsgemeinschaft Rotes Höhenvieh, 2010). Erhaltungszuchtprogramme sollen idealerweise die genetische Erosion der Rasse aufhalten, aber gleichzeitig auf eine hohe ökonomische Verwertbarkeit hinauszielen. Gandini und Villa (2003) zeigen mögliche Wege dafür auf: Lokale Rassen bieten oft eine höhere Produktqualität als Hochleistungsrassen, das sollte in ihrer Vermarktung herausgestellt werden. Weiterhin müssen lokale Netzwerke für die Verarbeitung und Vermarktung der Produkte geschaffen werden. Zudem sollten kulturelle Hintergründe der Rasse in ihrem Verbreitungsgebiet aufgezeigt und dieses Wissen verbreitet werden. Auch die Rolle der Rasse in der Landschaftspflege und -erhaltung kann ins Bewusstsein der Menschen gebracht werden. Initiativen zum lokalen Agro-Tourismus können auf der Rasse als Marke aufgebaut werden.

Die praktische Gestaltung von Erhaltungsmaßnahmen bei bedrohten Haustierrassen muss auf die jeweilige Rasse unter Einbeziehung vielfältigster Informationen zugeschnitten sein.

2.3. Das Rouge du Roussillon-Schaf

Das Rouge du Roussillon-Schaf ist eine gefährdete Haustierrasse mit Ursprung in den französischen Pyrenäen. Sie wird vor allem in den Departements Pyrénées-Orientales, Aveyron, Hérault und Gard gehalten. Aufgrund der rassetypischen rotbraunen Färbung an Kopf und Gliedmaßen wird es zur Gruppe der Fuchsschafe gerechnet. Die Tiere kommen optimal in den zum Teil sehr heißen und sehr kalten klimatischen Bedingungen des Vorgebirges zurecht. Da sie in ihrem ursprünglichen Verbreitungsgebiet in kargem Grasland gehalten wurden, zeigen

sie gute Marscheigenschaften und lange Gliedmaßen als Anpassung an ihren Lebensraum und erzielen auch bei kargem Futterangebot gute Zunahmen (GEH, 2010).

Die Rasse wird von der FAO als kritisch eingestuft (siehe Tabelle 1) und findet sich auf der Roten Liste der Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen (GEH e.V.).

Nach dem zweiten Weltkrieg ging im Laufe der Industrialisierung die Tierzahl wie auch bei vielen anderen europäischen Nutztierassen (Taberlet et al., 2008) dramatisch zurück. Einen Tiefpunkt hatte die Rasse 1981 erreicht, als in einer Rettungsaktion eine der letzten Herden auf Initiative des Vereins „Europäische Pioniersiedlungen e.V.“ von deutschen Artenschützern und Wissenschaftlern aufgekauft und 2 männliche und 12 weibliche Tiere nach Deutschland verbracht wurden (Steger, 1994). Diese Tiere wurden über die letzten drei Jahrzehnte vor allem im Tiergarten Nürnberg weitergezüchtet. Von ihnen entstammt die gesamte heutige deutsche Population von ca. 80 Tieren. Im Tiergarten Nürnberg wurden die Tiere durchgehend reinrassig gezüchtet. Die Selektionsentscheidungen wurden nach rein äußerlichen Merkmalen getroffen. Tiere ohne weiße Abzeichen an Kopf und Gliedmaßen wurden bevorzugt. Bei einigen Tieren traten Kurzbeinigkeit und Senkrücken auf. Diese Merkmale wurden auf Inzucht zurückgeführt und die Tiere von der Zucht ausgeschlossen. Regelmäßig wurden vom Tiergarten Nürnberg kleine Zuchtgruppen an private Züchter oder Institutionen abgegeben. Von diesen Gruppen existieren noch 5 Zuchtgruppen außerhalb von Nürnberg, in denen zwischen 6 und 14 Tieren gehalten werden.

Ob in diesen diversen Zuchtgruppen außerhalb des Tiergartens Nürnberg die Tiere auch reinrassig verpaart wurden, ist nicht gesichert.

Was mit dem Teil der Herde von 1981, der in Frankreich verblieben ist, geschah, ist unklar. Es existieren zwei Züchter mit insgesamt ca. 150 Tieren, die Tiere halten, die nach eigenen Angaben auf diese Herde zurückgehen („Rouge du Roussillon souche Marty“, benannt nach dem letzten Halter vor der Verbringungsaktion nach Deutschland). Die Züchter sind nicht vernetzt und betreiben die Zuchtplanung ausschließlich innerhalb ihrer eigenen Herden.

Weiterhin existiert seit 1993 eine regionale Zuchtorganisation für die Rassen Raïole, Caussenarde und Rouge du Roussillon (Association des éleveurs de brebis de races Raïole, Caussenarde et Rouge du Roussillon). Diese Züchter züchten einen neuen französischen Typ der Rasse. Dieser ist aus Rouge du Roussillon- Mutterschafen und Böcken anderer Rassen aufgebaut worden (Association des éleveurs de brebis de races Raïole, Caussenarde et Rouge du Roussillon, 2006). Nach eigenen Angaben der Zuchtorganisation wurden am Anfang des Zuchtprogramms keine reinrassigen Rouge du Roussillon-Böcke eingesetzt. Die Züchter haben eine Gebrauchszucht und primär eine kommerzielle Nutzung in den Fokus ihrer Zucht

gestellt und den Bestand des neuen Typs der Rasse in wenigen Jahren auf 3500 Zuchttiere anheben können. Im Rahmen der Zuchtorganisation wird vom Zuchtleiter jährlich ein Bock-austausch organisiert. Es gibt jedoch keine Zuchtbücher oder andere Aufzeichnungen der Züchter. Die Tiere des neuen französischen Typs unterscheiden sich phänotypisch deutlich von den deutschen Tieren sowie vom alten französischen Schlag durch eine ausgeprägte Bemuskelung, eine dunklere Rotfärbung und vermehrt auftretenden schwarzen Abzeichen an Gliedmaßen und Kopf. Außerdem ist die Population sehr inhomogen. Weitere Einkreuzungen anderer Rassen um eine verbesserte kommerzielle Nutzung der Rasse zu ermöglichen, können vermutet werden.



Abbildung 1: Zuchtbock der deutschen Population des Rouge du Roussillon-Schafes Foto: A. Feldmann (GEH)



Abbildung 2: Mutterschafe des alten französischen Typs des Rouge du Roussillon-Schafes



Abbildung 3: Mutterschafe des neuen französischen Typs des Rouge du Roussillon-Schafes

2.4. Referenzrassen

2.4.1. Coburger Fuchsschaf (CF)

Das Coburger Fuchsschaf ist eine deutsche Rasse, die dem Rouge du Roussillon äußerlich stark ähnelt. Es weist jedoch eine stärkere Bemuskelung auf und hat im Gegensatz zum Rouge du Roussillon-Schaf einen bewollten Unterbauch. Im Jahr 2000 gab es etwa 2000 Mutter-schafe der Rasse Coburger Fuchsschaf in Deutschland, vor allem im süddeutschen Raum (GEH, 2010). Diese Rasse wurde aufgrund der phänotypischen Ähnlichkeiten und geographischen Nähe zur deutschen Population der Rouge du Roussillon-Schafe ausgewählt. Außerdem bestand die Vermutung, dass möglicherweise durch einzelne Züchter Tiere dieser Rasse in Gruppen des deutschen Bestandes des Rouge du Roussillon-Schafes eingekreuzt wurden.

2.4.2. Mourerous (MOU)

Eine weitere Fuchsschaf rasse, das Mourerous-Schaf, ist in der Region Provence-Alpes, an der Côte d'Azur, in den Rhône-Alpen und auf Korsika verbreitet. Das Hauptverbreitungsgebiet liegt in der französischen Provence. Für die Mourerous-Schafe wurde 1983 ein Herdbuch gegründet. Es ist ein Fleischschaf von mittlerer Größe und gleicht phänotypisch stark dem Rouge du Roussillon-Schaf mit dem es oft zu unrecht verwechselt oder gleichgesetzt wird. Bei den Mourerous-Schafen werden Fleisch und Wolle genutzt. Die Tiere sind berggänglich, sehr robust und gut angepasst an Kälte und Trockenheit, so dass sie auch ganzjährig draußen gehalten werden können. Ihre effiziente Nutzung ermöglicht eine Haltung auch auf Vollerwerbsbetrieben. Mit 62 Herden und ca. 10.000 Tieren ist die Rasse, trotz langsam zunehmender Tierzahlen potentiell gefährdet (Feldmann et al., 2005). Die Rasse wurde aufgrund der großen phänotypischen Ähnlichkeit zum Rouge du Roussillon als Referenzrasse gewählt.

2.4.3. Lacaune viande (LV)

Die Schafrasse Lacaune ist nach dem Hauptort eines Kantons benannt, der im Departement Tarn nahe der Grenze zu den Departements Hérault und Aveyron liegt. Die Milch dieser Rasse wird vor allem zur Herstellung des Roquefort- Käses, aber auch für weniger bekannte Käsesorten wie Pérail oder Brousse genutzt.

Neben den bekannten Milchschaafen wird auch eine Fleischschaafline (Lacaune **viande**) zur Lämmererzeugung in der Region gehalten. Die Tiere sind großrahmig, einfarbig weiß und haben einen unbewollten Unterbauch. Sie werden intensiv gehalten und zeigen gute tägliche Zunahmen (Tiquet, 2006). Der Fleischschlag der Rasse wurde für diese Arbeit aufgrund der großen geographischen Nähe und dem unbewollten Unterbauch als Referenzrasse ausgewählt.

2.5. Mikrosatelliten

Mikrosatelliten sind kurze DNA-Sequenzen des eukaryontischen Genoms, in denen ein Motiv von einer bis sechs Basen mehrfach wiederholt wird (Wan et al., 2004). Man unterscheidet je nach Anzahl der sich wiederholenden Basen Mono-, Di-, Tri-, und Tetranukleotidwiederholungen, wobei Dinukleotidwiederholungen am häufigsten vorkommen. Es gibt perfekte und imperfekte sowie zusammengesetzte Mikrosatelliten. Die Anzahl der Wiederholungen schwankt zwischen zehn und 30 (Ellegren, 2004). Die Verteilung erstreckt sich über alle Autosomen. Sie werden codominant nach den Mendelschen Regeln vererbt und können entweder eine homozygote oder eine heterozygote Ausprägung in jedem Individuum haben. Sie sind hochpolymorph durch eine variierende Anzahl von Wiederholungen der Motive (Bruford et al., 2003). Mikrosatelliten wurden bisher im Genom aller Organismen gefunden und befinden sich vorzugsweise in nicht-kodierenden Regionen. Trotz ihrer Neutralität werden Mikrosatelliten auch als gute Kenngröße der adaptiven genetischen Diversität angesehen (Garner et al., 2005).

Sie werden häufig in genetischen Studien eingesetzt, da sie sich durch eine einfache Genotypisierung mittels Polymerasekettenreaktion auszeichnen, sehr polymorph sind und im eukaryontischen Genom zahlreich zu finden sind (Lai und Sun, 2003).

2.5.1. Anwendungsgebiete

Mikrosatelliten werden in zahlreichen Anwendungsgebieten eingesetzt. Sie sind die Standardmethode in der Abstammungskontrolle, werden zur Erstellung genetischer Karten, in der Forensik (Manel et al., 2002) und zur Identifizierung von einzelnen Individuen verwandt (Qu et al., 2007). Auch in der Populationsgenetik und Evolutionsforschung konnten sie erfolgreich bei der Erforschung von Populationsstrukturen, intrapopulärer Diversität, Admixture und Migration von Rassen während der Domestikation und Beziehungen von Populationen zueinander eingesetzt werden (Li et al., 2007).

2.5.2. Mutationsmodelle

Die *in-vivo* Mutationsrate von Mikrosatelliten liegt mit etwa $10^{-6} - 10^{-2}$ pro Generation (Schlötterer, 2000) wesentlich höher als die Rate von Punktmutationen. Als Mutationsmechanismus wird das so genannte „DNA-Slipping“ angesehen. Wenn sich der wachsende DNA-Strang während der Replikation vom Template-Strang trennt, kann sich – bedingt durch das repetitive Muster innerhalb der Mikrosatelliten – der Template-Strang auch außerhalb des Rasters wieder anlagern. Wenn nun die DNA-Synthese an diesem Strang weitergeführt wird, verändert sich die Länge der Mikrosatelliten (siehe Abbildung 2). Diesem Prozess wirkt jedoch das „Mismatch-Reparatur-System“ entgegen, welches die sehr hohe *in-vitro* Mutationsrate der Mikrosatelliten um das 100- bis 1000-fache reduziert. Daher kann die *in-vivo* Mutationsrate als Resultat zweier Prozesse beschrieben werden: primäre DNA-Slippage-Rate und Effizienz des „Mismatch-Reparatur-Systems“ (Schlötterer, 2000).

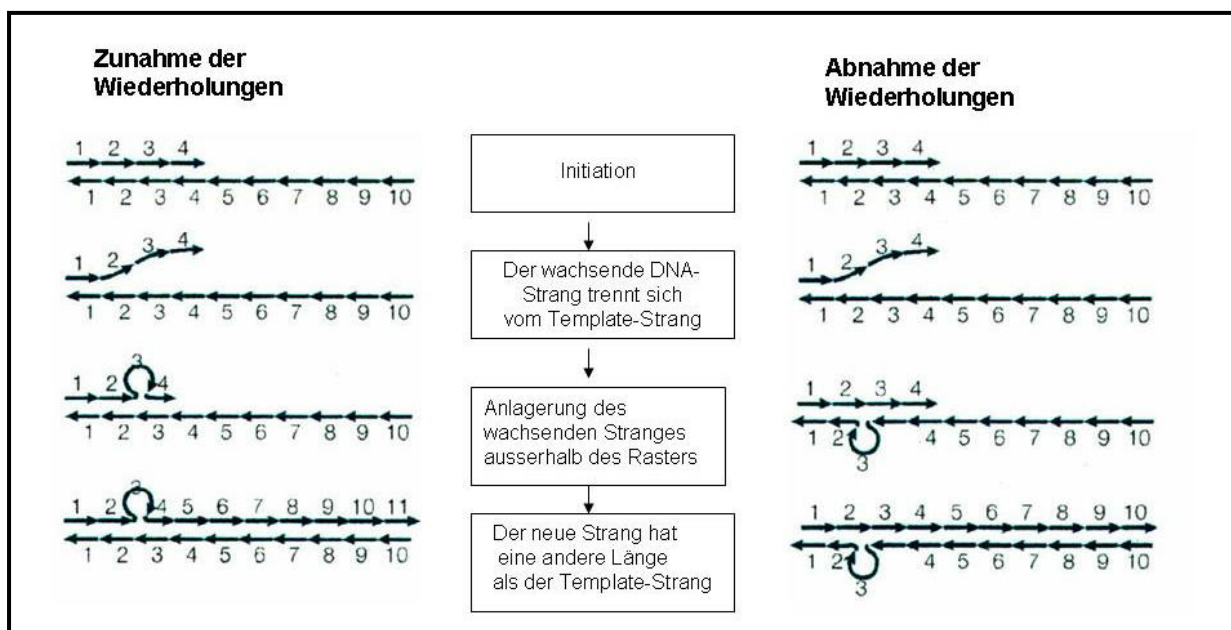


Abbildung 4: DNA-Slippage während der Replikation nach Ellegren (2004).

Es gibt jedoch noch andere Einflussfaktoren auf die Mutationsrate von Mikrosatelliten, die bis heute nicht abschließend erforscht sind. So konnten Amos et al. (2008) nachweisen, dass heterozygote Mikrosatelliten höhere Mutationsraten aufweisen als homozygote. Auch fand er in großen Populationen eine höhere Mutationsrate als in kleinen.

Es gibt verschiedene Modelle zur Evolution von Mikrosatelliten. Die geläufigsten sind das Infinite allele mutation model (IAM) und das Stepwise mutation model (SMM).

Das IAM (Kimura und Crow, 1964) besagt, dass Mutationen unabhängig von der Größe des Ausgangsallels zu jedem möglichen neuen Allel führen können. Beim SMM (Ota und

Kimura, 1974) geht man dagegen davon aus, dass die Allele bei jeder Mutation jeweils nur ein Wiederholungselement gewinnen oder verlieren. Also kann beispielsweise ein Allel mit 4 Wiederholungen [CA]₄ nur in ein Allel mit drei [CA]₃ oder mit 5 [CA]₅ Wiederholungen mutieren. Man tendiert heute zu einem Modell, das größtenteils dem SMM folgt, jedoch größere Sprünge zulässt. Die Anzahl der Wiederholungen kann jedoch nicht beliebig groß werden. Ab einer gewissen Länge dominieren Mutationen welche die Anzahl der Wiederholungen reduzieren. Auch wurde in verschiedenen Studien beobachtet, dass die Mutationsrate bei langen Mikrosatelliten höher ist als bei kurzen, unabhängig von der Anzahl der sich wiederholenden Basen (Lai und Sun, 2003; Huang et al., 2002; Harr und Schlötterer, 2000; Xu et al., 2000).

Weiterhin haben auch die Anzahl der Basen, die flankierenden Sequenzen, die Rekombinations- und die Transkriptionsrate Einfluss auf die Mutationsrate (Schlötterer, 2000).

2.5.3. Nachteile von Mikrosatelliten

Die Nachteile von Mikrosatelliten liegen vor allem in technischen Problemen bei der Typisierung, wie dem Auftreten von Stotterbanden, Plus-A-Veränderungen und Nullallelen (Schlötterer, 2004).

Stotterbanden sowie Plus-A-Veränderungen entstehen durch die Addition eines zusätzlichen Nukleotids (in den meisten Fällen eines Adenosins) an das 3'Ende des Amplifikationsproduktes durch die Taq-Polymerase. Diese zusätzlichen Basen führen zu Ungenauigkeiten bei der Typisierung, da sie teilweise erfolgen und teilweise nicht erfolgen. Um dies zu verhindern hat es sich etabliert, an das 5'Ende des Rückwärtsprimers die Basenfolge „GTTTCTT“ anzuhängen und damit die zusätzliche Katalyse der Plus-A-Veränderung in allen Proben zu erzeugen. Dadurch erhält man wieder sicher auswertbare Ergebnisse. Dieses Vorgehen ist unter der Bezeichnung „PIGtailing“ bekannt (Brownstein et al., 1996).

Weitere Probleme stellen das Auftreten von Größenhomoplasien (Goldstein und Pollock, 1997) und die so genannte „short allele dominance“ (Wattier et al., 1998) dar.

2.5.3.1. Nullallele

Nullallele basieren auf Punktmutationen im Primer-bindenden Abschnitt der Mikrosatelliten. Die Mutation verhindert die Bindung des Primers und damit die Amplifikation des Allels (Chapuis und Estoup, 2007). Nullallele wurden in einer Vielzahl von Organismen nach-

gewiesen, u. a. im Menschen (Callen et al., 1993), Schaf (Peter et al., 2005), Austernfischer (Van Treuren, 1998), Rüsselkäfer (Liewlaksaneeyanawin et al., 2002) und der Gemeinen Esche (Bacles et al., 2005).

Das Auftreten von Nullallelen kann am einfachsten durch die Sequenzierung der flankierenden Regionen der Mikrosatellitenmarker nachgewiesen werden (Callen et al., 1993). Hinweise kann man durch einen scheinbaren Homozygotenüberschuss an einzelnen Genorten erhalten (Chybicki und Burczyk, 2009), da heterozygote Genotypen die das Nullallel aufweisen, homozygot erscheinen.

Indirekte Möglichkeiten, Nullallele zu detektieren bieten eine Reihe von labortechnischen Methoden. So konnten Pemberton et al. (1995) die Amplifikation eines Nullalleles durch Verringern der Annealingtemperatur und der damit verbundenen abgesunkenen Primer-spezifität erreichen. Ein weiterer Ansatz besteht darin, die Primerbindungsstelle möglichst weit vom Mikrosatelliten entfernt zu wählen (Koorey et al., 1993).

Eine direkte Möglichkeit, Nullallele nachzuweisen, ist die Neugestaltung der Primerbindungsstellen (Holm et al., 2001). Dies ist jedoch sehr aufwendig und kann zu Problemen führen, wenn die neuen primerbindenden Regionen noch nicht gut im Genom konserviert sind (Chybicki und Burczyk, 2009).

Es existieren weiterhin zahlreiche statistische und populationsgenetische Ansätze zur Detektion von Nullallelen (Chybicki und Burczyk, 2009; Chapuis und Estoup, 2007). Diese Methoden werden dazu genutzt, um die Frequenz des Auftretens von Nullallelen und korrigierte Allelfrequenzen zu schätzen.

2.5.3.2. Ascertainment bias

Da die Entwicklung neuer Mikrosatellitenmarker sehr kostenintensiv und zeitaufwendig ist, werden existierende Marker oft auf verwandte Tierarten übertragen. Dabei kann man oft eine verminderte Heterozygotie und verringerte Allelzahl der Marker in der neuen Art beobachten. Dies wird in der Literatur als „ascertainment bias“ bezeichnet (Garner et al., 2005).

2.6. Untersuchungen zur genetischen Diversität bei Schafen

Bei allen Nutztier- und vielen Wildtierspezies wurden schon Diversitätsstudien auf der Basis von Mikrosatellitenmarkern durchgeführt.

Peter (2005) beschreibt ausführlich, welche Untersuchungen zur genetischen Diversität aufgrund von Mikrosatelliten am Schaf bis zum Jahre 2005 durchgeführt wurden. In den

letzten 4 Jahren konzentrierten sich die Untersuchungen hauptsächlich auf Schafrassen des asiatischen Kontinents (Arora und Bhatia., 2008; Arora et al., 2008; Qu et al., 2007; Mukesh et al., 2006; Yuan et al., 2006 Zhao et al., 2006;), aber auch etliche europäische (Alvarez et al., 2009; Dalvit et al., 2009; Glowatzki-Mullis et al., 2009; Cinkulov et al., 2008a; Cinkulov et al., 2008b) und afrikanische Rassen (Agha et al., 2008; Gizaw et al., 2007) wurden untersucht. Ziele dieser Untersuchungen waren hauptsächlich die Evaluation der genetischen Einzigartigkeit der Rassen, der Beitrag der einzelnen Rassen zur gesamten Diversität (Tapio et al., 2005) und Entscheidungen zur Priorisierung von einzelnen Rassen für die Erhaltung (Mukesh et al., 2006).

Die Autoren nutzen in ihren Studien für diese Zwecke zwischen 7 (Agha et al., 2008) und 41 Mikrosatelliten (Glowatzki-Mullis et al., 2009). Weitere Schwerpunkte in der Forschung mit Mikrosatelliten konnten bei der Erstellung von Karten des Schafgenoms (Goldammer et al., 2009) und dem Erforschen von Krankheitsassoziationen wie z.B. dem Befall mit intestinalen Parasiten (Gutierrez-Gil et al., 2009) gefunden werden. Zudem gab es zahlreiche Untersuchungen zur Auswirkung der staatlichen Zuchtprogramme auf Scrapie-resistente Genotypen auf die genetische Diversität, charakterisiert anhand von Mikrosatellitenmarkern, von verschiedenen Schafrassen (Alvarez et al., 2009; Palhiere et al., 2008; Alfonso et al., 2006).

2.7. Einflussfaktoren auf die genetische Variation

Genetische Variation besteht aus drei Hauptkomponenten: der genetischen Diversität, der genetischen Differenzierung und genetischen Distanzen zwischen einzelnen Populationen. Sie wird fortwährend durch Mutationen erzeugt und zur selben Zeit durch Selektion und genetische Drift erodiert (Lowe et al., 2004). Von ihr hängt die Fähigkeit von Populationen ab, auf Selektion reagieren zu können. Die Abwesenheit von genetischer Variation würde durch die fehlende Möglichkeit zur Anpassung zum Aussterben der Population führen.

Einer der wichtigsten Einflussfaktoren auf die genetische Variation ist die Populationsgröße (Lowe et al., 2004). Je kleiner eine Population ist, desto wahrscheinlicher können sich zufällige Ereignisse auf die Allelfrequenzen innerhalb der Population auswirken. Dieser Vorgang wird als genetische Drift bezeichnet. Diese kann im Extremfall zum Verlust von Allelen führen und zur Fixierung von nur einem Allel an einem bestimmten Genort. Eine geringe effektive Populationsgröße kann durch eine geographische Isolation von wenigen Individuen (sog. „founder effect“) oder durch Flaschenhalsereignisse (kurzzeitige gravierende Reduktionen der Populationsgröße) hervorgerufen werden.

Ein weiterer Einflussfaktor auf die genetische Variation ist die Selektion. Die Selektion ist nach Darwin hauptverantwortlich für die Evolution. Bei der natürlichen Selektion sind verschiedene Nachkommenszahlen von Individuen verantwortlich für die stärkere Ausprägung einzelner Genotypen. Bei der künstlichen Selektion dagegen wird vom Züchter die Fortpflanzung von Individuen mit unerwünschten Eigenschaften eingeschränkt oder verhindert, die von Trägern gewünschter Eigenschaften jedoch gefördert (Pircher, 1994). Auf neutrale Marker hat die Selektion keinen Einfluss. Sie wird erst wirksam, wenn die Marker an bestimmte Gene gekoppelt sind.

Genfluss ist ein Überbegriff für alle Mechanismen die dazu führen, dass Gene von einer Population in eine andere wandern. Die Hauptursache für Genfluss ist die Migration, jedoch können auch die Methoden der Reproduktionsmedizin (künstliche Befruchtung, Embryotransfer), das Aussterben und Wiederansiedeln von ganzen Populationen oder der Transfer von DNA aus Mitochondrien, Plasmiden oder Viren Genfluss verursachen (Slatkin, 1985). Genfluss wird als Gegenspieler zur genetischen Drift angesehen, da er verhindert, dass Allele schnell fixiert werden.

Es gibt direkte und indirekte Methoden um den Genfluss zu schätzen. Direkte Methoden schätzen Verbreitungsdistanzen und Züchterfolg der Populationen um daraus zu folgern, wie viel Genfluss momentan in der Population auftritt. Die indirekten Methoden nutzen Allelfrequenzen um den Genfluss in der Vergangenheit zu schätzen. Dafür gibt es zwei Ansätze: der von Wright (1931) vorgeschlagene Ansatz basiert auf dem Wert F_{ST} (siehe Kapitel 2.9.). Er legt das Inselmodell zugrunde, welches besagt dass jede lokale Population von Migranten jeder anderen Population gleich gut zugänglich ist. Aus dem F_{ST} -Wert wird die Anzahl von Migranten pro Generation (N_m) abgeleitet. Slatkin (1987) dagegen hat eine Methode basierend auf Allelfrequenzen von seltenen Allelen entwickelt („rare-allele-method“).

Da die direkten und indirekten Methoden zur Schätzung des Genflusses verschiedene Informationen liefern, sollten sie idealerweise kombiniert angewandt werden, um optimale Ergebnisse zu erhalten (Slatkin, 1987).

2.8. Genetische Distanzen

Genetische Distanzen werden verwendet, um evolutionäre Beziehungen zwischen Populationen, die vor langer Zeit divergierten, einzuordnen und aufzuklären. Sie messen den Grad der Ähnlichkeit zwischen zwei Individuen oder Gruppen von Individuen. Genetische Distanzen werden immer in positiv definiten, symmetrischen metrischen Zahlen ausgedrückt. Die

Werte liegen immer zwischen 0 (geringste mögliche Distanz) und 1 (höchste mögliche Distanz) (Lowe et al., 2004).

Nutztierassen wurden im Laufe der letzten Jahrhunderte von Menschen domestiziert und verändert. Daher schaut man bei Untersuchungen dieser Rassen auf eine evolutionär betrachtet sehr kurze Zeitspanne zurück. Mutationen spielen bei der Betrachtung der genetischen Differenzierung dieser Rassen daher eine zu vernachlässigende Rolle. Da es sich bei Mikrosatellitenmarkern um neutrale Marker handelt, kann auch die Selektion als Einflussgröße bei Untersuchungen mit diesen Markern vernachlässigt werden. Als Hauptfaktor für die Änderung der Allelfrequenzen zwischen Nutztierassen kann daher die genetische Drift angesehen werden (Eding und Laval, 1999).

Diese Unterschiede der Allelfrequenzen in verschiedenen Populationen werden mathematisch durch die verschiedenen genetischen Distanzen ausgedrückt. Dadurch werden immer mehrere Populationen in Relation zueinander betrachtet.

Nach Eding und Laval (1999) sind die Distanzmaße nach Nei (1978) und Reynolds et al. (1983) für die Differenzierung von Rassen besonders gut geeignet, da sie für Populationen mit kurzer Divergenzzeit und Schwerpunkt auf genetischer Drift entwickelt wurden.

Takezaki und Nei (1996) zeigten, dass die von Cavalli-Sforza und Edwards (1967) entwickelte Distanz D_C und Nei's D_A die besten Resultate bei der Erstellung von phylogenetischen Bäumen erbrachten. Die von Reynolds et al. (1983) vorgeschlagene Distanz D_{Rey} eignet sich insbesondere für die Analyse von Daten sehr eng verwandter Rassen (Laval et al., 2002) oder von Subtypen innerhalb von Rassen (Cinkulov et al., 2008b).

2.9. Wrights F-Statistik

Wright (1950) Werte der F-Statistik quantifizieren Inzuchteffekte in Populationen. Sie werden genutzt, um den Grad der Strukturierung in natürlichen Populationen abzuschätzen. F_{IS} misst das Heterozygoten-Defizit innerhalb von Populationen, F_{ST} zwischen Populationen und F_{IT} das gesamte Heterozygoten-Defizit aller untersuchten Populationen (Goudet, 1995).

Die gesamte genetische Diversität einer Population (H_T) wird in Form der erwarteten Heterozygotie unter Annahme des Hardy-Weinberg-Gleichgewichtes gemessen. Sie kann aufgeteilt werden in einen Anteil an Diversität zwischen den Rassen (D_{ST}) und einen Anteil Diversität innerhalb der Rassen (H_S). Wenn D_{ST} und H_S addiert werden, ergibt sich wiederum H_T .

F_{IS} berechnet sich aus der Abweichung der beobachteten von der erwarteten Heterozygotie eines Individuums (H_I) innerhalb einer Population unter Annahme der Panmixie und kann als

eine Art Inzuchtkoeffizient angesehen werden. Er kann mit folgender Formel berechnet werden:

$$F_{IS} = (H_S - H_I) / H_S$$

F_{ST} , auch Fixationsindex genannt, beschreibt die Reduktion der Heterozygotie innerhalb von Populationen in Bezug zur Reduktion der Heterozygotie in der Gesamtpopulation durch Selektion oder genetische Drift. Dieser Wert berechnet sich folgendermaßen:

$$F_{ST} = (H_T - H_S) / H_T$$

F_{IT} beschreibt die Reduktion der Heterozygotie innerhalb von Individuen in Bezug zur Gesamtpopulation, welche durch nicht-zufällige Paarung innerhalb der Subpopulationen und Populationsstrukturierung zustande kommt:

$$F_{IT} = (H_T - H_I) / H_T$$

Die Beziehung der drei F-Statistik-Werte zueinander kann man in folgender Formel zusammenfassen:

$$1 - F_{IT} = (1 - F_{IS})(1 - F_{ST})$$

Die Werte von F_{ST} befinden sich in der Regel zwischen 0 und 1, die Werte für F_{IS} und F_{IT} können positiv oder negativ sein. Positive Werte von F_{IT} und F_{IS} weisen auf ein Heterozygotendefizit, negative auf einen Heterozygotenüberschuss im Bezug auf das Hardy-Weinberg-Gleichgewicht hin (Lowe et al., 2004).

Für die Interpretation von F_{ST} schlagen Hartl und Clark (2007) folgende Einteilung vor:

- | | |
|------------------------|--------------------------------------|
| • $F_{ST} > 0,05$ | kleine genetische Differenzierung |
| • $F_{ST} > 0,05-0,15$ | moderate genetische Differenzierung |
| • $F_{ST} > 0,15-0,25$ | hohe genetische Differenzierung |
| • $F_{ST} > 0,25$ | sehr hohe genetische Differenzierung |

Werte unter 0,05 sind jedoch nicht vernachlässigbar, da sie hoch signifikant sein können. Die Werte der F-Statistik werden oft und viel genutzt um Populationsstrukturen zu beschreiben und zu messen. Als weitere Methoden zur Darstellung genetischer Differenzierung sind Nei's Gendifferenzierungskoeffizient G_{ST} (Nei, 1973) – welcher bei biallelen Markern mit F_{ST} identisch ist und bei multiallelen Markern dem gewichteten Mittel von F_{ST} für alle Allele

entspricht – und Weir und Cockerhams Formulierung von Wrights F-Statistik als F_{ST} (W&C), F_{IT} (W&C) und F_{IS} (W&C) (Weir und Cockerham, 1984) zu nennen.

2.10. Zuordnung von Individuen zu ihrer Ursprungspopulation

In der Populationsgenetik ist es oft von Interesse, Individuen ihren Ursprungspopulationen zuzuordnen. Durch diese sogenannten „assignment tests“ können u. a. Kreuzungstiere in Populationen identifiziert werden, um Erhaltungszuchten mit reinrassigen Tieren zu gewährleisten (Sechi et al., 2007; Randi et al., 2001) oder verschiedene Subtypen in Populationen zu erkennen und zu differenzieren (Cinkulov et al., 2008; Randi et al., 2001). Weitere Anwendung finden diese Tests auch in der Forensik - um z. B. gewilderte Tiere zu identifizieren (Manel et al., 2002) - oder in der Evolutionsforschung (Pritchard et al., 2000).

Assignment Tests nutzen die Allelfrequenzen einer Stichprobe um die Wahrscheinlichkeit, dass ein bestimmter Genotyp in einer bestimmten Population vorkommt, zu schätzen.

Dabei werden als Berechnungsgrundlage entweder die genetischen Distanzen zwischen den Individuen und den jeweiligen Populationen eingesetzt (genetic distance-based methods) oder der Genotyp eines Individuums in Bezug auf die Allelfrequenzen der Referenzpopulationen betrachtet (likelihood-based methods) (Pritchard et al., 2000).

Ein Individuum wird folglich – je nach verwendetem Modell – entweder der Population zugeordnet, in welcher die Wahrscheinlichkeit seines Genotypen am höchsten ist oder derjenigen, zu der es den geringsten genetischen Abstand aufweist. Das Programm GeneClass® (Piry et al., 2004) beinhaltet beide genannten methodischen Ansätze.

3. MATERIAL UND METHODEN

3.1. Probenmaterial

3.1.1. Tiermaterial

Insgesamt wurden Blutproben von 368 Schafen untersucht. Davon stammen 87 Proben von Rouge du Roussillon-Schafen aus 6 Herden der deutschen Population. Von den französischen Tieren der Rasse Rouge du Roussillon wurden 70 Blutproben aus den 3 Herden des alten französischen Schlags verwandt und 82 Proben aus 7 Herden des neuen Schlags.

Weiterhin wurden 3 Referenzrassen beprobt. Von der Rasse Coburger Fuchsschaf wurden 63 Proben von Tieren aus 5 Herden untersucht. Von der Rasse Mourerous wurden 32 Tiere aus 3 Herden und von der Rasse Lacaune viande 34 Tiere aus 3 Herden verwendet (siehe Tabelle 2 und Anhang Tabelle A). Von allen beprobten Tieren wurden in 9ml Monovetten mit dem Gerinnungshemmer Ethylendiaminotetraessigsäure (EDTA) versetzte Vollblutproben für die genetische Charakterisierung gewonnen. Die Tiere der Rasse Rouge du Roussillon wurden zudem gemessen (Widerristhöhe), von 3 Seiten fotografiert und das Gewicht von immer derselben Person geschätzt.

Weiterhin lagen Pedigreedaten von 233 Individuen der deutschen Population des Rouge du Roussillon-Schafes vor, welche aus Aufzeichnungen des Tiergarten Nürnbergs und Angaben der anderen deutschen Züchter bestehen. In diesem Rahmen sind Daten zu Mutter- und Vatertieren, Geburtsdatum, Abgangsdatum, Züchter, Besitzer und Abgangsursache bekannt. Die Angaben reichen lückenhaft bis zur Ursprungsherde 1981 zurück.

Weiterhin wurden die Schurgewichte von 23 weiblichen und 9 männlichen Tieren der deutschen Population protokolliert.

Tabelle 2: Untersuchte Populationen und im Folgenden verwendete Abkürzungen

Population	Abkürzung	Anzahl beprobter Tiere	Anzahl beprobter Herden
Rouge du Roussillon - deutsche Population	RdR-D	87	6
Rouge du Roussillon - alter französischer Typ	RdR-AF	70	3
Rouge du Roussillon - neuer französischer Typ	RdR-NF	82	7
Coburger Fuchsschaf	CF	63	5
Lacaune viande	LV	34	3
Mourerous	MOU	32	3

3.1.2. Standardproben

Institut für Tierzucht und Haustiergenetik der Justus-Liebig-Universität Gießen:

STD1: Herkunft: Tanja Dahlem, Rasse: Rouge du Roussillon, Geschlecht: weiblich, Identifizierung: Lamm 4 (Handaufzucht), Lab. Nr.: 1065/2007

Gi2003: Herkunft: Lehr- und Forschungsstation Oberer Hardthof, Rasse: Merinolandschaf, Geschlecht: männlich, Identifizierung: 1719HS, Lab. Nr.: 3742/2003

Luise: Herkunft: Lehr- und Forschungsstation Oberer Hardthof, Rasse: Merinolandschaf, Geschlecht: weiblich, Herdbuchnummer: 035, Lab. Nr.: 2395/2003

3.2. Verbrauchsmaterialien

3.2.1. Chemikalien, Puffer und Reaktionskits

Absolute QPCR Mix, *Thermo scientific, Waltham MA, USA*

Acrylamid/Bisacrylamid 29:1 (30%ig v/w), *Bio-Rad, München*

Agarose NEEO Ultra-Qualität, *Carl Roth GmbH und Co. KG, Karlsruhe*

Ammoniumpersulfat (APS), *Merck AG, Darmstadt*

Borsäure, *Carl Roth GmbH und Co. KG, Karlsruhe*

Ethanol absolut, *Carl Roth GmbH und Co. KG, Karlsruhe*

Ethidiumbromid, *Serva Feinbiochemica GmbH & Co, Heidelberg*

Ethylendiaminotetraessigsäure (EDTA) –dinatriumsalz-Dihydrat, *AppliChem, GmbH, Darmstadt*

Formamid, *AppliChem, GmbH, Darmstadt*

Gammamethacryloxypropyl-trimethoxysilane (Bindesilan), Blue-Dextran 2000, *Amershan Pharmacia Biotech, Uppsala, Schweden*

Harnstoff, *Bio-Rad, München*

Kaliumchlorid für die Molekularbiologie, *AppliChem, GmbH, Darmstadt*

Longranger® Gel solution, *Lonza, Rock Island, ME, USA*

MgCl₂, 25mM, 1,2 ml; *Promega, Madison WI, USA*

NaCl, *Carl Roth GmbH und Co. KG, Karlsruhe*

N, N, N', N'-Tetramethylethylenediamin (TEMED), *Amresco, Ohio, USA*

Pure Urea, *ICN Biomedicals Inc., Aurora, OH, USA*

QUIAGEN Multiplex PCR Kit, *Quiagen, Hilden*

Taq Buffer advanced, 10x, 1,8ml, *5Prime GmbH, Hamburg*

Taq-Reaktionspuffer, *Eppendorf AG, Hamburg*

Trishydroxymethylaminomethan (Tris), *Carl Roth GmbH und Co. KG, Karlsruhe*

Wasser für die Molekularbiologie, 1l, *Carl Roth GmbH und Co. KG, Karlsruhe*

5x Colorless GoTaq[®] Flexi Buffer 1 ml, *Promega, Madison WI, USA*

3.2.2. Enzyme

DNA Polymerase, *5Prime GmbH, Hamburg*

GoTaq[®] DNA Polymerase, *Promega, Madison, WI, USA*

Proteinase K (10 mg/ml Stock), *Biometra, biomedizinische Analytik, Göttingen*

3.2.3. Oligonukleotide

Cy5- markierte Oligonukleotide, *biomers.net, Ulm*

HEX -markierte Oligonukleotide, *Applied Biosystems, Darmstadt*

NED -markierte Oligonukleotide, *Applied Biosystems, Darmstadt*

unmarkierte Oligonukleotide, *biomers.net, Ulm*

VIC -markierte Oligonukleotide, *Applied Biosystems, Darmstadt*

6 -FAM-markierte Oligonukleotide, *Sigma-Aldrich Chemie GmbH, München*

3.2.4. Längenstandards

GeneRuler 100+, *Fermentas GmbH, St Leon-Rot*

Größenstandard ROX 500, *Applied Biosystems, Darmstadt*

Längenstandard ALFexpress DNA Sequencer: ALF-Leitermix: 74 bp, 124 bp, 170 bp, 202 bp
(Markierung Cy5), *Institut für Tierzucht und Haustiergenetik, Gießen*

3.2.5. Plastikwaren, Filter, Tücher

Eco-Plus Einmal Nitril Untersuchungshandschuhe, *AMPri Handelsgesellschaft mbH, Stelle*

Deckel für 96-well-Platten, *nerbe plus GmbH, Winsen/Luhe*

Light-Duty Tissue Wipes, *VWR International GmbH, Darmstadt*

Monovetten 9ml EDTA KE, *Sarstedt AG und Co., Nümbrecht*

Neolus Kanülen, pyrogenfrei, 1.2 x 40 mm, *Terumo Europe N.V., Leuven, Belgien*

Pipettenspitze PP, natur, *nerbe plus GmbH, Winsen/Luhe*
Pipettenspitze 1000 µl, blau; *Sarstedt AG und Co., Nümbrecht*
Pipettenspitze 200 µl, gelb, *Sarstedt AG und Co., Nümbrecht*
Reagiergefäß, 1,5ml, *Sarstedt AG und Co., Nümbrecht*
Thermo-Strip (UK), 0,2 ml, *Thermo scientific, Waltham MA, USA*
96-well-Platten, *nerbe plus GmbH, Winsen/Luhe*

3.3. Geräte und Zubehör

ABI Prism® 377 DNA Sequencer, *Applied Biosystems, Darmstadt*
ALFexpress DNA Sequencer, *Amersham Biosciences Europe GmbH, Freiburg*
Analysenwaage AC211S, *Sartorius AG, Göttingen*
Bi-Dest 2302, *GFL- Gesellschaft für Labortechnik mbH, Burgwedel*
Blockthermostat BT 1301, *HLC- Heap Labor Consult, Bovenden*
Borosilikat-Glasplatten (36cm Länge), *Applied Biosystems, Darmstadt*
Distriman, *Gilson S.A.S., Villiers le belle, Frankreich*
Heizplatte mit Magnetrührer MR2002, *Heidolph, Kehlheim*
Minizentrifuge Combispin FVL-2400 mit Vortex, *Peqlab Biotechnologie GmbH, Erlangen*
Multipipette Pipetman 8 x 200, *Gilson S.A.S., Villiers le belle, Frankreich*
Mylare Spacer (0,2 mm stark), *Applied Biosystems, Darmstadt*
NanoDrop® Spectralphotometer ND-1000, *Peqlab Biotechnologie GmbH, Erlangen*
Photodokumentation BioDocAnalyse, *Biometra, Göttingen*
Pipette Research Pro 8 x 10, *Eppendorf AG, Hamburg*
Pipette Pipetman P10, P20, P100, P200, P1000, *Gilson S.A.S., Villiers le belle, Frankreich*
Thermalprinter Sony UP-D895, *Biometra, Göttingen*
Thermalpapier high glossy für Thermalprinter, *Biometra, Göttingen*
Thermocycler iCycler, *Bio-Rad, München*
Wasserbad Julabo 22A, *Julabo Labortechnik, Seelbach*
Zentrifuge Biofuge 13R, *Heraeus instruments GmbH, Hanau*
Zentrifuge 5804, *Eppendorf AG, Hamburg*:
48-well Haifischzahnkamm 8mylar (0,2mm), *Applied Biosystems, Darmstadt*

3.4. Computerprogramme

AlleleLocator V 1.03: Amersham Biosciences, Freiburg

Genotyper V3.7 NT: GeneScan Analysis Software, Applied Biosystems, Darmstadt

Nanodrop[®] Software ND-1000 V 3.3.1: Peqlab Biotechnologie GmbH, Erlangen

3.5. Molekularbiologische Methoden

3.5.1. Gewinnung von Buffy Coat aus Vollblut

Zur Gewinnung der Leukozyten aus Vollblut wurden die mit etwa 9ml Vollblut gefüllten EDTA-Monovetten für 20 min bei 3000 rpm und 4°C zentrifugiert. Es setzten sich drei Phasen ab: im unteren Bereich der Monovetten die Erythrozyten, darüber der sogenannte „Buffy Coat“, der vor allem aus Leukozyten und Blutplättchen besteht, und als obere Phase das Blutplasma. Der Buffy Coat wurde mit einer Pipette vorsichtig abgenommen und in 1,5ml Reaktionsgefäße überführt. Bis zur weiteren Verwendung wurde er bei -20°C eingefroren.

3.5.2. Isolation von DNA aus Buffy Coat

Zur Isolierung der DNA aus Buffy Coat wurde die Aussalzmethode nach Montgomery und Sise (1990) verwendet. Es erfolgten einige Modifikationen bezüglich Zentrifugierzeit und -geschwindigkeit. Die Zentrifugierzeit betrug bei der Lyse der Zellen statt 2000 rpm 4200 rpm, beim Waschen der Zellen statt 1000 rpm für 3 min, 3000 rpm für 5 min.

3.5.3. Bestimmung der DNA-Konzentration

Die Überprüfung der DNA-Konzentration erfolgte am Spektralphotometer (Peqlab Biotechnologie GmbH, Erlangen) nach Sambrook et al. (1989).

3.5.4. Polymerasekettenreaktion

3.5.4.1. Mikrosatellitenmarker

Insgesamt wurden für diese Arbeit 15 von der FAO (Hoffmann et al., 2004) empfohlene Mikrosatelliten verwendet (siehe Tab. 3). Diese Marker sind sowohl ovinen als auch bovinen Ursprungs und liegen auf 11 verschiedenen Chromosomen des Schafgenoms. Primer-

sequenzen und Allellängen sind bei Peter (2005) beschrieben. Zur Detektion der Fragmente durch den ALFexpress DNA Sequencer (Amersham Biosciences Europe GmbH, Freiburg) wurde je ein Oligonukleotid pro Primerpaar mit Indodicarbocyanin (Cy5) am 5'Ende markiert.

Zur Detektion im ABI Prism® 377 DNA Sequencer (Applied Biosystems, Darmstadt) wurden die Oligonukleotide mit 6-FAM, VIC, HEX oder NED markiert. Um die Auswertbarkeit zu erhöhen, wurden zwei der Vorwärtsprimer (*MAF65* und *MAF70*), welche so genannte Stotterbanden oder „Plus-A-Veränderungen“ aufwiesen, ein PIGtail angehängt. Dieser besteht aus den sieben Basen „GTTTCTT“ und wurde ans 5'Ende des Vorwärtsprimers angefügt (Brownstein et al., 1996).

Tabelle 3: Verwendete Mikrosatelliten mit Kartierung (OAR), Allelzahl und Allellängen (bp) nach Peter (2005)

Name	OAR	Allelzahl	bp
BM1329	6	14	160-182
BM8125	17	12	110-130
OarFCB128	2	14	96-130
OarVH72	2	10	121-145
ILSTS11	9	24	256-294
ILSTS28	3	17	105-177
INRA063	14	27	163-199
MAF33	9	15	121-141
MAF65pig	15	17	123-127
MAF70pig	4	26	124-166
MAF214	16	41	174-282
OarFCB20	2	20	95-120
OarFCB226	2	18	119-153
OarJMP29	24	27	96-150
OarJMP58	26	22	145-169

pig = PIGtail

PCR-Bedingungen

Für die 15 verwendeten Mikrosatelliten wurden 1 Multiplex-, 3 Duplex- und 5 Einzelreaktionsprotokolle eingesetzt.

Die Bedingungen für den Marker *BMI329* und die Duplexreaktion der Marker *MAF214* und *OarJMP029* wurden belassen wie bei Peter (2005) beschrieben. Für die restlichen Marker wurden neue Protokolle ausgetestet und etabliert.

Die PCR-Bedingungen der verschiedenen Marker wurden durch Variation der Annealingtemperatur mit Hilfe eines Gradientencyclers (iCycler, Bio-Rad, München), Variation des Magnesiumgehalts (1,5 mM bis 3,0 mM), durch Verwendung unterschiedlicher Puffer (5x Colorless GoTaq® Flexi Buffer (Promega, Madison WI, USA), QIAGEN® Multiplex PCR Kit (Qiagen, Hilden), Absolute Q-PCR-Mix® (Thermo scientific, Waltham MA, USA) bzw. Taq Buffer advanced, 10x (5Prime GmbH, Hamburg)) optimiert. Es wurden außerdem verschiedene Elongationszeiten ausgetestet. Die Reaktionsprotokolle für die verschiedenen neu etablierten Reaktionen sind in den Tabellen 4 - 6 aufgeführt.

Tabelle 4: Reaktionsbedingungen der Einzelreaktionen

Marker	MgCl	Annealingtemperatur	Anzahl Zyklen	Puffer	Farbstoff
FCB20	2,5 mM	51°C	35	5x Colorless GoTaq® Flexi Buffer	HEX
OarFCB226	-*	55°C	30	ABSolute QPCR Mix	NED
ILSTS028	-*	52°C	35	Taq Buffer advanced 10x	VIC
MAF33	-*	52°C	35	Taq Buffer advanced 10x	VIC

*im Puffer vorhanden

Tabelle 5: Reaktionsbedingungen der Duplexreaktionen

Marker	Volumen Gesamtansatz pro Probe (µl)	Volumen Primer im Ansatz (µl)	Annealingtemperatur	Anzahl Zyklen	Puffer	Farbstoff
MAF65pig	15	0,4	57°C	35	Taq Buffer advanced 10x	NED
MAF70pig		0,5				6-FAM
OarFCB128	15	0,15	54°C	30	ABSolute QPCR Mix	6-FAM
INRA063		0,75				6-FAM

Tabelle 6: Reaktionsbedingungen der Multiplexreaktion

Marker	Volumen Gesamtansatz pro Probe (µl)	Volumen Primer im Ansatz (µl)	Annealingtemperatur	Anzahl Zyklen	Puffer	Farbstoff
OarVH72	15	0,1	56,8°C	30	QUIAGEN Multiplex PCR Kit	6-FAM
OarJMP58		0,15				NED
BM8125		0,2				NED
ILSTS011		0,2				6-FAM

3.5.4. Überprüfung des PCR-Erfolges durch Agarosegelelektrophorese

Um den Erfolg der PCR Reaktion zu überprüfen wurden die PCR-Produkte wie bei Peter (2005) beschrieben auf ein 2%iges Agarosegel geladen. Die Produkte wurden dann bei 120 V in einer Elektrophorese aufgetrennt und anschließend im Ethidiumbromidbad für 15 min gefärbt. Unter UV-Licht konnte nun festgestellt werden ob eine Auftrennung erfolgte und die Resultate wurden per Videodokumentation festgehalten.

3.5.5. Denaturierende Polyacrylamidgelelektrophorese am DNA- Sequencer

Die Bestimmung der Fragmentlängen der PCR-Produkte erfolgte durch eine lasergestützte Auswertung der Polyacrylamidgelelektrophorese (PAA- Gelelektrophorese) mit den halb-automatischen Sequenziersystemen ALFexpress (Amersham Biosciences, Freiburg) und ABI Prism® 377 (Applied Biosystems, Darmstadt).

Der ABI Prism® 377 DNA Sequencer ist durch die Verwendung verschiedener Filtersysteme, die nur bestimmte Wellenlängen passieren lassen, in der Lage vier verschiedene Farbstoffe (VIC oder HEX, NED, 6-FAM, ROX) simultan zu detektieren. Da die Farbstoffe VIC und HEX beide sehr ähnliche Lichtspektren abgeben, kann jeweils nur einer der beiden Farbstoffe eingesetzt werden.

Die Daten wurden im Anschluss mit Hilfe der GeneScan Analysis Software ausgewertet. Die PAA- Gelelektrophorese am ABI Prism® 377 erfolgte wie bei Peter (2005) beschrieben.

Im Gegensatz dazu kann der ALFexpress nur einen Farbstoff (Cy5) detektieren. Die PAA-Gelelektrophorese am ALFexpress erfolgte wie von Weimann (2000) beschrieben.

Zur Sicherstellung der Vergleichbarkeit der Ergebnisse wurden bei jedem Lauf 2 bis 3 Standardproben (STD1, GI2003 und Luise) mittypisiert, durch die alle Ergebnisse miteinander verknüpft und abgeglichen werden konnten. Weiterhin wurde bei jedem Lauf eine Negativkontrolle mitgeladen, um die Qualität der Laborarbeit sicherzustellen.

3.6. Statistische Methoden

3.6.1. Deskriptive Statistik

Die erhobenen Daten zu Größe und geschätztem Gewicht der Tiere wurden Altersgruppen, Population und Geschlechtern zugeordnet. Anschließend wurden mithilfe des Programms SAS 9.1 die LSQ- Mittelwerte für Größe und Gewicht nach Population ermittelt.

Der Inzuchtkoeffizient und der Vollständigkeitsindex für die deutsche Population des Rouge du Roussillon-Schafes wurden mithilfe des Programms OPTIMATE (Schmidt, 2002) aus den vorliegenden Pedigreedaten berechnet. Der Vollständigkeitsindex ermöglicht, dass die, durch Lücken im Pedigree entstehende, Ungenauigkeit in der Schätzung des Inzuchtkoeffizienten quantifiziert werden kann. Berücksichtigt werden bei der Berechnung alle unbekanntes Ahnen, ihre Position im Pedigree, sowie die Verteilung der bekannten männlichen und weiblichen Vorfahren über Vater- und Mutterseite der Pedigrees.

Die Berechnung erfolgte über folgende Formel:

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

Wobei:

I	=	Durchschnittliche Vollständigkeit der...
$I_{pat.m/pat.w}$	=	...männl./weibl. Ahnen auf Vaterseite
$I_{mat.m/mat.w}$	=	...männl./weibl. Ahnen auf Mutterseite

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

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

d Anzahl der Ahnengenerationen (Pedigreelänge)

a_i Anteil bekannter Ahnen in Generation i

Es wurden nur Tiere berücksichtigt, bei denen Mutter und Vater bekannt waren. Dadurch ergab sich eine Gesamtanzahl von 152 Individuen mit Geburtsdaten in den Jahrgängen 1989 – 2008.

3.6.2. Diversitätsanalysen

Für die in dieser Arbeit untersuchten Rassen wurden die Parameter Allelfrequenz, erwartete und beobachtete Heterozygotie, beobachtete und effektive Allelzahl, die genetischen Distanzen der Populationen zueinander nach Nei (1978) und Abweichungen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht mit dem Programm POPGENE 1.32 (Yeh et al., 1997) geschätzt.

Mithilfe des Programms wurden in allen untersuchten Populationen die 15 Mikrosatelliten mithilfe des Chi-Quadrat-Tests und des Likelihood Ratio-Tests (Yeh et al., 1997) auf das Vorliegen des Hardy-Weinberg-Gleichgewichts getestet. Bei Werten von $p < 0,05$ wurden die Abweichungen als signifikant betrachtet.

Zur Berechnung der PIC-Werte (Polymorphism information content) (Botstein et al., 1980) für die verwendeten Mikrosatellitenmarker wurde das Programm CERVUS 3.0 (Kalinowski et al., 2007) genutzt.

Die Parameter der F-Statistik nach Nei (1973) und Weir und Cockerham (1984) sowie Nei's G_{st} (1973) wurden mit dem Programm FSTAT (Goudet, 1995) berechnet. Da mehr als 4 Genorte bzw. Populationen in die Berechnung eingingen, wurde sowohl ein Bootstrapping als auch ein Jackknifing (Felsenstein, 1985) über alle Genorte durchgeführt.

3.6.3. Analyse von Populationsstrukturen

Um eine Einordnung der untersuchten Rassen in den Kontext der im ECONOGENE- Projekt untersuchten 57 Schafrassen Europas und des Nahen Ostens (Peter, 2005) (siehe Tabelle 7) zu ermöglichen, wurden die ermittelten Typisierungsergebnisse mit denen der ECONOGENE-Datenbank (Datenbestand des Institut für Tierzucht und Haustiergenetik, JLU Gießen) mithilfe gemeinsam verwendeter Standardproben abgeglichen. Dabei gab es bei 4 Mikrosatelliten (*ILSTS11*, *MAF33*, *MAF70*, *OarFCB226*) Schwierigkeiten, da diese in der ECONOGENE-Datenbank Ein-Basenpaar-Abstände aufwiesen, die in dieser Untersuchung nicht auftraten. Um Ungenauigkeiten auszuschließen, wurden die Typisierungsergebnisse dieser Marker nicht in die gemeinsamen Untersuchungen aller Rassen einbezogen und die Analysen somit mit 11 Mikrosatellitenmarkern durchgeführt. Die folgenden Methoden

wurden immer zum einen für die im Rahmen dieser Arbeit untersuchten Rassen durchgeführt, zum anderen für die Gesamtheit aus den hier untersuchten Rassen und den Rassen aus dem ECONOGENE-Projekt.

Tabelle 7: Schafrassen des ECONOGENE- Projektes mit Abkürzungen, Anzahl untersuchter Proben (N) und Herkunftsland nach Peter (2005)

Rasse	Abkürzung	N	Herkunftsland
Akkamaran	AKK	17	Türkei
Altamura	ALT	31	Italien
Anogeiano	ANO	31	Griechenland
Bardhoka	BAR	31	Albanien
Bergamasca	BER	31	Italien
Braunes/Weißes Bergschaf	BBS	31	Deutschland
Churro (Bragancana)	CHU	30	Portugal
Cikta	CIK	31	Ungarn
Colmenareña	CLM	31	Spanien
Dagliç	DAG	31	Türkei
Delle Lange	LAN	31	Italien
Exmoor Horn	EXH	31	Großbritannien
Gentile di Puglia	GDP	31	Italien
Graue gehörnte Heidschnucke	GGH	31	Deutschland
Heri	HER	29	Saudi-Arabien
Kalarritiko	KAL	31	Griechenland
Kamieniec	KAM	31	Polen
Karagouniko	KAG	31	Griechenland
Karayaka	KRY	31	Türkei
Kefallinias	KEF	31	Griechenland
Kymi	KIM	31	Griechenland
Laticauda	LAT	31	Italien
Lesvos	LES	31	Griechenland
Manchega	MCG	31	Spanien
Merinolandschaf	MLS	31	Deutschland
Morkamaran	MOR	31	Türkei
Naemi	NAE	29	Saudi-Arabien
Najdi	NAJ	31	Saudi-Arabien
Orino	ORI	31	Griechenland
Ossimi	OSS	31	Ägypten
Pilioritiko	PIL	31	Griechenland
Polnisches Bergschaf (Gorska)	GOR	31	Polen
Polnische Heidschnucke (Wrzosowka)	WRZ	31	Polen
Polnisches Merino	PME	31	Polen
Pomorska	POM	31	Polen
Racka	RAC	31	Ungarn
Rhönshaf	RHO	31	Deutschland
Rubio del Molar	RBM	31	Spanien
Ruda	RUD	31	Albanien
Schwarzes Karakul	KAR	31	Rumänien

Rasse	Abkürzung	N	Herkunftsland
Scottish Blackface	SBF	31	Großbritannien
Segureña	SGR	31	Spanien
Sfakia	SFA	31	Griechenland
Shkodrane	SHK	31	Albanien
Skopelos	SKO	31	Griechenland
Spanisches Merino I	MRS	31	Spanien
Spanisches Merino II	REF	32	Spanien
Swaledale	SDL	31	Großbritannien
Thône et Marthod	THM	31	Frankreich
Transsilvanisches Merino	RME	31	Rumänien
Rumänisches Tsigai	RTS	31	Rumänien
Ungarisches Tsigai	UTS	29	Ungarn
Ungarisches Merino	UME	31	Ungarn
Turcana	TUR	31	Rumänien
Welsh Mountain	WMT	31	Großbritannien
Zelazna	ZEL	31	Polen
Zyprisches Fettschwanzschaf	FTS	32	Zypern

Auf Basis der Allelfrequenzen wurde eine Hauptkomponentenanalyse mit dem Programm SAS 9.1 durchgeführt und anschließend die erste und zweite Hauptkomponente in ein Streudiagramm gemäß Ammermann und Cavalli-Sforza (1984) im Programm SPSS 15.0 gegeneinander aufgetragen und graphisch dargestellt.

Genetische Distanzen nach Nei (D_A) (1972), Cavalli-Sforza (D_C) (1967) und Reynolds et al. (D_{REY})(1983) wurden mit dem Programm GENDIST aus dem Programmpaket PHYLIP 3.69 (Felsenstein, 1989) berechnet und mithilfe der Programmkomponente SEQBOOT ein Bootstrapping mit 1000 simulierten Individuen durchgeführt. Die Programmkomponente NEIGHBOR desselben Programmpaketes erstellte die ungewurzelten Phylogramme nach der Neighbour-Joining-Methode. Das Programm CONSENSE errechnete aus den 1000 simulierten Bäumen den wahrscheinlichsten Konsensusbaum. Zur graphischen Darstellung der Bäume wurde das Programm TREEVIEW (Page, 1996) genutzt.

Das Programm STRUCTURE 2.3.1 (Pritchard et al., 2000) wurde genutzt um eine Bayesian Model-based Clustering Analyse durchzuführen. Dabei wurde wie von Glowatzki-Mullis et al. (2006) empfohlen, die Anzahl der Subpopulationen (k) zwischen $k=2$ und $k=8$ variiert und für jeden k -Wert fünf unabhängige Läufe mit einer „burnin-period“ von 50.000 und einer „period of data collection“ von 100.000 durchgeführt. Im Anschluss wurde die wahrscheinlichste Anzahl von Subpopulationen anhand der ermittelten Verteilungen festgelegt.

Zur graphischen Aufarbeitung der Ergebnisse des Programm STRUCTURE wurde das Programm DISTRUCT (Rosenberg, 2004) verwendet.

Mit dem Programm GENECLASS V 2.0. (Piry et al., 2004) wurden die Wahrscheinlichkeiten ermittelt, dass einzelne Individuen ihrer Ursprungspopulation zugehören. Dafür wurden Methoden basierend auf verschiedenen genetischen Distanzen (D_S , D_A , D_C), Allelfrequenzen nach Paetkau et al. (1995) und der bayesische Ansatz nach Rannala und Mountain (1997) verwendet. Die Individuen wurden zum einen direkt zugeordnet und zum anderen wurden jeweils 10.000 Individuen simuliert, die dann den Populationen zugeordnet wurden. Bei den simulierten Daten wurden nur diejenigen Individuen als korrekt zugeordnet angesehen, bei denen die Wahrscheinlichkeit der Zuordnung bei über 99 % lag.

4. ERGEBNISSE

4.1. Phänotypische Daten

Die deutsche Population der Rouge du Roussillon-Schafe sowie der alte französische Typ zeigen in sich ein homogenes Erscheinungsbild in Bezug auf Größe, Färbung und Gewicht der Tiere. Der neue französische Schlag hingegen ist phänotypisch in sich sehr heterogen und zeigt große Abweichungen sowohl vom deutschen als auch vom alten französischen Schlag. In der statistischen Auswertung zeigte sich, dass der Einfluss der Population auf Größe und Gewicht hoch signifikant ist. Die alte französische und die deutsche Population sind mit 63,9 resp. 63,4 cm Widerristhöhe annähernd gleich groß, die neue französische Population ist – mit im Mittel 67,85 cm – etwa 4 cm größer (siehe Tabelle 8).

Tabelle 8: LSQ-Mittelwerte für Widerristhöhe nach Population

Population	Mittelwert Größe (in cm)	Standardfehler
RdR - alter französischer Typ	63,9	0,661
RdR - deutsche Population	63,4	0,612
RdR - neuer französischer Typ	67,9	0,834

Auch das geschätzte Gewicht ist bei der deutschen und der alten französischen Population deutlich geringer als beim neuen französischen Schlag. Bei diesem Parameter unterscheiden sich jedoch auch die deutsche und die alte französische Population voneinander, wobei die alte französische im Durchschnitt leichter ist (siehe Tabelle 9).

Tabelle 9: LSQ-Mittelwerte für Gewicht nach Population

Population	Mittelwert Gewicht (in kg)	Standardfehler
RdR - alter französischer Typ	45,7	1,523
RdR - deutsche Population	51,1	1,369
RdR - neuer französischer Typ	68,0	1,879

Weiterhin haben Alter und Geschlecht hochsignifikante Einflüsse auf die Widerristhöhe der Tiere. Erst ab dem dritten Lebensjahr sind die Tiere ausgewachsen.

Über alle Populationen hinweg betrachtet sind Böcke etwa 5 cm größer als Mutterschafe. Auch beim Gewicht ist der Einfluss des Geschlechtes signifikant. Während weibliche Tiere im Mittel 50,5 kg (alle Populationen) wiegen, erreichen Böcke einen Mittelwert von 65 kg. In der deutschen Population lagen die Schurgewichte des leicht gereinigten Vlieses im Mittel bei 3264 g (Standardabweichung: 621 g) bei weiblichen Tieren und 3831 g (Standardabweichung: 914 g) bei Böcken.

4.2. Pedigreedaten

Zur Berechnung des Inzuchtkoeffizienten wurden ausschließlich Tiere verwendet, bei denen Angaben zu Mutter und Vater vorhanden waren. Der Inzuchtkoeffizient (F) der deutschen Population beträgt 4,32%. Der Vollständigkeitsindex für diesen Wert liegt in der 2. Eltern-generation (EG) bei 56,74%, in der 3. Elterngeneration nur noch bei 38,98% (Tabelle 10).

Bei Tieren mit einem Vollständigkeitsindex von über 50% in der 3. Elterngeneration erhält man jedoch Werte von $F = 7,7$ und einem Vollständigkeitsindex von 31,7 % (EG5) bis 83,3 % (EG2) (siehe Tabelle 11).

Die effektive Populationsgröße der deutschen Population liegt bei 37,33 Tieren. Der erwartete Inzuchtzuwachs (ΔF) bei 1,39 % pro Generation.

Tabelle 10: Inzuchtkoeffizient und Vollständigkeitsindex nach Schmidt (2002) für die deutsche Population des Rouge du Roussillon-Schafes bei Betrachtung aller Tiere (N=152)

	Mittelwert	Std.abweichung	Minimum	Maximum
Inzuchtkoeffizient F	4,32	6,829	0,000	31,250
Vollständigkeitsindex 2. Elterngeneration	56,74%	31,250	0,000	100,00
Vollständigkeitsindex 3. Elterngeneration	38,98%	23,636	0,000	81,300
Vollständigkeitsindex 4. Elterngeneration	26,96%	18,595	0,000	64,800
Vollständigkeitsindex 5. Elterngeneration	17,85%	14,030	0,000	47,200

Tabelle 11: Inzuchtkoeffizient und Vollständigkeitsindex nach Schmidt (2002) für die deutsche Population des Rouge du Roussillon-Schafes bei separater Betrachtung der Tiere bei denen mehr als 50% der Abstammungsdaten bekannt sind (N=60)

Variable	Mittelwert	Standardabweichung
Inzuchtkoeffizient F	7,7	7,44
Vollständigkeitsindex 2. Elterngeneration	83,3	17,63
Vollständigkeitsindex 3. Elterngeneration	62,2	12,99
Vollständigkeitsindex 4. Elterngeneration	45,5	11,32
Vollständigkeitsindex 5. Elterngeneration	31,7	9,76

4.2.1. Zuchtplanung

Für alle paarungsfähigen Böcke wurde die durchschnittliche Inzucht der Nachkommen bei einer Anpaarung mit den weiblichen Tieren der verschiedenen Züchter im Programm OPTIMATE berechnet. Dabei wurden 5 Ahnengenerationen berücksichtigt.

Wie in Tabelle 12 zu ersehen, ergaben sich für die Herde der Züchterin Sabine Pfennig Werte für die durchschnittliche Inzucht der Nachkommen zwischen $F=0$ (Bock 241 und 142) und $F=16,406$ (Bock 219) und Werte für den Vollständigkeitsindex von 5,67 % (Bock 241 und 142) und 63,587 % (Bock 237).

Da die geringen Werte von $F=0$ Inzucht der Nachkommen bei den Böcken 241 und 142 sehr wahrscheinlich auf die lückenhaften Abstammungsdaten - welche sich in dem geringen Vollständigkeitsindex ausdrücken - zu finden sind, wurden die Böcke 249 und 244 als diejenigen Böcke betrachtet, die am besten für den Zuchteinsatz in dieser Herde geeignet sind.

Weiterhin werden im Programm die Inzuchtwerte für die einzelnen weiblichen Tiere der Herde angezeigt. Bei beiden der am besten geeigneten Böcke zeigte dasselbe Mutterschaf (Tier-Nr. 170) die höchsten Inzuchtwerte der Nachkommen. Beim Herausnehmen dieses Schafes aus der Herde kann die durchschnittliche Inzucht der Nachkommen auf einen Wert von 0,234 verringert werden. Das Mutterschaf sollte optimal mit Bock Nr. 183 verpaart werden. Mit diesem Bock zeigt es die niedrigste Inzucht der gemeinsamen Nachkommen.

Tabelle 12: Durchschnittliche Inzucht der Nachkommen und Vollständigkeitsindex für die Anpaarung verschiedener Böcke mit den weiblichen Tieren der Herde von Züchterin S. Pfennig am Beispiel von 10 Böcken bei Berücksichtigung von 5 Ahnengenerationen

Tier-Nr.	Geb.Jahr	ø F der Nachkommen	VI
241	unbekannt (alt)	0	5,67
142	2002	0	5,67
249	2008	0,586	56,908
244	2009	0,586	56,908
183	2005	1,497	58,33
237	2008	1,237	63,587
199	2006	2,083	55,697
245	2009	4,362	48,015
68	1997	5,469	46,094
...			
219	2007	16,406	53,984

4.3. Genetische Daten

4.3.1. Mikrosatelliten

4.3.1.1. Allelzahl und PIC-Werte

Alle 15 in dieser Arbeit verwendeten Mikrosatelliten waren robust und zuverlässig zu typisieren. Es zeigten sich keine Einbasenpaarabstände und die Ergebnisse waren wiederholbar.

Es wurden an den 15 untersuchten Mikrosatelliten insgesamt 197 Allele identifiziert, wobei sich alle Mikrosatelliten als polymorph erwiesen. Die beobachteten Allelzahlen lagen zwischen 7 (*BM8125*) und 23 (*MAF70*) Allelen (siehe Tabelle 13) über alle Populationen. Im Durchschnitt wurden pro Genort 13,3 Allele identifiziert.

Es fällt auf, dass die Allelzahl in einzelnen Populationen deutlich niedriger ausfiel. So weisen die Mikrosatellitenmarker *OarFCB128* und *OarJMP29* in der deutschen Population des Rouge du Roussillon-Schafs nur je 2 Allele auf. Insgesamt finden sich in dieser Population im Durchschnitt deutlich weniger Allele (4,8) als in den anderen untersuchten Populationen, wo die Werte zwischen 7,67 (Coburger Fuchsschaf) und 9,93 (neuer französischer Typ Rouge du Roussillon-Schaf) lagen. Im Mittel konnten 7,88 Allele dargestellt werden.

Tabelle 13: Beobachtete Allelzahl und Mittelwerte der einzelnen Populationen, Gesamtzahl an Allelen über alle Populationen

Mikrosatellit	RASSE						Gesamtzahl an Allelen
	CF	LV	MOU	RdR-AF	RdR-D	RdR-NF	
<i>BM1329</i>	5	7	8	6	3	6	11
<i>BM8125</i>	6	3	4	4	3	6	7
<i>ILSTS11</i>	5	11	5	7	3	7	11
<i>ILSTS28</i>	11	6	10	11	5	13	15
<i>INRA063</i>	10	13	13	11	6	15	20
<i>MAF214</i>	3	7	5	5	6	9	12
<i>MAF33</i>	7	9	9	9	8	9	12
<i>MAF65</i>	5	7	7	8	5	9	10
<i>MAF70</i>	13	10	13	13	9	15	23
<i>OarFCB128</i>	6	7	6	6	2	5	9
<i>OarFCB20</i>	9	11	10	10	9	12	14
<i>OarFCB226</i>	10	8	9	6	5	9	12
<i>OarJMP29</i>	10	13	11	12	2	15	20
<i>OarJMP58</i>	7	7	8	8	3	11	14
<i>OarVH72</i>	7	6	6	8	3	8	9
Mittel	7,67	8,33	8,27	8,27	4,80	9,93	13,27

Die PIC-Werte (Polymorphism-Information Content) der Mikrosatellitenmarker liegen zwischen 0,424 (*MAF214*) und 0,882 (*MAF70*) (siehe Tabelle 14).

Tabelle 14: PIC-Werte der Mikrosatellitenmarker

Mikrosatellit	PIC-Wert
<i>BM1329</i>	0,639
<i>BM8125</i>	0,464
<i>ILSTS11</i>	0,648
<i>ILSTS28</i>	0,722
<i>INRA063</i>	0,865
<i>MAF214</i>	0,424
<i>MAF33</i>	0,774
<i>MAF65</i>	0,659

Mikrosatellit	PIC-Wert
<i>MAF70</i>	0,882
<i>OARFCB128</i>	0,615
<i>OARFCB20</i>	0,867
<i>OARFCB226</i>	0,739
<i>OARJMP29</i>	0,781
<i>OARJMP58</i>	0,710
<i>OARVH72</i>	0,655

4.3.1.2. Private (rassespezifische) Allele

In den 6 untersuchten Populationen konnten an 14 Genorten insgesamt 35 rassespezifische Allele identifiziert werden (siehe Tabelle 16 und Tabelle B im Anhang). Von diesen 35 privaten Allelen zeigten jedoch nur die Allele *OarFCB20*¹¹³ und *OarFCB226*¹³⁶ in der Rasse Coburger Fuchsschaf und *OarFCB226*¹⁵² und *BM1329*¹⁷⁴ in der Rasse Lacaune viande Allelfrequenzen von mehr als 5%. Die Frequenzen der anderen privaten Allele betragen zwischen 0,6% und 4,7%. Der Marker *MAF65* wies keine privaten Allele auf.

Die meisten rassespezifischen Allele wies die Rasse Lacaune viande (12) auf, beim neuen französischen Typ des Rouge du Roussillon-Schafes konnten 9 private Allele identifiziert werden. Die restlichen untersuchten Populationen zeigten zwischen 1 (deutsche Population des Rouge du Roussillon-Schafes) bis 7 (Mourerous) rassespezifische Allele.

4.3.1.2. Hardy-Weinberg-Gleichgewicht

Drei der Marker zeigten in keiner Population signifikante Abweichungen (*OarVH72*, *INRA063*, *MAF214*) vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht. Alle anderen Marker zeigten in mindestens einer Population Abweichungen in einem oder beiden der genutzten Berechnungswege. Der Marker *OarJMP29* zeigt in allen Populationen außer der deutschen Population des Rouge du Roussillon-Schafes signifikante Abweichungen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht (siehe Tabelle 15).

Tabelle 15: Wahrscheinlichkeiten des Vorliegens des Hardy-Weinberg-Gleichgewichts in den einzelnen Populationen untersucht mit dem Chi²- und dem Likelihood-Ratio-Test (LR) nach Yeh et al. (1997). Wahrscheinlichkeiten unter p=0,05 sind kursiv dargestellt

Mikrosatellit	CF		LV		MOU		RdR-AF		RdR-D		RdR-NF	
	Chi ²	LR	Chi ²	LR	Chi ²	LR	Chi ²	LR	Chi ²	LR	Chi ²	LR
<i>BM1329</i>	0,66	0,54	0,88	0,79	0,29	0,78	0,00	0,09	0,00	0,68	0,45	0,69
<i>BM8125</i>	0,96	0,93	0,57	0,47	0,35	0,35	0,00	0,02	0,00	0,13	0,71	0,60
<i>ILSTS11</i>	0,00	0,18	0,00	0,94	0,60	0,52	0,00	0,08	0,02	0,03	0,15	0,32
<i>ILSTS28</i>	0,00	0,24	0,25	0,45	0,22	0,79	0,99	0,99	0,00	0,00	0,96	0,96
<i>INRA063</i>	0,77	0,87	0,98	0,99	0,28	0,94	0,74	0,99	0,30	0,12	0,73	0,99
<i>MAF214</i>	0,60	0,50	0,02	0,63	0,02	0,29	0,05	0,49	0,99	0,98	0,81	0,99
<i>MAF33</i>	0,99	0,99	0,86	0,97	0,99	0,99	0,15	0,15	0,00	0,02	0,94	0,992
<i>MAF65</i>	0,34	0,35	0,99	0,98	0,07	0,50	0,00	0,00	0,01	0,11	0,25	0,79
<i>MAF70</i>	0,90	0,98	0,84	0,83	0,63	0,99	0,31	0,90	0,00	0,14	0,00	0,88
<i>OARFCB128</i>	0,55	0,36	0,45	0,72	0,84	0,83	0,00	0,41	0,96	0,96	0,87	0,77
<i>OARFCB20</i>	0,57	0,86	0,00	0,52	0,89	0,99	0,00	0,84	0,00	0,00	0,75	0,94
<i>OARFCB226</i>	0,54	0,41	0,96	0,89	0,00	0,09	0,09	0,21	0,95	0,88	0,99	0,98
<i>OARJMP29</i>	0,00	0,00	0,00	0,57	0,01	0,13	0,00	0,00	0,09	0,09	0,00	0,00
<i>OARJMP58</i>	0,00	0,45	0,74	0,93	0,00	0,12	0,99	0,96	0,18	0,17	0,99	0,99
<i>OARVH72</i>	0,36	0,30	0,67	0,42	0,10	0,53	0,07	0,57	0,60	0,60	0,82	0,81

4.3.2. Genetische Variabilität innerhalb der Populationen

Die beobachtete Heterozygotie (H_O) lag zwischen 0,53 (deutsche Population des Rouge du Roussillon-Schafs) und 0,71 (Lacaune viande), wobei im Mittel Werte von 0,69 gefunden wurden (Tabelle 16).

Die durchschnittliche erwartete Heterozygotie (H_E) unter Annahme des Hardy-Weinberg-Gleichgewichts reichte von 0,54 (deutsche Population des Rouge du Roussillon-Schafs) bis 0,75 (Lacaune viande). Das Mittel betrug hier 0,72. In allen Populationen lagen die Werte der beobachteten Heterozygotie (H_O) unter denen der erwarteten Heterozygotie (H_E).

Tabelle 16: Beobachtete (H_O) und erwartete (H_E) Heterozygotie und Anzahl privater Allele (N_{privat}) je Population

Population	H_O	H_E	N_{privat}
CF	0,691	0,706	4
RdR-AF	0,620	0,672	2
RdR-D	0,526	0,536	1
RdR-NF	0,692	0,722	9
LV	0,715	0,755	12
MOU	0,694	0,741	7
Mittelwert	0,692	0,722	5

4.3.2.1. F-Statistik

Im Mittel zeigte sich ein Heterozygotendefizit gemessen als F_{IS} -Wert von 0,046 über alle Rassen bzw. Subtypen von Rassen und Genorte, welches über die gesamte Population F_{IT} 0,153 betrug (Tabelle 17). Der F_{IS} -Wert reichte von -0,046 im Mikrosatellitenmarker *BM8125* bis 0,457 im Marker *OarJMP29*, während der F_{IT} -Wert zwischen 0,038 (*ILSTS11*) und 0,536 (*OarJMP29*) betrug.

Bis auf die Marker *BM8125*, *ILSTS11*, *MAF214* und *OarFBB226*, welche negative F_{IS} -Werte aufwiesen und somit einen Heterozygotenüberschuss anzeigen, trugen in Übereinstimmung mit dem HWG alle Marker zum Heterozygotendefizit bei. Einen besonders hohen Beitrag leistet der Marker *OarJMP29* mit einem F_{IS} -Wert von 0,457.

Eine Ausnahme stellt der Marker *INRA063* dar, dessen F_{IS} -Wert bei genau -0,00 liegt, und somit weder Hinweise auf einen Heterozygotenüberschuss noch auf ein Heterozygotendefizit liefert.

Tabelle 17: F_{IT} , F_{ST} und F_{IS} nach Weir und Cockerham (1984) je Mikrosatellitenmarker über alle Populationen gemittelt

Mikrosatellit	F_{IT}	F_{ST}	F_{IS}
<i>BM1329</i>	0,134	0,079	0,060
<i>BM8125</i>	0,076	0,117	-0,046
<i>ILSTS11</i>	0,038	0,042	-0,004
<i>ILSTS28</i>	0,059	0,047	0,013
<i>INRA063</i>	0,122	0,122	-0,000
<i>MAF214</i>	0,076	0,109	-0,038
<i>MAF33</i>	0,240	0,166	0,088
<i>MAF65</i>	0,143	0,078	0,070
<i>MAF70</i>	0,071	0,069	0,003
<i>OarFCB128</i>	0,234	0,204	0,038
<i>OarFCB20</i>	0,197	0,149	0,057
<i>OarFCB226</i>	0,096	0,122	-0,029
<i>OarJMP29</i>	0,536	0,144	0,457
<i>OarJMP58</i>	0,130	0,126	0,004
<i>OarVH72</i>	0,062	0,093	-0,033
Mittelwert	0,153	0,112	0,046

4.3.3. Genetische Differenzierung zwischen den Populationen

Die genetische Differenzierung zwischen den Populationen, gemessen anhand der F_{ST} -Werte, betrug im Mittel 0,112. Die Werte reichten von 0,042 (*ILSTS11*) bis 0,204 (*OarFCB128*).

Wie aus Tabelle 18 zu entnehmen, ergab sich über alle Loci gemittelt eine genetische Diversität H_T nach Nei von 0,745, welche sich aus einer Diversität innerhalb der Populationen (H_S) von 0,674 und einer Diversität zwischen den Rassen (D_{ST}) von 0,071 zusammensetzt.

Tabelle 18: Genetische Diversitätsparameter H_O , H_S , D_{ST} , H_T und G_{ST} nach Nei (1973) je Mikrosatellitenmarker über alle Populationen gemittelt

Mikrosatellit	H_O	H_S	H_T	D_{ST}	G_{ST}
<i>BM1329</i>	0,618	0,651	0,695	0,044	0,063
<i>BM8125</i>	0,505	0,499	0,538	0,039	0,072
<i>ILSTS11</i>	0,653	0,656	0,682	0,026	0,039
<i>ILSTS28</i>	0,707	0,736	0,764	0,028	0,037
<i>INRA063</i>	0,780	0,791	0,896	0,106	0,118
<i>MAF214</i>	0,454	0,459	0,515	0,055	0,108
<i>MAF33</i>	0,612	0,665	0,778	0,113	0,145
<i>MAF65</i>	0,641	0,696	0,756	0,060	0,079
<i>MAF70</i>	0,833	0,843	0,895	0,052	0,058
<i>OarFCB128</i>	0,567	0,592	0,709	0,117	0,165
<i>OarFCB20</i>	0,736	0,776	0,897	0,121	0,135
<i>OarFCB226</i>	0,743	0,708	0,780	0,072	0,092
<i>OarJMP29</i>	0,386	0,715	0,801	0,086	0,107

Mikrosatellit	H _O	H _S	H _T	D _{ST}	G _{ST}
<i>OarJMP58</i>	0,669	0,707	0,796	0,089	0,112
<i>OarVH72</i>	0,630	0,617	0,679	0,062	0,092
Mittelwert	0,636	0,674	0,745	0,071	0,096

4.3.3.1 Genetische Distanzen zwischen den Populationen

Die genetischen Distanzen wurden nach verschiedenen Methoden berechnet, zeigten jedoch grundsätzlich dieselben Strukturen (siehe Tabelle 19 und 20). Die Distanzmaße zeigen zwischen der deutschen Population des Rouge du Roussillon-Schafes und den drei Referenzrassen (LV, MOU, CF) große genetische Distanzen, zwischen dem neuen Typ der französischen Rouge du Roussillon- Population und den Rassen Lacaune viande (LV) und Mourerous (MOU) kleine genetische Distanzen.

Die genetischen Distanzen der neuen französischen Population zu den beiden Subpopulationen der eigenen Rasse lagen in allen Berechnungen im mittleren Bereich, außer bei der Berechnung nach Cavalli-Sforza, wo der alte und der neue französische Typ der französischen Population der Rouge du Roussillon eine geringe genetische Distanz aufwiesen.

Tabelle 19: Nei's „unbiased measure“ für genetische Identität (*I*) (oberhalb der Diagonale) und genetische Distanz (D_A) (unterhalb der Diagonale)(Nei, 1972)

	CF	LV	MOU	RdR-AF	RdR-D	RdR-NF
CF	****	0,7939	0,7690	0,6904	0,6372	0,8101
LV	0,2308	****	0,7977	0,7474	0,6880	0,8788
MOU	0,2626	0,2261	****	0,8188	0,7504	0,8486
RdR-AF	0,3705	0,2912	0,1999	****	0,8499	0,8255
RdR-D	0,4507	0,3740	0,2871	0,1626	****	0,7546
RdR-NF	0,2106	0,1291	0,1642	0,1917	0,2816	****

Tabelle 20: Genetische Distanzen nach Reynolds (D_{REY}) (1983) (oberhalb der Diagonale) und Cavalli-Sforza (D_C) (1967) (unterhalb der Diagonale)

	CF	LV	MOU	RdR-AF	RdR-D	RdR-NF
CF	****	0,0751	0,0857	0,1259	0,1907	0,0726
LV	0,0636	****	0,0693	0,0985	0,1632	0,0435
MOU	0,0641	0,0610	****	0,0750	0,1399	0,0554
RdR-AF	0,0798	0,0747	0,0548	****	0,0977	0,0732
RdR-D	0,1143	0,1065	0,0991	0,0455	****	0,1389
RdR-NF	0,0511	0,0397	0,0432	0,0424	0,0804	****

4.3.4. Einordnung der Rassen in den europäischen Kontext
 4.3.4.1. Hauptkomponentenanalyse

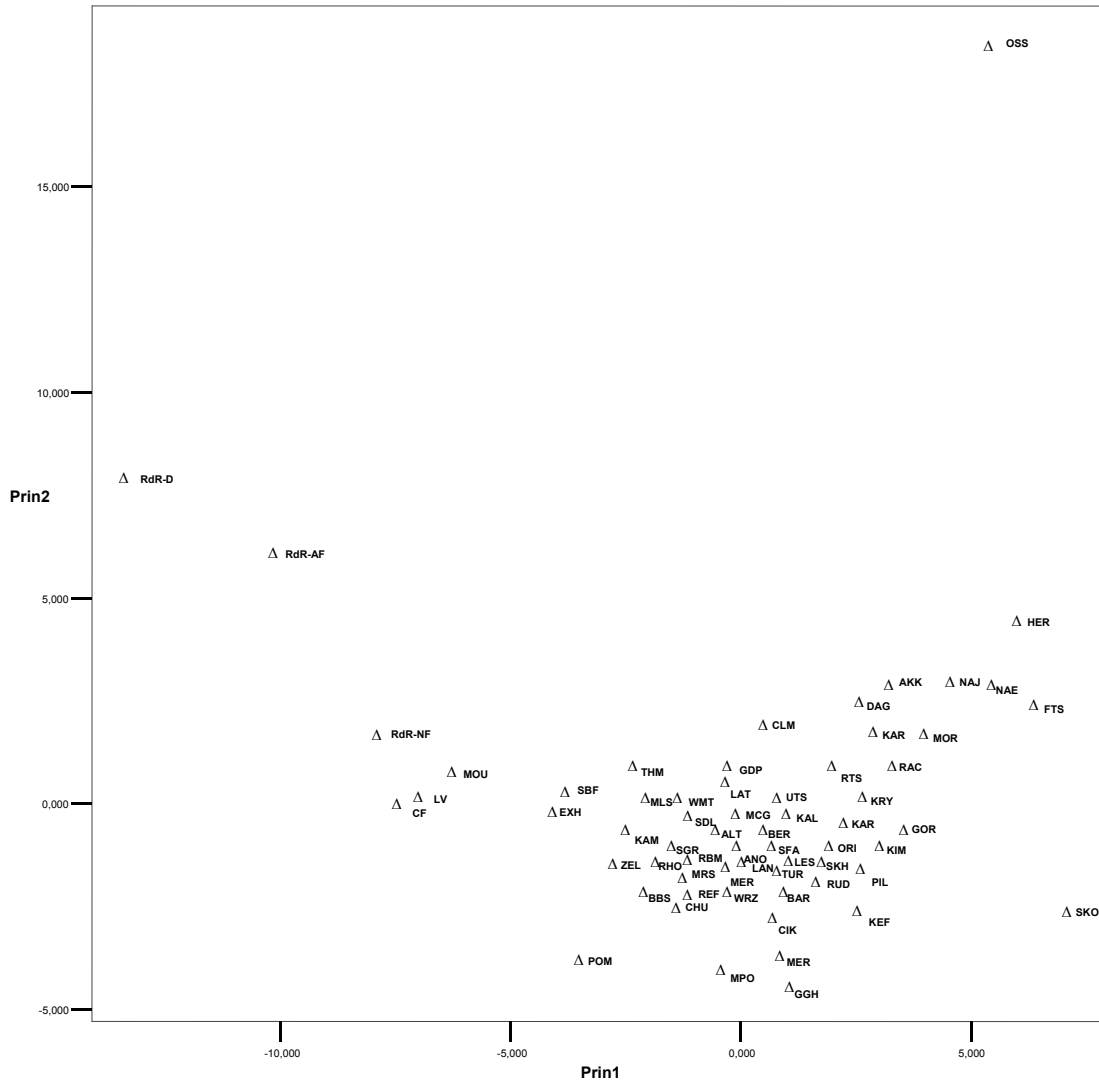


Abbildung 5: Streudiagramm der ersten beiden Hauptkomponenten der Allelfrequenzen von 11 Mikrosatellitenmarkern (Prin1= erste Hauptkomponente, Prin2= zweite Hauptkomponente)

Wie man aus Abbildung 3 ersehen kann, separieren sich die deutsche Population der Rouge du Roussillon-Schafe (RdR-D) und der alte Typ der französischen Population (RdR-AF) deutlich von den anderen europäischen Rassen. Die Referenzrassen dieser Untersuchung (LV,

MOU, CF) bilden mit dem neuen Typ der französischen Population der Rouge du Roussillon-Schafe (RdR-NF) einen gemeinsamen, von den anderen europäischen Rassen klar abgetrennten Cluster.

Das ägyptische Ossimi-Schaf (OSS) ist bei dieser Analyse weit von allen anderen Rassen separiert. Die Rassen Exmoor Horn (EXH) und Graue gehörnte Heidschnucke (GGH) sind an Randpositionen, geringgradig von den von den anderen Rassen abgegrenzt, zu finden. Die Rassen Swaledale (SDL) und Rhönschaf (RHO) sind im Hauptcluster inmitten der anderen Rassen eingeordnet.

4.3.4.2. Neighbour-Joining- Bäume

Zur graphischen Darstellung der genetischen Distanzen zwischen den untersuchten Populationen wurde ein ungewurzelter Konsensusbaum nach der Neighbour-Joining-Methode erstellt (Abb. 4). Die Astlängen geben Auskunft über die genetische Distanz zwischen den Populationen.

Der Baum basiert auf einer Matrix von genetischen Distanzen aus 1000 simulierten Datensätzen. Daraus wurde nach dem „Majority Rule Consensus“- Prinzip diejenigen Knoten gewählt, die bei einer Mehrheit von $> 50\%$ der Simulationen vorhanden sind. Es wurde die genetische Distanz nach Reynolds (1983) für die Analyse verwendet. Der Baum zeigt eine große Nähe zwischen dem alten französischen und dem deutschen Typ der Rouge du Roussillon-Schafe auf. Der neue französische Typ findet sich zwischen den Referenzrassen Mourerous und Coburger Fuchsschaf wieder und ist separiert von den beiden Subtypen der eigenen Rasse. Der Baum ist mit Bootstrapping- Werten zwischen 60,2 und 100% als robust anzusehen.

Nach dem oben erläuterten Prinzip wurde ein weiterer phylogenetischer Baum mit den kombinierten Daten dieser Studie und der ECONOGENE- Studie erstellt (Abb. 5). Dieser Baum wies nur wenige Bootstrapping- Werte über 50% auf. Er ist daher als nicht sehr robust anzusehen.

In diesem Baum ordnen sich die drei Typen des Rouge du Roussillon-Schafes und das Mourerous-Schaf gemeinsam mit der französischen Rasse Thône et Method in einem Knoten an. Dabei zeigen wiederum der alte französische und der deutsche Typ der Rouge du Roussillon-Schafe die größte Nähe.

Die Rasse Lacaune viande findet sich gemeinsam mit dem Pomorska-Schaf in direkter Nähe dieses Clusters wieder.

Die Rasse Coburger Fuchsschaf liegt separiert von den anderen untersuchten Rassen nah bei Rhönschaf, Bergschaf und Grauer gehörnter Heidschnucke. Dabei zeigt es zum Rhönschaf die größte Nähe.

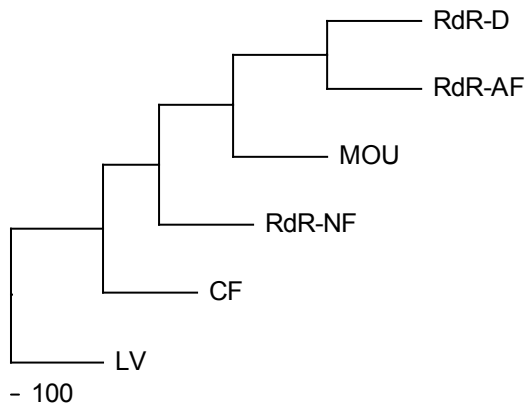


Abbildung 6: Ungewurzelter Neighbor-Joining-Baum der untersuchten Populationen rekonstruiert mit Reynolds genetischer Distanz D_{REY} (1983) auf der Basis von 15 Mikrosatelliten

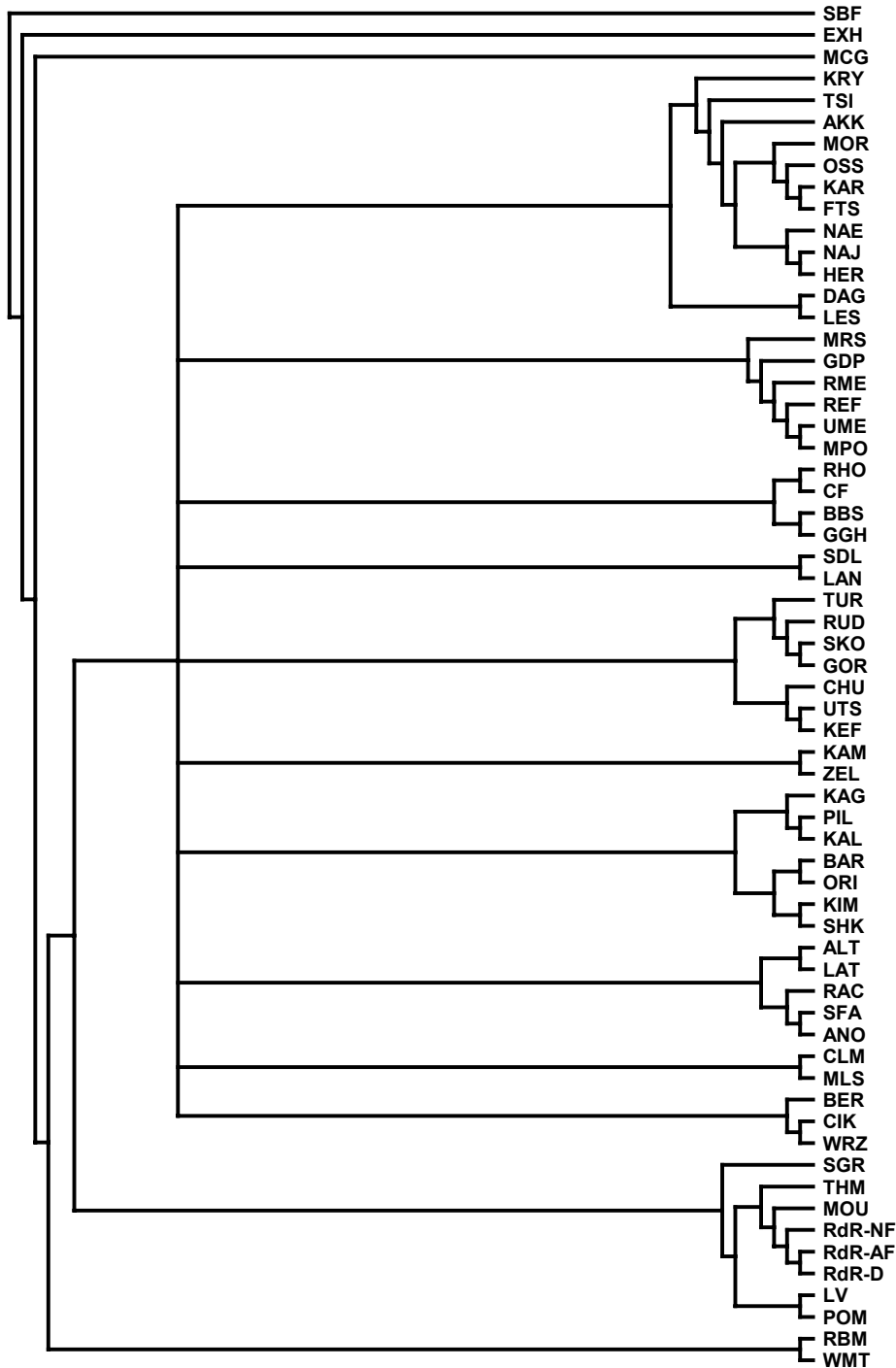


Abbildung 7: Gemeinsamer ungewurzelter Neighbour-Joining-Baum der untersuchten Populationen und der im ECONOGENE-Projekt untersuchten Populationen rekonstruiert mit Reynolds genetischer Distanz D_{REY} (1983) auf der Basis von 11 Mikrosatelliten (Abkürzungen siehe Tabelle 2 und 9)

4.3.4.3. Bayesian Model-based Clustering Analyse

Wenn man im Programm STRUCTURE ausschließlich die in dieser Studie untersuchten Populationen betrachtet und diese in $k=2$ Gruppen aufteilt, wird die große genetische Nähe zwischen der deutschen Population und dem alten französischen Typ deutlich (Abb. 6). Die beiden Populationen clustern gemeinsam, während der neue französische Typ mit den Referenzrassen einen gemeinsamen Cluster bildet. In beiden französischen Typen wird ersichtlich, dass genetische Einflüsse der jeweils anderen Gruppe vorhanden sind. Die deutsche Population und die Referenzrassen erscheinen deutlich homogener als diese beiden Populationen.

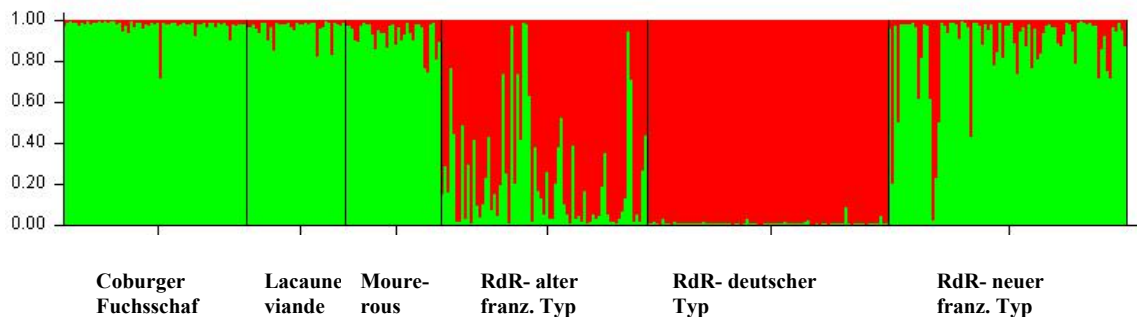


Abbildung 8: Barplot der untersuchten Populationen bei Annahme von $k=2$ Populationen

Wird die Gesamtpopulation von insgesamt 63 Rassen (in dieser Arbeit untersuchte Populationen und Populationen des ECONOGENE-Projektes) in $k=2$ Gruppen unterteilt, so zeigt sich eine Aufteilung der Rassen nach geographischen Merkmalen (siehe Abb.7). Mit Ausnahme von wenigen Rassen trennen sich die Populationen in einen südosteuropäischen und einen nordwesteuropäischen Cluster auf.

Ab einer Populationsgröße von $k=3$ Gruppen bilden die Populationen Rouge du Roussillon-deutscher Typ (RdR-D) und Rouge du Roussillon- alter französischer Typ (RdR-AF) immer einen eigenständigen Cluster separat von allen anderen Rassen. Die restlichen Rassen teilen sich weiterhin nach geographischen Merkmalen auf (siehe Abb. A im Anhang).

Ab $k=4$ kann man eine Aufteilung der Rassen nach phänotypischen Merkmale feststellen. Die Merinoschafe bilden einen eigenen Cluster und die hier untersuchten Rassen Mourerous (MOU), Rouge du Roussillon- neuer französischer Typ (RdR-NF) und Coburger Fuchsschaf (CF) ordnen sich diesem zu (siehe Abb. B im Anhang). Bei der Annahme von $k=5$ wird diese Aufteilung noch deutlicher (siehe Abb. C im Anhang).

Optimal erscheint jedoch eine Aufteilung in $k=6$ Gruppen (siehe Abb. 8). Dabei bilden die Populationen Rouge du Roussillon- deutscher Typ (RdR-D) und Rouge du Roussillon- alter französischer Typ (RdR-AF) eine eigene Gruppe separat von den anderen Rassen. Die Gruppe der Rassen der Alpenregionen und die nordwesteuropäischen Rassen bilden eine gemeinsame Gruppe. Eine neue Gruppe bilden die Farbschafe. In diese Gruppe ordnen sich die Rassen Coburger Fuchsschaf, Mourerous, Rouge du Roussillon- neuer französischer Typ, Rhönschaf, und das braune und weiße Bergschaf gemeinsam ein.

Die europäischen Rassen separieren sich in die Gruppe der Zackel- und Ruda-Schafe, die Gruppe der Merino- und polnischen Landschaft, die Fettschwanzschafe und die nordwesteuropäischen Rassen und Rassen der Alpenregionen. Die Tsigaischafassen lassen sich nicht mehr eindeutig einer der Gruppen zuordnen, sondern finden sich in den Mischpopulationen wieder. In dieser Kategorie finden sich auch die Rassen Kalarritiko, Laticauda, Cikta, Welsh Mountain, Thône et Marthod, Segureña und die hier untersuchten Lacaune viande, da diese sich ebenfalls nicht mehrheitlich einer der Gruppen zuordnen lassen.

Ab einer Clusteranzahl von $k=7$ wurde nur ein geringer Anteil der Rassen zu über 40% einem Cluster zugeordnet und daher wurde von einer weiteren Unterteilung abgesehen.

Zur Überprüfung der Wiederholbarkeit der Ergebnisse wurden fünf unabhängige Läufe mit identischen Einstellungen („burnin-period“ = 50.000, „period of data collection“ = 100.000 und $k = 6$) durchgeführt.

Die Gruppen Rouge du Roussillon-Schafe und Farbschafe clusterten stabil in allen Wiederholungen. Die Rasse Swaledale wurde in verschiedenen Läufen verschiedenen Gruppen zugeordnet. Dabei fand sie sich in drei Läufen in der Gruppe der Fettschwanzschafe und in 2 Läufen bei den nordwesteuropäischen Rassen und den Rassen der Alpenregionen wieder. Alle anderen Rassen wurden immer denselben Gruppen zugeordnet.

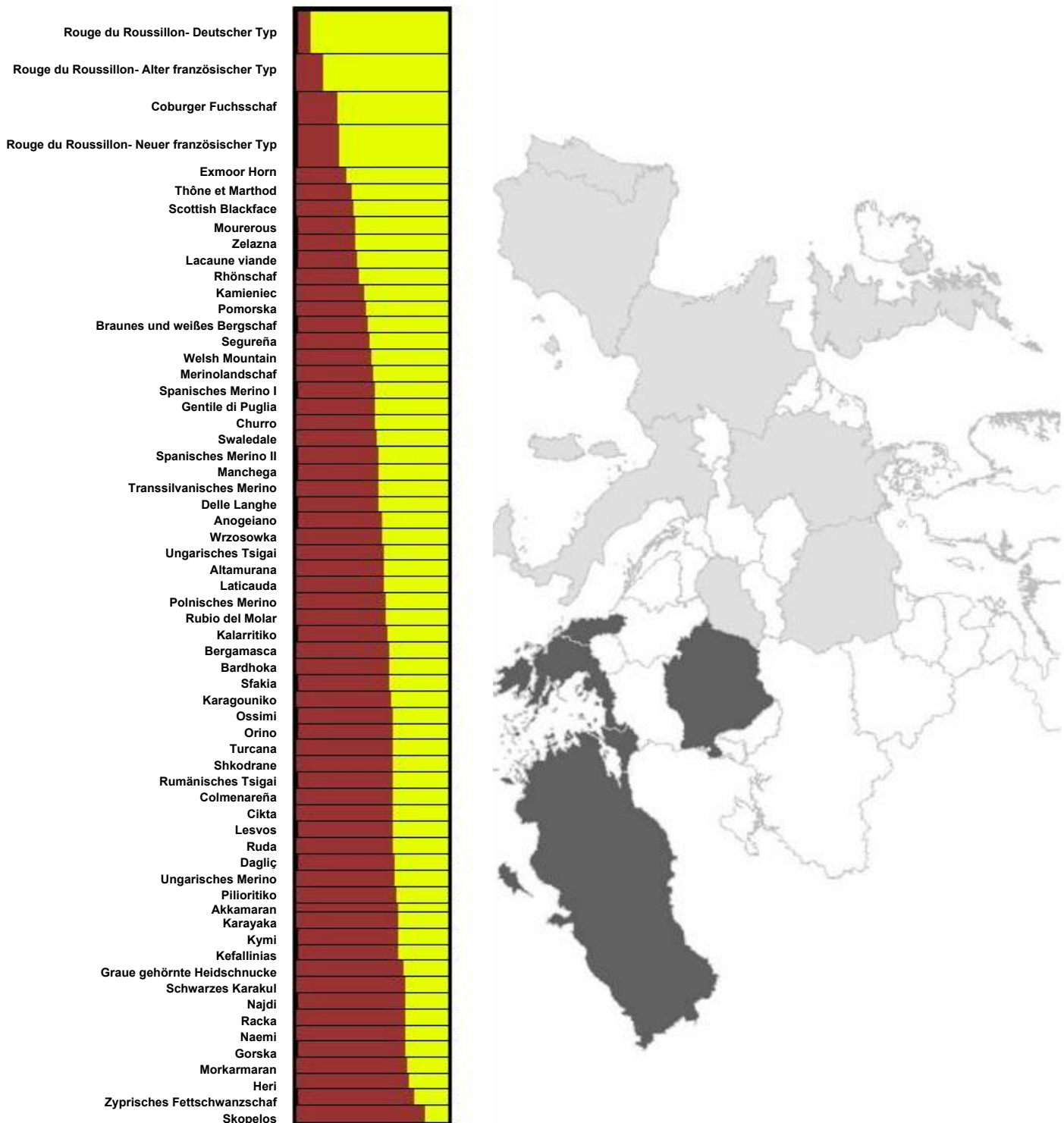


Abbildung 9: Geographische Verteilung der Rassen bei k=2 Clustern

Europa-Graphik aus Peter (2005). Dunkelgrau/ braun entspricht dem südosteuropäischen und hellgrau/ gelb dem nordwest- und westeuropäischen Cluster

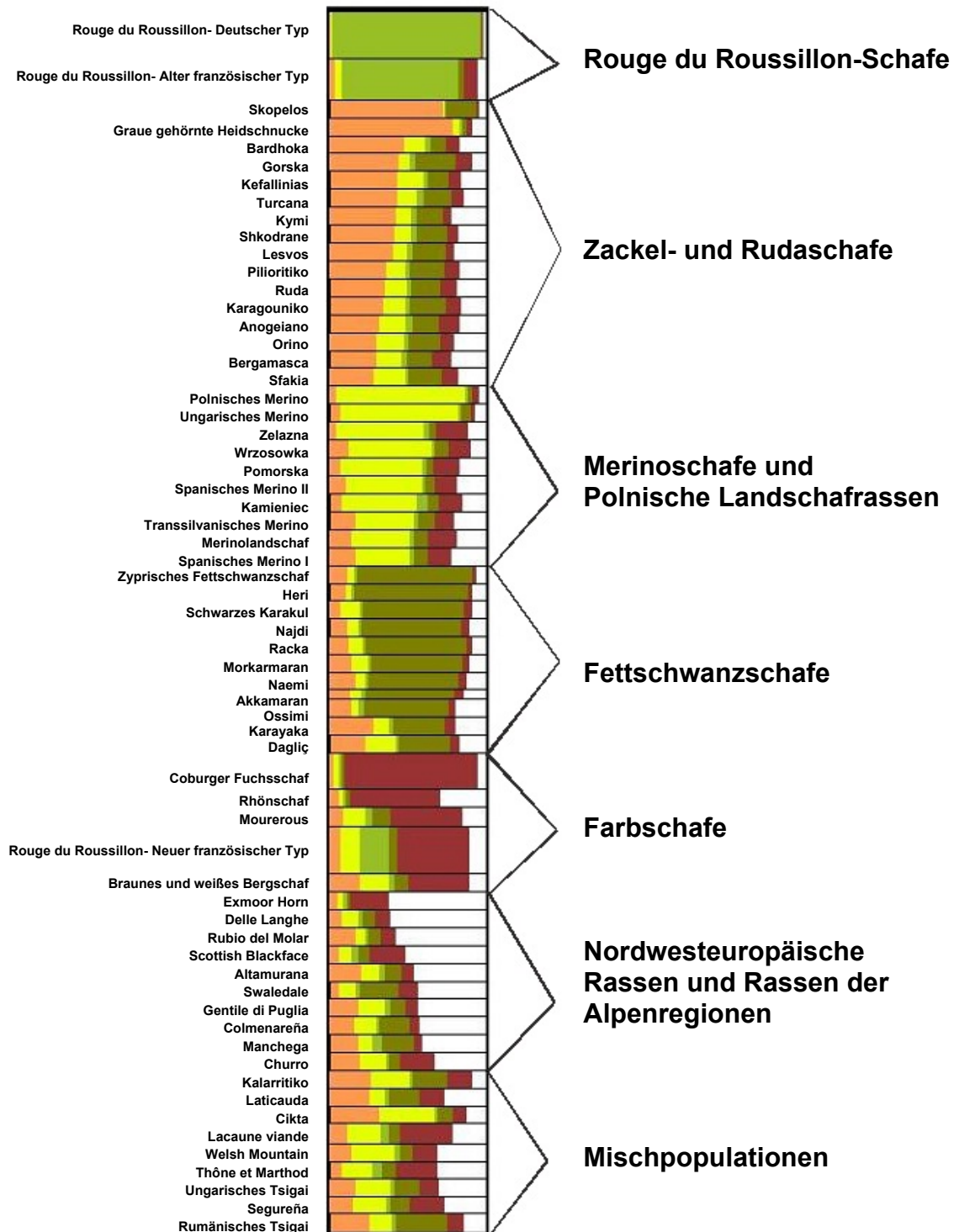


Abbildung 10: Graphische Darstellung der jeweiligen Subpopulationsanteile bei Annahme von $k=6$ Subpopulationen am Beispiel eines Laufes.

Die Rassen wurden nach der Größe ihres Subpopulationsanteils sortiert. Die Breite der Spalten spiegelt die Anzahl der beprobten Tiere wieder.

4.3.5. Zuordnung von Individuen zu ihrer Ursprungspopulation

Es wurden im Rahmen dieser Untersuchung sowohl auf genetische Distanzen (D_A , D_S , D_C) als auch auf Allelfrequenzen basierende Methoden verwendet, um einzelne Tiere ihren Ursprungspopulationen zuzuordnen. Zusätzlich wurde das Bayes Theorem angewendet und jeweils 10.000 Individuen simuliert. Bei den simulierten Daten wurden nur diejenigen Individuen als korrekt zugeordnet angesehen, bei denen die Wahrscheinlichkeit der Zuordnung bei über 99 % lag.

Der höchste Anteil von korrekten Zuordnungen erfolgte mit der Methode auf Basis des Bayes Theorem (28,54 %), gefolgt von der genetischen Distanz nach Cavalli-Sforza (D_C) (27,73 %). Allein aufgrund der Allelfrequenzen konnte kein einziges Individuum korrekt zugeordnet werden. Die Zuordnung der Tiere mit Nei's genetischer Standarddistanz (D_S) ergab einen Anteil von 2,5 % korrekter Zuordnungen, Bei Verwendung von Nei's genetischer Distanz (D_A) gelang eine Zuordnung bei nur 0,27 % der Tiere (siehe Tabelle 21).

Bei der direkten Zuordnung der Individuen wurden deutlich höhere Werte erreicht. So konnten je nach Methode zwischen 90 % (D_C) und 97,09 % (Bayes Theorem) der Individuen korrekt zugeordnet werden. Bei dieser Methode konnten 94,37% der Tiere aufgrund von Allelfrequenzen korrekt zugeordnet werden. Bei den genetischen Distanzen lagen die Anteile bei 92,83 % (D_A) resp. 90,96 % (D_S) (siehe Tabelle 22).

Die Tiere des alten und des neuen französischen Typs wurden oft der jeweils anderen Population zugeordnet. In der Population der deutschen Rouge du Roussillon wurden alle Tiere in allen Analysen eindeutig dieser zugeordnet.

Tabelle 21: Zuordnung von 10.000 simulierten Individuen zu ihrer Ursprungspopulation nach verschiedenen Methoden: genetische Distanzen (D_A , D_S , D_C), Allelfrequenzen nach Paetkau et al. (1995) und Bayes Theorem nach Rannala und Mountain (1997)

	D_A %	D_S %	D_C %	Allelfrequenzen %	Bayes Theorem %
CF	0	0	11,29	0	12,9
LV	0	2,94	50	0	55,88
MOU	0	6,06	48,48	0	48,48
RdR-AF	0	0	42,25	0	40,85
RdR-D	1,61	4,76	10,71	0	10,71
RdR-NF	0	1,22	3,66	0	2,44
gesamt	0,27	2,5	27,73	0	28,54

Tabelle 22: Direkte Zuordnung der untersuchten Individuen zu ihrer Ursprungspopulation nach verschiedenen Methoden: genetische Distanzen (D_A , D_S , D_C), Allelfrequenzen nach Paetkau et al. (1995) und Bayes Theorem nach Rannala und Mountain (1997)

	D_A %	D_S %	D_C %	Allelfrequenzen %	Bayes Theorem %
CF	98,39	91,94	96,77	100	100
LV	94,12	88,24	94,12	94,12	97,06
MOU	93,94	94,12	90,9	96,97	100
RdR-AF	80,28	87,32	70,42	87,32	91,55
RdR-D	100	100	100	100	100
RdR-NF	90,24	84,15	87,8	87,80	93,9
gesamt	92,83	90,96	90	94,37	97,09

5. DISKUSSION

5.1. Eignung der Mikrosatelliten

Die FAO (1998) empfiehlt für Studien zur Untersuchung genetischer Diversität eng verwandter Populationen die Nutzung von Mikrosatellitenmarkern, die folgende Kriterien erfüllen:

- Zugang über eine öffentliche Domain (Internet)
- Kartierung und ungekoppelte Vererbung
- Mendelsche Vererbung
- speziesübergreifende Anwendungsmöglichkeit
- einfache und zuverlässige Typisierung
- Aufweisen von mindestens fünf Allelen und einem PIC-Wert von $> 0,6$

Die hier genutzten Marker gehören zu den von der FAO empfohlenen Markern für genetische Untersuchungen bei Schafen. Ihre Primersequenzen sind im Internet zugänglich, sie sind kartiert und werden nach den Mendelschen Regeln vererbt. Die Marker erfüllen auch die Forderungen nach der speziesübergreifenden Anwendungsmöglichkeit und der einfachen und zuverlässigen Typisierung.

Wie in Tabelle 13 ersichtlich weisen alle genutzten Mikrosatelliten weiterhin eine Allelzahl von mindestens fünf Allelen auf, bei einzelnen Populationen trifft dieses Kriterium jedoch nicht zu. Besonders häufig unterschreitet die beobachtete Allelzahl diesen Wert bei der Population der deutschen Rouge du Roussillon-Schafe. Dies ist mit der Zuchtgeschichte der Population zu erklären. Die Gesamtheit von ca. 80 Tieren ist aus einer Gruppe von ursprünglich 14 Gründertieren (12 Mutterschafe, 2 Böcke) entstanden (Steger, 1984). Bei einer so engen genetischen Basis kommt es zu einem dramatischen Anstieg der Inzucht und dadurch zu einer Verringerung der genetischen Diversität in der Population.

Diese Beobachtung zieht sich auch durch die anderen erhobenen Ergebnisse dieser Studie, wie z.B. erwartete und beobachtete Heterozygotie und Anzahl privater Allele. Die PIC-Werte lagen bei 13 der 15 genutzten Mikrosatellitenmarker bei den von der FAO geforderten Werten von $>0,6$ (siehe Tab. 14). Die Marker *BM8125* und *MAF214* lagen mit Werten von 0,464 und 0,424 jedoch unter diesem Wert. Da diese Marker in anderen Studien bei Schafen (Peter et al., 2007, Hoda et al., 2009, Ivanković et al., 2005) genutzt wurden und in diesen PIC-Werte über 0,6 erreichte, muss davon ausgegangen werden, dass die Ursache für die niedrigen Werte in der geringen Allelzahl in einzelnen der hier untersuchten Populationen liegen.

5.1.1. Abweichungen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht

Der Marker *OarJMP29* zeigt in allen Populationen außer der deutschen Population des Rouge du Roussillon-Schafes signifikante Abweichungen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht. Eine mögliche Ursache dafür ist das Vorliegen eines Nullalleles. Nullallele basieren auf Punktmutationen im Primer-bindenden Abschnitt der Mikrosatelliten. Die Mutation verhindert die Bindung des Primers und damit die Amplifikation des Allels (Chapuis und Estoup, 2007).

Weitere mögliche Ursachen wären der Wahlund- Effekt oder die Auswirkungen von Inzucht in der Population. Beim Wahlund- Effekt wird die Heterozygotie der Population durch die Strukturierung in Unterpopulationen reduziert. Wenn zwei oder mehr Unterpopulationen unterschiedliche Allelfrequenzen haben, ist die gesamte Heterozygotie reduziert, selbst wenn sich die Unterpopulationen im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht befinden (Veith et al., 1999). Sowohl der Wahlund-Effekt wie auch die Inzucht würden jedoch Einfluss auf alle untersuchten Marker haben und kommen somit nicht ausschließlich für die Abweichung vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht in Frage. Möglicherweise sind alle drei Ursachen am Abweichen des Markers vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht beteiligt.

Die Abweichungen bei allen restlichen Markern treten vereinzelt in unterschiedlichen Populationen und am häufigsten in der deutschen Population des Rouge du Roussillon-Schafes auf. Damit Populationen im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht sind, müssen mehrere Annahmen erfüllt sein: zufällige Paarung (Panmixie), unendlich große Population, vernachlässigbare Migration, nichtüberlappende Generationen, keine Selektion und Mutation (Lowe et al., 2004). Keine der Annahmen ist bei dieser Population erfüllt.

Des Weiteren besteht eine bedeutende Inzuchtproblematik in dieser Tiergruppe, da sie auf wenigen Gründertieren basiert und noch immer eine geringe Populationsgröße aufweist. Daher sind diese Abweichungen am wahrscheinlichsten auf die Inzuchtproblematik und dem daraus resultierenden Homozygotenüberschuss zurückzuführen. Jedoch kann auch der Wahlund-Effekt nicht komplett ausgeschlossen werden.

5.1.2. Private (rassespezifische) Allele

Die Anzahl der privaten Allele einer Population gegenüber anderen Populationen kann als genetische Distanz gedeutet werden. Je mehr private Allele eine Gruppe aufweist, desto

weniger hat sie mit den anderen Gruppen gemeinsam und desto weiter ist sie dementsprechend genetisch von den anderen entfernt (Aliczki et al., 2007).

Da die Stichproben der untersuchten Populationen ungleich groß waren, muss davon ausgegangen werden, dass auch das Verhältnis der gefundenen privaten Allele verzerrt sein kann. Firestone et al. (2000) zeigen durch Simulationen, dass bei Stichproben von mindestens 30-40 Individuen in den meisten Fällen das richtige Verhältnis an privaten Allelen gefunden werden kann. Aufgrund der geringen Frequenzen der privaten Allele in dieser Studie sind die Ergebnisse vorsichtig zu interpretieren und eher als Tendenz zu werten.

Die Rasse Lacaune viande ist mit 12 rassespezifischen Allelen, von denen zwei Frequenzen von >5% aufwies, am stärksten von den anderen untersuchten Populationen differenziert, obwohl in dieser Population (und der Population der Mourerous-Schafe) eine kleinere Stichprobe als in den restlichen Populationen untersucht wurde (siehe Tabelle 16 und Tabelle B im Anhang). Auch die beiden anderen Referenzrassen Mourerous und Coburger Fuchsschaf zeigten mit 7 bzw. 4 rassespezifischen Allelen eine starke Differenzierung. Auffällig ist auch die deutliche Differenzierung des neuen Typs der französischen Rouge du Roussillon-Schafe mit 9 rassespezifischen Allelen, während beim alten französischen Typ nur zwei und in der deutschen Population der Rasse nur ein rassespezifisches Allel zu finden war. Das kann dadurch bedingt sein, dass die deutsche und die alte französische Population des Rouge du Roussillon-Schafes insgesamt eine geringere Diversität aufweisen. Die Ursache dafür liegt vermutlich an der begrenzten Allelzahl, die durch die geringe Anzahl an Gründertieren in der Gründerpopulation verursacht ist (Goodman, 1999). Da der neue französische Typ der Rouge du Roussillon insgesamt eine deutlich höhere Anzahl an Allelen aufweist (s. Tabelle 13), kann vermutet werden, dass in dieser Population mehr Gründertiere vorhanden gewesen sein müssen. Aufgrund der Zuchtgeschichte der Rouge du Roussillon können diese jedoch nur aus anderen Rassen stammen (Steger, 1994).

5.2. Diversität innerhalb der Populationen

Die erwartete Heterozygotie lag bei allen untersuchten Populationen über der beobachteten Heterozygotie. Das weist auf ein Heterozygotendefizit hin.

Die Werte für die beobachteten Heterozygotie lagen mit Werten zwischen 0,53 (deutsche Population des Rouge du Roussillon-Schafs) und 0,71 (Lacaune viande) (siehe Tabelle 16). Das sind bei Schafpopulationen Werte im erwarteten Bereich (Arranz et al., 2001; Baumung et al., 2006; Peter et al., 2007). Die niedrigsten Werte wiesen die deutsche Population (0,526)

und der alte Typ der französischen Population (0,620) des Rouge du Roussillon-Schafes auf. Das lässt sich aus der geringen Anzahl von Gründertieren und hohen Inzucht in diesen beiden Populationen erklären. Der neue französische Typ des Rouge du Roussillon-Schafes zeigte mit 0,692 eine deutlich höhere beobachtete Heterozygotie als die beiden anderen Populationen der Rasse. Das kann in der höheren Tieranzahl und damit breiteren genetischen Basis dieses Typs begründet sein oder für eine Einkreuzung anderer Rassen sprechen.

Die Referenzrassen lagen mit Werten zwischen 0,691 (Coburger Fuchsschaf) und 0,715 (Lacaune viande) im mittleren Bereich der bei Schafpopulationen erwarteten Werte.

5.3. Genetische Distanzen zwischen den Populationen

Bei den genetischen Distanzen fällt auf, dass der neue französische Typ zu den Referenzrassen in allen Berechnungsmodellen niedrigere genetische Distanzen aufweist als zu den Subtypen der eigenen Rasse. Ähnliche Ergebnisse zwischen verschiedenen Subpopulationen einer Rasse fanden auch Činkulov et al. (2008b) bei der Untersuchung von zwei Subtypen des serbischen Tsigai-Schafes und Diez- Tascón et al. (2000) bei 6 Merinoschafpopulationen.

Zu der Referenzrasse Lacaune viande sind die Distanzen jedoch auffällig niedrig. Da es sich bei der Rasse Lacaune viande um eine lokale Fleischrasse handelt und der neue Typ der Rouge du Roussillon in den letzten Jahren verstärkt in Richtung Fleischnutzung gezüchtet wurde (Germain, 2008), kann eine Verwendung des Lacaune viande-Schafes in der Zucht vermutet werden.

Die deutsche Population zeigt insgesamt große genetische Distanzen zu den anderen untersuchten Populationen. Dies kann durch die Inzucht, die geringe Tierzahl und die fehlende Migration aus anderen Populationen in die Tiergruppe erklärt werden. Diese Faktoren bewirken, dass durch genetische Drift und fehlenden Genfluss einzelne Allele an bestimmten Genorten schneller fixiert und die genetischen Distanzen dadurch größer werden (Slatkin, 1985).

Der deutsche und der alte französische Typ zeigen jedoch noch immer eine geringe genetische Distanz. Das kann auf den gemeinsamen Ursprung aus derselben Herde zurückgeführt werden. Auch der alte und der neue französische Typ sind genetisch noch eng verwandt. Die Distanz zwischen diesen beiden Typen ist vermutlich innerhalb der letzten 17 Jahre nach Aufspaltung der beiden französischen Typen entstanden und zeigt Werte in einem ähnlichen Bereich wie die Distanzen zwischen der deutschen und der alten französischen Population,

welche seit 30 Jahren separiert sind. Diese Ergebnisse sprechen wiederum für eine Einkreuzung im neuen französischen Typ.

5.3.1. F-Statistik

Die genetische Differenzierung zwischen den Populationen, gemessen anhand der F_{ST} -Werte, betrug im Mittel 0,112. Nach der Einteilung von Hartl und Clark (2007) sprechen die hier erhobenen Werte für eine moderate genetische Differenzierung zwischen den Populationen.

Das bedeutet weiterhin, dass 11% der genetischen Differenzierung zwischen den Rassen besteht, während die verbleibenden 89% innerhalb der Populationen zu finden sind. Damit übertrifft die Differenzierung die vieler anderer Studien an Schafen: sie liegt deutlich höher als die von Álvarez et al. (2004) bei sechs spanischen Schafrassen (6%) oder die von Tapio et al. (2003) bei sieben baltischen Schafrassen erhobenen Werte (8,8%). Auch bei der Untersuchung von Peter (2005) an 57 Rassen Europa und des Nahen Ostens lag der Wert bei nur 6%. Ähnliche Werte wie bei unserer Untersuchung fand Činkulov (2008) bei seiner Differenzierung des alten und des neuen Typs des serbischen Tsigai Schafes (11%). Werte von 16,3% fanden Farid et al. (2000) zwischen nordeuropäischen und afrikanischen Rassen. Somit liegt die Differenzierung deutlich über den Werten, die bei Rassen einer Region zu erwarten waren.

5.4. Einordnung der Rassen in den europäischen Kontext

5.4.1. Hauptkomponentenanalyse

Die Ergebnisse der Hauptkomponentenanalyse zeigen deutliche Unterschiede zu den Ergebnissen der Studie von Peter (2005) mit 28 Mikrosatellitenmarkern und den auch hier verwendeten 57 Schafrassen Europas und des Nahen Ostens auf.

Dort ordneten sich die Ossimi-Schafe (OSS) nahe der Rassen Akkamaran (AKK), Pilioritiko (PIL) und Morkamaran (MOR) ein. Die Rassen Exmoor Horn (EXH) und Graue gehörnte Heidschnucke (GGH), die sich bei Peter deutlich von den anderen europäischen Rassen separierten, sind auch in dieser Untersuchung von den anderen Rassen abgegrenzt, jedoch nicht so deutlich. Die Rassen Swaledale (SDL) und Rhönschaf (RHO) sind in der vorliegenden Analyse nicht mehr von den anderen Rassen separiert, wie es bei Peter der Fall war. Die unterschiedlichen Ergebnisse dieser Studie und der Studie von Peter (2005) lassen sich aus der unterschiedlichen Anzahl der genutzten genetischen Marker erklären. Für die Haupt-

komponentenanalyse wurden in Peters Arbeit 28 Mikrosatellitenmarker verwendet, in unserer Studie nur 11 dieser Marker. Rassen können in einzelnen Markern jedoch große Unterschiede in der Allelfrequenz aufweisen, welche wiederum einen großen Einfluss auf die genetischen Distanzen zwischen den Rassen haben. Wenn diese Marker in anderen Untersuchungen nicht genutzt werden, fallen demzufolge die Ergebnisse anders aus.

Als Beispiel ist die Population der Grauen gehörnten Heidschnucke (GGH) anzuführen. Diese zeigt in der Arbeit von Peter (2005) eine deutliche Separierung von den anderen untersuchten Rassen auf und zeigt die größten genetischen Distanzen der Studie. Im Mikrosatellitenmarker *OarFCB193* hat sie bei den Allelen *OarFCB193*¹²⁹ (0,37) und *OarFCB193*¹³¹(0,32) die höchsten Allelfrequenzen, während alle anderen untersuchten Rassen mit Allelfrequenzen zwischen 0,22 (NAE) und 0,98 (EXH) beim Allel *OarFCB193*¹¹⁵ die höchste Frequenz zeigen. Bei diesem Allel erreicht die GGH nur eine Frequenz von 0,05. Somit trägt dieser – in dieser Studie nicht verwendete – Marker maßgeblich zur Separierung der Rasse bei. Dasselbe ist für andere Marker zu vermuten, die in dieser Studie nicht verwendet wurden.

Das bedeutet im Umkehrschluss auch, dass eine Analyse mit einer geringeren oder größeren Anzahl von Markern auch die Ergebnisse dieser Studie verändern könnte.

Die deutliche Abgrenzung des neuen Typs der Rouge du Roussillon vom alten Typ und der deutschen Population kann jedoch als gesichert angesehen werden, da hier dieselbe Markeranzahl genutzt wurde. Zudem findet sich diese Beobachtung in anderen erhobenen Parametern wieder (siehe z.B. genetische Distanzen, Bayesian Model-based Clustering-Methode, phylogenetische Bäume).

Auch die deutliche Abgrenzung der gesamten Rasse Rouge du Roussillon von den übrigen europäischen Schafrassen konnte in den oben genannten Analysen bestätigt werden. Dies spricht für eine genetische Einzigartigkeit kombiniert mit einem hohen Grad der Gefährdung der Rasse. Daher sollte die Rasse einen hohen Stellenwert bei der Priorisierung für Erhaltungsmaßnahmen einnehmen (Gandini und Villa, 2003, Oldenbroek, 1999).

5.4.2. Phylogenetische Bäume

Die Einordnung der hier untersuchten Rassen im gesamteuropäischen Konsensusbaum zeigt deutlich ihre Nähe zu den Rassen ihrer Ursprungsregionen auf.

Alle Populationen der ursprünglich rein französischen Rouge du Roussillon finden sich in unmittelbarer Nähe zu den anderen französischen Rassen in dieser Analyse, den Thône et Marthod (THM), Mourerous (MOU) und Lacaune viande (LV) wieder. Die kurze Zeit seit

1981 reichte zwar aus um eine Verzweigung zwischen der deutschen Population und dem alten französischen Typ hervorzubringen, die Nähe aufgrund des identischen Ursprungs blieb jedoch erhalten. Weiterhin findet sich die spanische Rasse Segureña (SGR) im selben Knoten wieder. Die Nähe zum Segureña- Schaf kann durch die geographische Nähe zu Spanien und durch eine Verwendung von Merino-Schafen bei der Entstehung dieser Rassen erklärt werden (Mason, 1996, Steger, 1994).

Die Referenzrasse Coburger Fuchsschaf wiederum bildet einen gemeinsamen Knoten mit den Rhönschafen - beides deutsche Landschaftsrassen aus dem mitteldeutschen Raum. Insgesamt finden sich die untersuchten Rassen eingebettet in den nordeuropäischen Schafrassen wieder.

5.5. Zuordnung von Individuen zu ihren Ursprungspopulationen

Bei der Zuordnung von Individuen zu ihren Ursprungspopulationen wurden die Tiere des alten und des neuen französischen Typs oft der jeweils anderen Population zugeordnet. Das ist dadurch erklärbar, dass in den letzten Jahren bekanntermaßen ein Austausch von Zuchttieren stattgefunden hat. Auffällig oft wurden jedoch auch Tiere des neuen französischen Typs der Rouge du Roussillon-Schafe der Rasse Coburger Fuchsschaf zugeordnet. Diese Beobachtung korreliert mit den niedrigen Werten der genetischen Distanzen zwischen diesen beiden Populationen. Dies könnte auf einen Zuchteinsatz von Tieren der jeweils anderen Rasse hindeuten. Aus der Zuchtgeschichte der beiden Rassen (Zanker, 1982, Steger, 1994, Association des éleveurs de brebis des races Raïole, Caussenarde et Rouge du Roussillon, 2006) und bei persönlichen Gesprächen mit den Zuchtleitern der Rassen konnten jedoch keinerlei Hinweise auf eine solche Einkreuzung finden. Bei Zanker (1982) wird jedoch der Einsatz von Zuchtböcken des Solognot-Schafes in das Coburger Fuchsschaf beschrieben. Bei der Rasse Solognot handelt es sich ebenfalls um eine bedrohte Fuchsschafrasse, die im Norden Frankreichs im Département Loir-et-Cher beheimat ist. Möglicherweise wurde diese Rasse auch bei der Zucht des neuen französischen Typs eingesetzt. Um das zu beweisen, wären jedoch weitere Untersuchungen nötig.

In der Population der deutschen Rouge du Roussillon wurden alle Tiere in allen Analysen eindeutig dieser zugeordnet. Dies unterstreicht die genetische Differenzierung und Einzigartigkeit des Subtyps.

5.6. Deutsche Population des Rouge du Roussillon-Schafes

In der deutschen Population des Rouge du Roussillon-Schafes konnte eine hohe Inzucht durch verschiedene Parametern dargestellt werden. Es ergaben sich aus der Analyse der Pedigree-daten ein Inzuchtkoeffizient von 4,32% und eine effektive Populationsgröße von 37,33 Tieren bei einer Bestandsgröße von 81 lebenden Tieren. Weiterhin zeigte die Population eine geringe Allelzahl von durchschnittlich 4,8 Allelen pro Marker. Auch die beobachtete (H_O) und erwartete (H_E) Heterozygotie lagen mit Werten von 0,526 resp. 0,536 im unteren erwarteten Bereich für europäische Schafrassen. Die Rasse wies zudem keine privaten Allele mit Frequenzen von $> 5\%$ auf. Diese Effekte sind aus der Zuchtgeschichte der Population zu erklären, da diese mit nur 12 weiblichen und 2 männlichen Tieren 1981 gegründet wurde (Steger, 1994) und unter künstlicher Selektion auf phänotypische Merkmale mit begrenzter Bockanzahl gezüchtet wurde.

Bei der Einordnung der Rasse in einen europäischen Kontext zeigt sich eine deutliche Separierung von allen anderen Rassen. Die Rasse ordnet sich geographisch bei den nord-europäischen Schafrassen ein, der alte französische Typ und die deutsche Population beziehen jedoch eine Sonderstellung separat von allen anderen Rassen. Dies spricht für die genetische Einzigartigkeit der Rasse und für die Notwendigkeit diese zu erhalten.

Sinnvolle Maßnahmen zur Erhaltung der Rasse wären die finanzielle Unterstützung der Züchter, ein langfristig angelegter Zuchtplan und Tieraustausche mit Züchtern vom alten französischen Typ.

5.7. Alter französischer Typ des Rouge du Roussillon-Schafes

Der alte Typ des französischen Rouge du Roussillon-Schafes ist der kleinste und leichteste Subtyp der Rasse. Die Population ist phänotypisch homogen. Derzeit gibt es nur noch zwei Halter dieses Typs. In den genetischen Analysen zeigt sich eine deutliche Separierung von den anderen europäischen Rassen. Eine große Nähe zur deutschen Population wird in allen Analysen deutlich. Der alte französische Typ zeigt eine mittlere genetische Variabilität und einen Homozygotenüberschuss. Dieser ist auch bei dieser Population durch die begrenzte Tieranzahl und die dadurch verursachte Inzucht zu begründen, obgleich sie nicht so ausgeprägt ist wie in der deutschen Population. Zudem sind in dieser Population zumindest in einzelnen Herden in den letzten Jahrzehnten Einkreuzungen durchgeführt worden (Massoubre, 2008). Die große genetische Nähe zur reinrassig gezüchteten deutschen

Population in den verschiedenen Analysen zeigt jedoch, dass in dem Subtyp noch weitestgehend Genotypen der Ursprungsherde von 1981 erhalten sind.

5.8. Neuer französischer Typ des Rouge du Roussillon-Schafes

Der neue französische Typ des Rouge du Roussillon-Schafes ist die zahlenmäßig am stärksten vertretene Population dieser Rasse mit einer absoluten Tieranzahl von 3500 Tieren. Er ist phänotypisch wesentlich inhomogener als die beiden anderen Subtypen der Rassen. Dieses Phänomen konnte auch Činkulov et al. (2008b) beim neuen Typ des serbischen Tsigai-Schafes beobachten, bei der die Autoren Einkreuzungen anderer Rassen nachwiesen. Verschiedene Analysen liefern auch beim neuen französischen Typ der Rouge du Roussillon-Schafe Hinweise auf Einkreuzungen in diese Population. Sie zeigt eine deutlich höhere Heterozygotie (siehe Tabelle 16) als die beiden anderen Subtypen und weist eine durchschnittliche Allelzahl von 9,93 Allelen pro Marker auf. Dieser Wert liegt höher als bei den anderen Subtypen der Rasse. Das deutet auf eine größere Anzahl an Gründertieren hin, die aufgrund der Zuchtgeschichte nur aus anderen Rassen stammen können (Goodman, 1999). Bei der Bayesian Model-based Clustering Analyse und der Hauptkomponentenanalyse trennt sich die Population deutlich von den beiden anderen Populationen. Auch zeigt sie hohe genetische Distanzen zum deutschen Rouge du Roussillon-Schaf und ist vom alten französischen Typ trotz einer Trennung der Populationen von nur 17 Jahren deutlich differenziert. Sie zeigt in allen Analysen eine große genetische Nähe zu den Referenzrassen, insbesondere zu der Rasse Lacaune viande. Durchgehend ist die genetische Nähe zu dieser Rasse größer als zu den Subtypen der eigenen Rasse.

Durch die Einkreuzungen der anderen Rassen wurde eine höhere Körpergröße und somit ein höheres Schlachtgewicht der Tiere erreicht. Damit ist ein positiver Effekt für die Hauptvermarktungsrichtung der Rasse als Fleischschaf erzielt worden.

Es muss jedoch davon ausgegangen werden, dass besondere und seltene Allelkombinationen, die durch Anpassung der Tiere an ihre Haltungsbedingungen über lange Zeit entstanden sind, durch Einkreuzungen und Selektion auf Leistung verloren gehen. Das kann man in den Analysen dieser Studie in soweit beobachten, als das sich der neue französische Schlag in wesentlich größerer Nähe zu den anderen europäischen Rassen wieder findet als die beiden anderen Subtypen der Rouge du Roussillon-Schafe, in denen eine Reinzucht betrieben wurde. Durch eine gemeinsame Zucht dieses Subtyps mit den beiden anderen Subtypen würde man demnach den Verlust seltener Allele und der genetischen Einzigartigkeit der Rasse riskieren.

Eine Zucht ohne diesen Subtyp würde andererseits die Gesamtanzahl der Rasse in Reinzucht auf ca. 230 Tiere reduzieren, was eine sehr schmale genetische Basis für die Erhaltungszucht bedeutet.

Ein Einbezug der Tiere des neuen französischen Typs in eine gemeinsame Zucht würde den Bedrohungsstatus der Rasse anhand der reinen Tierzahlen von „kritisch“ auf „nicht gefährdet“ verbessern (FAO, 2007), würde jedoch langfristig zum Verlust der rasseeigenen Merkmale und genetischen Ursprünge der Rasse führen.

5.9. Beziehung zwischen dem alten französischen und dem deutschen Typ der Rouge du Roussillon-Schafe

Die beiden Populationen stammen aus derselben Ursprungsherde, die 1981 geteilt wurde. Die deutsche Population wurde seither reinrassig gezüchtet, bei der französischen Herde gibt es keine Angaben über die jüngere Zuchtgeschichte. Die Züchter der untersuchten Herden gaben an, die Rasse seit ca. 15 Jahren zu halten und vorwiegend reinrassige Zucht zu betreiben. Ein Züchter hat jedoch vor ca. 4 Generationen einmalig Tiere der Rasse Limousin eingekreuzt um Inzuchteffekte zu mindern (Massoubre, 2008). Der alte französische Schlag zeigt eine höhere genetische Variabilität innerhalb der Population als der deutsche Typ. Das kann durch die höhere Anzahl an Tieren begründet sein, durch eine höhere Anzahl an Gründertieren oder durch eine nicht so streng betriebene Reinzucht.

Die genetische Distanz zwischen beiden Typen ist auf genetische Drift zurückzuführen und nach einer Separierung von 30 Jahren als gering anzusehen (Činkulov, 2008). Auch ordnen sich beide Typen in den durchgeführten Analysen immer nah beieinander ein und sind immer gemeinsam separiert von den Referenzrassen und den anderen europäischen Rassen zu finden. Auch phänotypisch sind sich beide Typen sehr ähnlich. Das höhere durchschnittliche Gewicht der deutschen Population kann durch eine bessere Futtersituation erklärt werden. Daher sollten die beiden Populationen in einer gemeinsamen Zucht vereint werden. Dies würde die Tieranzahl für diese stark gefährdet Rasse erhöhen und bietet die Möglichkeit die Inzucht in beiden Populationen zu verringern. Ein Tieraustausch zwischen beiden Populationen wird daher empfohlen. Weiterhin sollten die französischen Halter der Rasse Aufzeichnungen über ihre Tiere anlegen um in der alten französischen Population in Zukunft eine Pedigree-basierte Zuchtplanung zu ermöglichen.

5.10. Vollständigkeit der Pedigreedaten und Inzuchtkoeffizient

Der Vollständigkeitsindex der Pedigreedaten zeigt, dass teilweise große Lücken in den Aufzeichnungen vorhanden sind. Das hat verschiedene Ursachen: zum einen gab es beim größten Halter in Deutschland, dem Tiergarten Nürnberg, in einigen Jahrgängen Unklarheiten, welcher Zuchtbock zum Einsatz gekommen ist, da mehrere männliche Tiere mit der Mutter-schafherde zusammen gehalten wurden. Zum anderen ist die Qualität der Daten der anderen Züchter sehr unterschiedlich. Während einige Züchter sehr gewissenhafte Aufzeichnungen ihrer Zuchtdaten beisteuern konnten, gab es bei anderen größere Lücken. Beim Haustierpark Arche Warder gingen im Laufe der wirtschaftlichen Insolvenz und Neugründung 2003 nicht nur zahlreiche Zuchtbücher verloren, es verschwanden auch Tiere.

Dank der jahrzehntelangen, gründlichen Dokumentation des Tiergarten Nürnberg ist der Umfang der Daten jedoch als ausreichend anzusehen, um die wichtigsten Analysen robust durchzuführen.

Der Inzuchtkoeffizient der Population liegt bei Betrachtung aller vorhandenen Daten bei 4,32%. Dieser Wert liegt im Vergleich mit anderen Studien an Schafpopulationen im mittleren Bereich. Danchin-Burge et al. (2010) untersuchten sieben bedrohte französische Schafrassen und ermittelten Inzuchtkoeffizienten zwischen 1,9 % und 7,7 %. Norberg und Sørensen (2007) untersuchten drei dänische Fleischschafrassen und erhielten Werte zwischen 5,7% und 10,2 %.

Wie sich in dieser Studie zeigt, steigt der Inzuchtkoeffizient deutlich an, wenn man nur Individuen betrachtet, bei denen mehr als 50% der Ahnen bekannt sind (siehe Tabelle 11). Daher ist davon auszugehen, dass der wahre Inzuchtkoeffizient der Population deutlich über dem errechneten Wert von 4,32% und damit im oberen erwarteten Bereich liegt. Dies sollte den Züchtern deutlich vermittelt werden, um sie nicht mit einem unterschätzten Inzuchtwert in vermeintlicher Sicherheit zu wähen.

5.11. Zuchtplanung

Die effektive Populationsgröße der deutschen Population liegt bei 37,33 Tieren. Da die effektive Populationsgröße der Rasse unter 50 Tieren liegt, fällt sie laut Nationalem Fachprogramm in die Kategorie „Phänotypische Erhaltungszuchtpopulation“ (PERH). Es wird eine Sicherung des Genbestandes durch Kryokonservierung empfohlen. Die Chance der langfristigen Erhaltung der Rasse als Lebendpopulation wird als gering angesehen (BMELV,

2008). Bei dieser Einstufung wird als einziger Parameter die effektive Populationsgröße herangezogen. Diese würde jedoch höher ausfallen, wenn es gelingt Tiere der französischen Population in die Zucht zu integrieren.

Danchin-Burge et al. (2010) fanden bei sieben bedrohten französischen Schafrassen effektive Populationsgrößen zwischen 65 und 231 Tieren; Wagner (2010) beim Bentheimer Landschaf einen Wert von 547 Tieren. Dass der Wert in der deutschen Population der Rouge du Roussillon-Schafe so niedrig liegt unterstreicht den hohen Bedrohungsstatus der Population.

Der erwartete Inzuchtzuwachs (ΔF) der deutschen Population liegt bei 1,39 % pro Generation. Ein durchschnittlicher erwarteter Inzuchtzuwachs beträgt etwa 0,5 % - 1 % (Carolino und Gama, 2008; Sørensen et al., 2005; Huby et al., 2003). Dieser Wert wird hier deutlich überschritten. Es sollte ein Anliegen der zukünftigen Zuchtplanung sein die effektive Populationsgröße zu erhöhen. Dies soll zum einen dadurch erreicht werden, dass durch Zuchtplanung im Programm OPTIMATE (Schmidt, 2002) im Voraus die Inzuchtkoeffizienten von Nachkommen bestimmter Anpaarungen simuliert werden können und dadurch der optimale Bock zur Reduktion der Inzucht für die bestehenden Mutterschafgruppen ermittelt werden kann.

Für die paarungsfähigen weiblichen Tiere wurde somit der Bock aus dem Gesamtbestand der Population ermittelt, der den geringsten durchschnittlichen Inzuchtzuwachs bei den Nachkommen mit allen weiblichen Tieren der Gruppe hätte. Diese Böcke sollen im Laufe des Jahres zu den entsprechenden Herden gebracht und in der kommenden Decksaison eingesetzt werden. Es werden langfristig Bockzahlen von 30-40 Vätern angestrebt, wie vom Nationalen Fachprogramm für Populationen mit Natursprung empfohlen (BMELV, 2008). Derzeit gibt es 19 paarungsfähige Böcke.

Ab 25 Vatertieren kann man bei gleichmäßigem Einsatz Geschwister- und Halbgeschwisterpaarungen weitgehend vermeiden. Diese Anzahl an eingesetzten Böcken sollte bald erreicht werden, wenn möglich auch unter Einsatz französischer Böcke vom alten Typ.

Auch Eltern-Nachkommen-Anpaarungen sollen durch regelmäßige Bockaustausche unter den Züchtern möglichst vermieden werden. Weiterhin sollte auf ein langes Generationsintervall geachtet werden.

Das erhöht auf lange Sicht auch die Leistungsparameter Fruchtbarkeit, Gesundheit und Langlebigkeit in der Population (BMELV, 2008). Die Reduktion der Inzucht muss unabhängig von Leistungsparametern als ein Hauptziel der Zuchtplanung angesehen werden.

Durch ein gezieltes Zuchtprogramm und verbindlichen jährlichen Zuchtbockeaustausch, z.B. im Rahmen des schon etablierten jährlichen Züchtertreffens, können diese Ziele erreicht werden.

Dafür muss die Datenbank, die für diese Arbeit erstellt wurde, weiter gepflegt werden und jährlich zur Zuchtsaison die für die existierenden Mutterschafgruppen optimalen Böcke nach dem beschriebenen Verfahren ermittelt werden.

Zum anderen sollte ein Einsatz von französischen Zuchttieren des alten Typs in der deutschen Population angestrebt werden. Diese Tiere würden nicht nur die effektive Populationsgröße auf einen Schlag deutlich erhöhen, sie würden auch die Inzucht reduzieren, da sie nach einer Separierung der Herden von nunmehr 30 Jahren als unverwandte Tiere angesehen werden könnten und daher bei allen Anpaarungen Nachkommen mit einem Inzuchtkoeffizienten von 0% entstehen würden. Der hohe finanzielle Aufwand von Tiertransporten zwischen Südfrankreich und Deutschland, die fehlenden Kontakte zwischen den deutschen und französischen Züchtern und die Sprachbarriere sind als Gründe dafür anzusehen, dass es in der Vergangenheit nur einen Tieraustausch mit französischen Züchtern gab. Ein gemeinsamer Zuchtverein der deutschen und französischen Halter und ein Ausbau der Kontakte mit regelmäßigem Informationsaustausch sollte organisiert werden. Da die französischen Züchter jedoch keinerlei Aufzeichnungen führen, ist es schwierig sicherzustellen, dass die Tiere nicht verwandt sind.

5.12. Situation der Rasse in Deutschland und Frankreich

Im deutschen Tierzuchtgesetz von 2006 wird die Bedeutung der tiergenetischen Ressourcen auch auf nationaler Ebene betont. Als wesentliche Maßnahme zur nachhaltigen Erhaltung ist die Durchführung eines regelmäßigen Bestandsmonitorings der einheimischen Nutzierrassen festgelegt. Damit soll eine mögliche Gefährdung von Rassen rechtzeitig erkannt werden. Bei einer im Rahmen des Monitorings erkannten Gefährdung einer Rasse sind jedoch keine gesetzlichen Maßnahmen vorgesehen, mit denen etwa eine Zuchtorganisation zur Fortführung eines Zuchtprogramms oder zur Einleitung eines Erhaltungszuchtprogramms verpflichtet wird. Das Gesetz sieht weiterhin die Anlage, Pflege und Verwaltung einer nationalen Kryoreserve vor. Fördermaßnahmen für gefährdete Nutzierrassen werden in Deutschland gemäß der ELER-Verordnung (2005) umgesetzt. Dies erfolgt zum einen durch Maßnahmen der einzelnen Bundesländer oder als gemeinsame Fördermaßnahme des Bundes und der Länder. Diese Fördermaßnahmen können auch mit EU-Mitteln kofinanziert werden.

Insgesamt 74 Maßnahmen für 45 verschiedene Rassen der Tierarten Pferd, Rind, Schwein, Schaf und Ziege werden laut BLE derzeit durchgeführt. Im Rahmen der Programme können u. a. folgende Unterstützungen gewährt werden (TGRDEU, 2010):

- Prämien für gehaltene Zuchttiere
- Wurfprämien
- Aufzuchtprämien
- Ankaufprämien für Tiere
- Unterstützungen für Züchtervereinigungen
- Bezuschussung der Gewinnung und Konservierung von Sperma- und Embryonen zum Gebrauch und zur Konservierung

Das Rouge du Roussillon-Schaf wird in Frankreich wie in Deutschland als bedrohte Haustierrasse eingestuft. Auf Grundlage des Nationalen Fachprogramms wird sie in Deutschland der Kategorie „Phänotypische Erhaltungszuchtpopulation“ (PERH) zugeordnet (BMELV, 2008). Ein offizielles Herdbuch existiert nicht. 2010 wurde ein erster Schritt für die Gründung eines Herdbuches getan, indem eine Rassebeschreibung für die deutsche Population der Vereinigung Deutscher Landschaftszuchtverbände (VDL) zur offiziellen Anerkennung eingereicht wurde. Finanzielle Förderung für die Haltung dieser Rasse erhält keiner der Züchter, da es sich laut Definition nicht um eine einheimische Rasse handelt. Aufgrund der langen Zuchtgeschichte in Deutschland und dem hohen Anteil der deutschen Tiere an der Gesamtpopulation sollten die deutschen Züchter in ihrer Arbeit auch finanziell unterstützt werden. Innereuropäische Grenzen sollten im Zeitalter der immer enger zusammenwachsenden Europäischen Union dabei keine Rolle spielen.

In Frankreich ist die „Association des éleveurs des brebis des races Raïole, Caussenarde et Rouge du Roussillon“ unter der Dachorganisation „UPRA Lacaune“ die offiziell anerkannte Zuchtorganisation der Rasse. Diese Zuchtvereinigung besteht jedoch ausschließlich aus Züchtern des neuen französischen Typs. Die Züchter haben eine Gebrauchszucht und primär eine kommerzielle Nutzung in den Fokus ihrer Zucht gestellt. Im Rahmen der Zuchtorganisation wird vom Zuchtleiter jährlich ein Bockaustausch organisiert. Dies gilt als das offizielle Erhaltungszuchtprogramm der Rasse. Die Halter, die in dieser Zuchtvereinigung organisiert sind, können Prämien für die Haltung bedrohter Haustierrassen aus nationalen und europäischen Mitteln beantragen. Die Höhe der Mittel und ob ein entsprechendes Förderprogramm existiert, ist je nach Departement verschieden. Die Voraussetzung für die Mitgliedschaft in der Zuchtorganisation ist eine Teilnahme am Bockaustauschprogramm. Für den

alten Typ gibt es keine Zuchtorganisation und keine Möglichkeit finanzielle Unterstützung zu beantragen, ohne die Reinzucht ihres Subtyps aufzugeben. Eine gemeinsame Zucht des alten und des neuen Typs ist aufgrund der Datenlage jedoch nicht zu empfehlen.

Der alte französische Typ sollte daher in Frankreich als eigenständiger Subtyp anerkannt werden und seine Erhaltung verstärkt gefördert werden. Weiterhin sind eine bessere Vernetzung und eine gemeinsame Zuchtplanung mit Maßnahmen zur Verringerung der Inzucht zwischen den Züchtern des alten Typs wünschenswert.

Die deutsche und die alte französische Population sollten auf politischer Ebene als eine gemeinsame Population erfasst und gemeinsam über Ländergrenzen in einem Zucht- und Förderprogramm betreut werden. Es sollte dringend angestrebt werden, weiterhin für genetischen Austausch zwischen der deutschen und der alten französischen Population zu sorgen.

5.13. Tierseuchensituation in der deutschen Population

Eine der größten Bedrohungen für Schafbestände in Deutschland stellte in den letzten Jahren die Blauzungenerkrankung (BT) dar. Die deutsche Population des Rouge du Roussillon-Schafes war jedoch von der Blauzungenerkrankung in Deutschland in den Jahren 2006 - 2009, an dem deutschlandweit mehr als 26.000 Wiederkäuer erkrankten (BMELV, 2010), nicht betroffen. In den Jahren 2008 und 2009 gab es eine landesweite Pflichtimpfung der Tiere gegen den Serotyp 8 des BT-Virus. Alle Züchter der deutschen Population ließen ihre Tiere in diesen Jahren impfen. Nach Aufhebung der Impfpflicht ist es zu empfehlen, die Impfung weiterhin durchzuführen, da es auch 2009 trotz der weitgreifenden Impfkampagne in Deutschland noch 142 bestätigte Fälle der Erkrankung gab und schon der Verlust weniger Tiere bei einer Rasse mit so geringer Tieranzahl einen hochgradigen genetischen Verlust darstellt.

Andere Infektionskrankheiten stellten in den vergangenen Jahren kein Problem für die Population dar. Die Tiere versterben laut Pathologieberichten des Tiergarten Nürnbergs (Baumgartner, 2010) aus den Jahren 1997 – 2009 hauptsächlich an Zahnproblemen im Alter und Erkrankungen verschiedener Organsysteme. Zudem scheint die Rasse sehr empfindlich auf Selen-/Vitamin-E-Mängel zu reagieren (Baumgartner, 2010, Steiner, 2010).

Die Dezentralisierung der Population sollte jedoch weiter betrieben werden, um den Verlust bei Ausbruch von Tierseuchen zu minimieren. Dafür empfiehlt es sich weitere Züchter zu motivieren, Zuchtgruppen der Rasse zu halten.

5.14. Ausblick für die Rasse

Mit einer effektiven Populationsgröße von nur 37 Tieren ist die züchterische Zukunft der Rasse sicherlich vorsichtig einzuschätzen. Bei einer Zusammenführung mit dem alten französischen Typ würde diese Kennzahl zwar deutlich steigen, bliebe jedoch weiterhin in einem sehr kritischen Bereich.

Da in dieser Studie die genetische Besonderheit der Rasse belegt werden konnte, sollte jedoch versucht werden, die seltenen Allelkombinationen der Rasse zu bewahren und die Erhaltung weiterhin zu fördern.

In den letzten Jahrzehnten engagierten sich die Züchter vor allem in Deutschland stark für den Erhalt der Rasse. Dies ist das große Potential dieser Rasse. Mit einer möglichen Verarbeitung der – für eine Landschaftsrasse ungewöhnlich feinen – Wolle und einem möglichen Einsatz in der Landschaftspflege könnten neue Nutzungs- und Vermarktungsstrategien etabliert werden. Als eine der größten Bedrohungen für die alte französische Population ist sicher eine Vermischung mit dem neuen Typ der Rasse anzusehen. Dies sollte dringend verhindert werden. Der alte französische Typ sollte von der FAO als eigenständiger Subtyp anerkannt und gefördert werden, ohne den Status des neuen französischen Typs in Frage zu stellen, da dieser kommerziell genutzt wird und somit vielen Tierhaltern eine Lebensgrundlage bietet.

ZUSAMMENFASSUNG

Ziel dieser Arbeit war es, die bedrohte Schafrasse Rouge du Roussillon aufgrund von phänotypischen und genotypischen Merkmalen zu charakterisieren, Populationsstrukturen aufzudecken und einen Erhaltungszuchtplan aufzustellen.

Dafür wurden 368 Tiere der in Frankreich und Deutschland vorkommenden Schafrasse und der Referenzrassen Coburger Fuchsschaf, Lacaune viande und Mourerous untersucht. Die genetische Variabilität innerhalb und zwischen den Populationen und die Populationsstrukturen wurden mithilfe von 15 Mikrosatellitenmarkern analysiert und die Rasse in den Kontext von 57 Schafrassen Europas und des Nahen Ostens eingeordnet. Phänotypische Daten und Pedigreedaten wurden erfasst und ausgewertet und ein Erhaltungszuchtplan für die Rasse Rouge du Roussillon in Deutschland entwickelt.

Es zeigte sich geno- als auch phänotypisch eine Aufteilung der Rouge du Roussillon- Schafe in drei Subtypen: eine in Deutschland gehaltene Population und zwei Subtypen der in Frankreich gehaltenen Population, die hier als der neue französische Typ und der alte französische Typ bezeichnet wurden.

Der alte französische Typ ist der kleinste und leichteste der drei Subtypen. Die deutschen Schafe sind im Mittel genauso groß wie der alte französische Typ, aber etwas schwerer. Deutlich schwerer und im Mittel 5 cm größer sind die Tiere des neuen französischen Typs.

In der deutschen Population des Rouge du Roussillon- Schafes wurden Hinweise auf Inzucht in verschiedenen Parametern festgestellt. Aus der Analyse der Pedigreedaten ergab sich ein Inzuchtkoeffizient von 4,32 und eine effektive Populationsgröße von 37,33 Tieren bei einer Bestandsgröße von 81 lebenden Tieren. Die Population zeigte eine geringe Allelzahl von durchschnittlich 4,8 Allelen pro Marker und auch die beobachtete (H_O) und erwartete (H_E) Heterozygotie lagen mit Werten von 0,526 resp. 0,536 im unteren erwarteten Bereich für europäische Schafrassen. Die Rasse wies zudem keine privaten Allele mit Frequenzen von >5% auf. Diese Effekte sind aus der Zuchtgeschichte der Population zu erklären, da diese mit nur 12 weiblichen und 2 männlichen Tieren 1981 gegründet wurde und seither unter künstlicher Selektion und mit begrenzter Bockanzahl weitergezüchtet wurde.

Verschiedene Analysen liefern Hinweise auf eine Einkreuzung in der Population des neuen französischen Typs. Sie zeigt eine deutlich höhere Heterozygotie als die beiden anderen Subtypen und weist eine durchschnittliche Allelzahl von 9,93 Allelen pro Marker auf. Bei der Bayesian Model-based Clustering Analyse und der Hauptkomponentenanalyse trennt sie sich deutlich von den beiden anderen Populationen. Auch zeigt sie hohe genetische Distanzen zum

deutschen Rouge du Roussillon- Schaf und ist auch vom alten französischen Typ trotz einer Trennung der Populationen vor nur 17 Jahren deutlich differenziert.

Bei der Einordnung der Rasse in einen europäischen Kontext zeigt sich eine deutliche Separierung von allen anderen Rassen. Die Rasse ordnet sich geographisch bei den nord-europäischen Schafrassen ein, der alte französische Typ und die deutsche Population beziehen jedoch eine Sonderstellung separat von allen anderen Rassen. Dies spricht für die genetische Einzigartigkeit der Rasse und für die Notwendigkeit diese zu erhalten.

Es wird empfohlen, den deutschen und den alten französischen Typ in einer gemeinsamen Zuchtpopulation zusammenzufassen und für diese eine gemeinsame Zuchtplanung zu entwickeln. Ein Zuchttieraustausch zwischen den beiden Populationen wäre notwendig. Es wird empfohlen, den neuen französischen Typ separat weiterzuzüchten.

Der alte französische Typ sollte als eigenständiger Subtyp in Frankreich anerkannt werden und den Züchtern Zugang zu Fördermitteln für die Haltung dieses Typs ermöglicht werden.

Es handelt sich bei den Rouge du Roussillon-Schafen um eine eigenständige, abgegrenzte und genetisch einzigartige Rasse, deren Erhalt erstrebenswert ist und weiterhin gefördert werden sollte. Aufgrund der geringen effektiven Populationsgröße ist ihr Zustand als kritisch einzustufen und vorsichtig zu bewerten. In der deutschen Population sollte bei der Zuchtplanung eine Verringerung des Inzuchtzuwachses pro Generation und eine Erhöhung der effektiven Populationsgröße im Vordergrund stehen. Neue Vermarktungsstrategien für Produkte dieser Rasse werden in Zukunft ein wichtiges Anliegen sein, um die Nachhaltigkeit der Zucht zu gewährleisten.

7. SUMMARY

It was the aim of this study to characterise the highly endangered sheep breed Rouge du Roussillon by means of genetical and phenotypical data.

For this purpose 368 animals of the Rouge du Roussillon breed and the 3 reference breeds Coburger Fuchsschaf, Lacaune viande, and Mourerous have been sampled.

The breed originates in Southern France and since 1981 there exists a breeding population of about 80 animals in Germany. In France there are 2 subtypes of the breed, which differ phenotypical and are to be called the Old French Type (about 150 animals) and the New French Type (about 3500 animals) in this study. The German population originates from the same population as the Old French type but the population has been separated for 30 years now. In Germany it was purebred over this period of time. The breeding program for the New French Type was implemented 17 years ago with the focus set on a high meat performance.

Genetic variation in and between the populations and population structure were investigated with a set of 15 microsatellite markers and a conservation breeding program has been developed. Furthermore the breed was set into context with 57 sheep breeds from Europe and the Middle East.

The phenotypic and genetic data showed a subdivision of the breed in 3 subtypes. The Old French type is the smallest and lightest of the Subtypes. The German type has the same height as the Old French type, but shows a higher weight. The New French type is at an average 5 cm taller than the other subtypes and shows a higher weight. It also displays a greater phenotypic diversity than the other subtypes.

The German population showed considerable signs of inbreeding. It shows an inbreeding coefficient of 4,32 % and an effective population size of 37,33. The total number of live animals is 81. The mean number of observed alleles shows a low value of 4,8 alleles per marker. The observed (H_O) and expected (H_E) heterozygosity reside with values of 0,526 resp. 0,536 at the lower end of the expected range for European sheep breeds. We found no private alleles with frequencies $>5\%$ in the population. The inbreeding can be explained with the breeding history of the population. It was founded by 14 animals, including only 2 males, in 1981 and since then has been bred under artificial selection and with a limited number of breeding males.

The New French type revealed indications of crossbreeding with other breeds. With values of 0,692 (H_O) resp. 0,722 (H_E) it showed a considerable higher heterozygosity than the other

subtypes. In addition the mean number of observed alleles was 9,93 and the population showed the highest number of private alleles in this study. In the Bayesian Model-based Clustering Analysis and the Principal Component Analysis the New French Type was separated from the other populations of the Rouge du Roussillon breed. Furthermore it is clearly distinguished from the Old French Type and the German type considering the genetic distances.

In the European context the Rouge du Roussillon breed was clearly differentiated from the other European breeds. The breed is geographically positioned close to the North European sheep breeds. The German and the Old French subtype cluster separate from all other breeds. This reveals the genetic uniqueness of the breed and the necessity of conservation.

These populations should be conserved as a combined population and included in a conjoint conservation breeding program. A continuous exchange of breeding animals would be suggested. We recommend that the Old French Type is given an FAO status of endangered sheep breed and hence the breeders will be enabled to apply for subsidies for the husbandry of this subtype.

Since crossbreeding seems to have appeared in the New French type, it should be bred separately from the other subtypes to assure their pure blood breeding.

The distinct separation of the breed from the other European breeds indicates that the Rouge du Roussillon sheep is a discreet breed with evident genetic potential, and therefore the effort for its conservation should be continued and even intensified.

Due to the low effective population size of the breed its situation is to be classified as critical. As a major goal of the breeding program a decrease of the inbreeding coefficient and an increase of the effective population size should be constituted. Development of new marketing strategies for the breed will be an important concern to ensure a sustainable preservation of the Rouge du Roussillon sheep in the future.

8. LITERATURVERZEICHNIS

- Agha, S. H., Pilla, F., Galal, S., Shaat, I., D'Andrea, M., Reale, S., Abdelsalam, A. Z. und Li, M. H., (2008). Genetic diversity in Egyptian and Italian goat breeds measured with microsatellite polymorphism. *Journal of Animal Breeding and Genetics* **125**: 194-200.
- Aliczki, K., Mihók, S., Glössel, J. und Dieringer D., (2007). Untersuchung der genetischen Variabilität der ungarischen Gänse. http://www.raumberg-gumpenstein.at/cms/index.php?option=com_docman&task=cat_view&gid=268&Itemid=53, Stand: 29.10.2010.
- Alfonso, L., Parada, A., Legarra, A., Ugarte, E. und Arana, A., (2006). The effects of selective breeding against scrapie susceptibility on the genetic variability of the Latxa Black-Faced sheep breed. *Genetic Selection Evolution* **38**: 495-511.
- Alvarez, I., Gutierrez, J. P., Royo, L. J., Fernandez, I. und Goyache, F., (2009). Quantifying diversity losses due to selection for scrapie resistance in three endangered Spanish sheep breeds using microsatellite information. *Preventive Veterinary Medicine* **91**: 172-178.
- Amos, W., Flint, J. und Xu, X., (2008). Heterozygosity increases microsatellite mutation rate, linking it to demographic history. *BMC Genetics* **9**: 72.
- Ammermann, A. und Cavalli-Sforza, L., (1984). *The Neolithic transition and the genetics of populations in Europe*. Princeton University Press, Princeton, New Jersey.
- Arranz, J. J., Bayon, Y. und Primitivo, F. S., (2001): Genetic variation at microsatellite loci in Spanish sheep. *Small Ruminant Research* **39**: 3-10.
- Association des éleveurs de brebis de races Raïole, Caussenarde et Rouge du Roussillon, (2006). *Le renouveau des races rustiques*. Broschüre. Parc naturel régional des Grands Causses, Frankreich.
- Arora, R. und Bhatia, S., (2008). Microsatellite variation and genetic relationship among Rajasthani sheep: relevance for conservation. *Livestock Research for Rural Development* **20**: Article #196. <http://www.lrrd.org/lrrd20/12/aror20196.htm>. Stand: 29.10.2010.
- Arora, R., Bhatia, S., Sehrawat, A., Maity, S. B. und Kundu, S. S., (2008). Genetic variability in Jalauni sheep of India inferred from microsatellite data. *Livestock Research for Rural Development* **20**: Article #4, <http://www.lrrd.org/lrrd20/1/aror20004.htm>. Stand: 29.10.2010.

- Bacles, C. F., Burczyk, J., Lowe, A. J. und Ennos, R. A., (2005). Historical and contemporary mating patterns in remnant populations of the forest tree *Fraxinus excelsior* L. *Evolution* **59**: 979-990.
- Bäuerliche Erzeugergemeinschaft Schwäbisch Hall, (2010). http://www.besh.de/menue_ueberuns/die_zuechtereinigung.html. Stand: 29.10.2010.
- Baumgartner, K. (2010). Persönliche Mitteilung.
- Baumung, R., Cubric-Curik, V., Schwend, K., Achmann, R. und Sölkner, J., (2006). Genetic characterisation and breed assignment in Austrian sheep breeds using microsatellite marker information. *Journal of Animal Breeding and Genetics* **123**: 265-271.
- Bundesarbeitsgemeinschaft Rotes Höhenvieh, (2010). <http://www.rotes-hoehenvieh.de/>. Stand: 29.10.2010.
- Bennewitz, J., Simianer, H. und Meuwissen, T. H., (2008). Investigations on merging breeds in genetic conservation schemes. *Journal of Dairy Science* **91**: 2512-2519.
- Bertaglia, M., (2005). Livestock Biodiversity Conservation: the case of Sheep and Goat breeds in European marginal areas. Dissertation. Institut für Ernährungswirtschaft und Verbrauchslehre, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel.
- BMELV, (2008). Tiergenetische Ressource – Nationales Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung tiergenetischer Ressourcen in Deutschland. Broschüre. Bonn, Deutschland.
- BMELV, (2010): Allgemeines zur Blauzungenkrankheit und zur Impfung. http://www.bmelv.de/cln_137/SharedDocs/Standardartikel/Landwirtschaft/Tier/Tiergesundheit/Blauzungenkrankheit/Blauzungenkrankheit.html. Stand: 29.10.2010.
- Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M. und Davis, R. W., (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics* **32**: 314-331.
- Bowling, A. T., Zimmermann, W., Ryder, O., Penado, C., Peto, S., Chemnick, L., Yasinetskaya, N. und Zharkikh, T., (2003). Genetic variation in Przewalski's horses, with a special focus on the last wild caught mare. *Cytogenetic Genome Research* **101**: 226-234.
- Brownstein, M. J., Carpten, J. D. und Smith, J. R., (1996). Modulation of non-templated nucleotide addition by Taq DNA polymerase: primer modifications that facilitate genotyping. *Biotechniques* **20**: 1004-1006, 1008-1010.

- Bruford, M. W., Bradley, D. G. und Luikart, G., (2003). DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. *Nature Reviews Genetics* **4**: 900-910.
- Caballero, A. und Toro, M. A., (2002). Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conservation Genetics* **3**: 289-299.
- Callen, D. F., Thompson, A. D., Shen, Y., Phillips, H. A., Richards, R. I., Mulley, J. C. und Sutherland, G. R., (1993). Incidence and origin of null alleles in the (AC)_n microsatellite markers. *American Journal of Human Genetics* **52**: 922-927.
- Carolino, N. und Gama, L.T., (2008). Indicators of genetic erosion in an endangered population: The Alentejana cattle breed in Portugal. *Journal of Animal Science* **86**: 47-56.
- Cavalli-Sforza, L. L. und Edwards, A. W., (1967). Phylogenetic analysis. Models and estimation procedures. *American Journal of Human Genetics* **19**: 233-257.
- Chapuis, M. P. und Estoup, A., (2007). Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. *Molecular Biology and Evolution* **24**: 621-631.
- Chybicki, I. J. und Burczyk, J., (2009). Simultaneous estimation of null alleles and inbreeding coefficients. *Journal of Heredity* **100**: 106-113.
- Cinkulov, M., Popovski, Z., Porcu, K., Tanaskovska, B., Hodzic, A., Bytyqi, H., Mehmeti, H., Margeta, V., Djedovic, R., Hoda, A., Trailovic, R., Brka, M., Markovic, B., Vazic, B., Vegara, M., Olsaker, I. und Kantanen, J., (2008a). Genetic diversity and structure of the West Balkan Pramenka sheep types as revealed by microsatellite and mitochondrial DNA analysis. *Journal of Animal Breeding and Genetics* **125**: 417-426.
- Cinkulov, M., Tapio, M., Ozerov, M., Kiselyova, T., Marzanov, N., Pihler, I., Olsaker, I., Vegara, M. und Kantanen, J., (2008b). Genetic differentiation between the Old and New types of Serbian Tsigai sheep. *Genetic Selection Evolution* **40**: 321-331.
- Danchin-Burge, C., Palhière, I., François, D., Bibé, B., Leroy, G. und Verrier, E., (2010). Pedigree analysis of seven small French sheep populations and implications for the management of rare breeds. *Journal of Animal Science* **88**: 505-516.
- Dalvit, C., De Marchi, M., Zanetti, E. und Cassandro, M., (2009). Genetic variation and population structure of Italian native sheep breeds undergoing in situ conservation. *Journal of Animal Science* **87**: 3837-3844.
- Diez-Tascon, C., Littlejohn, R. P., Almeida, P. A. und Crawford, A. M., (2000). Genetic variation within the Merino sheep breed: analysis of closely related populations using microsatellites. *Animal Genetics* **31**: 243-251.

- EAZA, (2009). Breeding Programmes. <http://www.eaza.net/activities/cp/Pages/EEPs.aspx>.
Stand: 29.10.2010.
- Eding, H., Crooijmans, R. P., Groenen, M. A. und Meuwissen, T. H., (2002). Assessing the contribution of breeds to genetic diversity in conservation schemes. *Genetic Selection Evolution* **34**: 613-633.
- Eding, J. H. und Laval, G., (1999). Measuring genetic uniqueness in livestock. In: Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources. Hrsg.: J. K. Oldenbroek. Lelystad, Niederlande, Institute for Animal Science and Health: 33-58.
- Ellegren, H., (2004). Microsatellites: simple sequences with complex evolution. *Nature Reviews Genetics* **5**: 435-445.
- Ely, J. J., Dye, B., Frels, W. I., Fritz, J., Gagneux, P., Khun, H. H., Switzer, W. M. und Lee, D. R., (2005). Subspecies composition and founder contribution of the captive U.S. chimpanzee (*Pan troglodytes*) population. *American Journal of Primatology* **67**: 223-241.
- European Cattle Genetic Diversity Consortium, (2006). Marker-assisted conservation of European cattle breeds: an evaluation. *Animal Genetics* **37**: 475-481.
- FAO, (1998) Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management plans: Management of small populations at risk. Food and Agriculture Organisation of the United Nations, Rome. <http://dad.fao.org/cgi-bin/getblob.cgi?sid=6a8e0caceb78ab85674772feef66c199,50006316>. Stand: 29.10.2010.
- FAO, (2007). Der Weltzustandsbericht über Tiergenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft. Food and Agriculture Organisation of the United Nations. <http://dad.fao.org/cgi-bin/getblob.cgi?sid=9832ad1b4f499b702294c9fce34d602d,258>. Stand: 29.10.2010.
- Farid, A., O'Reilly, E., Dollard, C. und Kelsey, C.R. (2000). Genetic analysis of ten sheep breeds using microsatellite markers. *Canadian Journal of Animal Science* **80**, 9-17.
- Feldmann, A., Bietzker, U. und Mendel, C. (2005). Schafrassen in den Alpen. Broschüre. Hrsg.: Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V. (GEH), Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL), Witzenhausen, Deutschland.
- Felsenstein, J., (1985). Confidence limits on phylogenies: An approach using the Bootstrap. *Evolution* **35**: 783-791.

- Felsenstein, J., (1989). PHYLIP- Phylogeny Inference Package. <http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html>, Stand: 29.10.2010.
- Firestone, K.B., Bronwyn, A., Houlden, A., William, B., Sherwin, B. und Geffen, E. (2000). Variability and differentiation of microsatellites in the genus *Dasyurus* and conservation implications for the large Australian carnivorous marsupials. *Conservation Genetics* **1**, 115-133.
- Fixemer, T. (2009). Persönliche Mitteilung.
- Gandini, G. C. und Oldenbroek, J. K., (1999). Choosing the conservation strategy. In: Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources. Hrsg.: J. K. Oldenbroek. Lelystad, Niederlande, Institute for Animal Science and Health: 11-31.
- Gandini, G. C. und Villa, E., (2003). Analysis of the cultural value of local livestock breeds: a methodology. *Journal of Animal Breeding and Genetics* **120**: 1-11.
- Garner, A., Rachlow, J. L. und Hicks, J. F., (2005). Patterns of genetic diversity and its loss in mammalian populations. *Conservation Biology* **19**: 1215- 1221.
- GEH, (2010). Rassekurzbeschreibung Schafe. Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e. V. <http://www.g-e-h.de/geh-raku/schafe/rabescha.htm>. Stand: 29.10.2010.
- Germain, H. (2010). Persönliche Mitteilung.
- Gizaw, S., Komen, H., Windig, J. J., Hanotte, O. und van Arendonk, J. A., (2008). Conservation priorities for Ethiopian sheep breeds combining threat status, breed merits and contributions to genetic diversity. *Genetic Selection Evolution* **40**: 433-447.
- Gizaw, S., Van Arendonk, J. A., Komen, H., Windig, J. J. und Hanotte, O., (2007). Population structure, genetic variation and morphological diversity in indigenous sheep of Ethiopia. *Animal Genetics* **38**: 621-628.
- Glowatzki-Mullis, M. L., Muntwyler, J., Pfister, W., Marti, E., Rieder, S., Poncet, P. A. und Gaillard, C., (2006). Genetic diversity among horse populations with a special focus on the Franches-Montagnes breed. *Animal Genetics* **37**: 33-39.
- Glowatzki-Mullis, M. L., Muntwyler, J., Baumle, E. und Gaillard, C., (2009). Genetic diversity of Swiss sheep breeds in the focus of conservation research. *Journal of Animal Breeding and Genetics* **126**: 164-175.
- Goldammer, T., Brunner, R. M., Rebl, A., Wu, C. H., Nomura, K., Hadfield, T., Gill, C., Dalrymple, B. P., Womack, J. E. und Cockett, N. E., (2009). A high-resolution radiation hybrid map of sheep chromosome X and comparison with human and cattle. *Cytogenetic Genome Research* **125**: 40-45.

- Goldstein, D. B. und Pollock, D. D., (1997). Launching microsatellites: a review of mutation processes and methods of phylogenetic interference. *Journal of Heredity* **88**: 335-342.
- Goodman, S. J., Barton, N. H., Swanson, G., Abernethy, K. und Pemberton, J. M. (1999). Introgression through rare hybridization: A genetic study of a hybrid zone between Red and Sika Deer (Genus *Cervus*) in Argyll, Scotland. *Genetics* **152**: 355-371.
- Goudet, J., (1995). FSTAT: A Computer Program to Calculate F-Statistics. *Journal of Heredity* **86**: 485-486.
- Gutierrez-Gil, B., Perez, J., Alvarez, L., Martinez-Valladares, M., de la Fuente, L. F., Bayon, Y., Meana, A., San Primitivo, F., Rojo-Vazquez, F. A. und Arranz, J. J., (2009). Quantitative trait loci for resistance to trichostrongylid infection in Spanish Churra sheep. *Genetic Selection Evolution* **41**: 46.
- Hall, S. J. G. und Bradley, D. G., (1995). Conserving livestock breed biodiversity. *Trends in Ecology & Evolution* **10**: 267-270.
- Hanotte, O., Toll, J., Iñiguez, L. und Rege, E., (2005). Farm animal genetic resources: why and what do we need to conserve. *Proceedings of the International Workshop Options and Strategies for the Conservation of Farm Animal Resources*, Montpellier, Frankreich: 11-14.
- Harr, B. und Schlötterer, C., (2000). Long microsatellite alleles in *Drosophila melanogaster* have a downward mutation bias and short persistence times, which cause their genome-wide underrepresentation. *Genetics* **155**: 1213-1220.
- Hartl, D. L. und Clark, A. G., (2007). *Principles of Population Genetics*. 4. Edition, Sinauer Associates, Inc: Publishers, Sunderland, Massachusetts, USA.
- Hedrick, P. W. und Fredrickson, R. J., (2008). Captive breeding and the reintroduction of Mexican and red wolves. *Molecular Ecology* **17**: 344-350.
- Hoda, A., Dobi, P. und Hyka, G., (2009). Genetic diversity and distances of Albanian local sheep breeds using microsatellite markers. *Livestock Research for Rural Development* **21**, Artikel # 93, <http://www.lrrd.org/lrrd21/6/hoda21093.htm>, Stand: 29.10.2010.
- Hoffmann, I., Marsan, P.A., Barker, J.S., Cothran, E.G., Hanotte, O., Lenstra, J.A., Milan, D., Weigend, S. und Simianer, H., (2004). New MoDAD marker sets to be used in diversity studies for the major farm animal species: recommendations of a joint ISAG/FAO working group. <http://dad.fao.org/cgi-bin/getblob.cgi?sid=cec2fed27316f19fae63ff78d540ba54,50005882>, Stand: 29.10.2010.

- Holm, L. E., Loeschke, V. und Bendixen, C., (2001). Elucidation of the molecular basis of a null allele in a rainbow trout microsatellite. *Marine Biotechnology* **3**: 555-560.
- Huang, Q. Y., Xu, F. H., Shen, H., Deng, H. Y., Liu, Y. J., Liu, Y. Z., Li, J. L., Recker, R. R. und Deng, H. W., (2002). Mutation patterns at dinucleotide microsatellite loci in humans. *American Journal of Human Genetics* **70**: 625-634.
- Huby, M., Griffon, L, Moureaux, S., De Rochambeau, H., Danchin-Burge, C. und Verrier, E., (2003). Genetic variability of six French meat sheep breeds in relation to their genetic management. *Genetics Selection Evolution* **35**: 637–655.
- Ivanković, A., Dovč, P., Kavari, T., Caput, P., Mioč, B., Pavić, V., Štuhec, V. und Leto, J., (2005). Genetic characterisation of the Pag island sheep breed based on microsatellite and mtDNA data. *Small Ruminant Research* **57**, 167-174.
- Ivy, J. A., Miller, A., Lacy, R. C. und DeWoody, J. A., (2009). Methods, and prospects for using molecular data in captive breeding programs: an empirical example using Parma wallabies (*Macropus parma*). *Journal of Heredity* **100**: 441-454.
- Kalinowski, S. T., Taper, M. L. und Marshall, T. C., (2007). Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology* **16**: 1099-2006.
- Kimura, M. und Crow, J. F., (1964). The Number of Alleles that can be maintained in a Finite Population. *Genetics* **49**: 725-738.
- Koorey, D. J., Bishop, G. A. und McCaughan, G. W., (1993). Allele non-amplification: a source of confusion in linkage studies employing microsatellite polymorphisms. *Human Molecular Genetics* **2**: 289-291.
- Lai, Y. und Sun, F., (2003). The relationship between microsatellite slippage mutation rate and the number of repeat units. *Molecular Biology and Evolution* **20**: 2123-2131.
- Laval, G., SanCristobal, M. und Chevalet, C., (2002). Measuring genetic distances between breeds: use of some distances in various short term evolution models. *Genetic Selection Evolution* **34**: 481-507.
- Lerner, H. R., Johnson, J. A., Lindsay, A. R., Kiff, L. F. und Mindell, D. P., (2009). It's not too late for the harpy eagle (*Harpia harpyja*): high levels of genetic diversity and differentiation can fuel conservation programs. *PLoS One* **4**: e7336.
- Li, M. H., Tapio, I., Vilkki, J., Ivanova, Z., Kiselyova, T., Marzanov, N., Cinkulov, M., Stojanovic, S., Ammosov, I., Popov, R. und Kantanen, J., (2007). The genetic structure of cattle populations (*Bos taurus*) in northern Eurasia and the neighbouring

- Near Eastern regions: implications for breeding strategies and conservation. *Molecular Ecology* **16**: 3839-3853.
- Liewlaksaneeyanawin, C., Ritland, C. E. und El-Kassaby, Y. A., (2002). Inheritance of null alleles for microsatellites in the white pine weevil (*Pissodes strobi* [Peck] [Coleoptera: Curculionidae]). *Journal of Heredity* **93**: 67-70.
- Lowe, A., Harris, S. und Ashton, P., (2004). *Ecological Genetics*. Blackwell Science Ltd., Oxford, UK.
- Manel, S., Berthier, P. und Luikart, G., (2002). Detecting wildlife poaching: identifying the origin of individuals with bayesian assignment tests and multilocus genotypes. *Conservation Biology* **16**: 650-659.
- Mason, I. L., (1996). *A world dictionary of livestock breed, types and varieties*. CAB International, Wallingford.
- Massoubre, D. (2008). Persönliche Mitteilung.
- Montgomery, G. W. und Sise, J. A., (1990). Extraction of DNA from sheep white blood cells. *New Zealand Agricultural Research* **33**: 437-441.
- Mukesh, M., Sodhi, M. und Bhatia, S., (2006). Microsatellite-based diversity analysis and genetic relationships of three Indian sheep breeds. *Journal of Animal Breeding and Genetics* **123**: 258-264.
- Nei, M., (1972). Genetic distance between populations. *The American Naturalist* **106**: 283-292.
- Nei, M., (1973). Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **70**: 3321-3323.
- Nei, M., (1978). Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance from a Small Number of Individuals. *Genetics* **89**: 583-590.
- Nill, D., (2007). Vielfalt der Nutzpflanzen und -tiere fördern- Qualitätsfleisch vom Schwäbisch-Hällischen Landschwein.
http://www.besh.de/pdf/aktuell/presse/GTZ_ges.pdf. Stand: 29.10.2010.
- Norberg, E. und Sørensen, A.C., (2007). Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish populations of Texel, Shropshire, and Oxford Down. *Journal of Animal Science* **85**: 299-304.
- Notter, D. R., (1999). The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. *Journal of Animal Science* **77**: 61-69.

- Oldenbroek, J. K., (1999). Introduction. In: Genebanks and the Conservation of Farm Animal Genetic Resources. Hrsg.: J. K. Oldenbroek. Lelystad, Niederlande, Institute for Animal Science and Health: 1-9.
- Ota, T. und Kimura, M., (1974). Simulation studies on electrophoretically detectable genetic variability in a finite population. *Genetics* **76**: 615-624.
- Paetkau D., Clavert, W., Stirling, I. und Strobeck, C., (1995). Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology* **4**: 347-354.
- Page, R. D. M., (1996). TREEVIEW: An application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applications in the Biosciences* **12**: 357-358.
- Palhiere, I., Brochard, M., Moazami-Goudarzi, K., Laloe, D., Amigues, Y., Bed'hom, B., Neuts, E., Leymarie, C., Pantano, T., Crihiu, E. P., Bibe, B. und Verrier, E., (2008). Impact of strong selection for the PrP major gene on genetic variability of four French sheep breeds. *Genetic Selection Evolution* **40**: 663-680.
- Pemberton, J. M., Slate, J., Bancroft, D. R. und Barrett, J. A., (1995). Nonamplifying alleles at microsatellite loci: a caution for parentage and population studies. *Molecular Ecology* **4**: 249-252.
- Peter, C., (2005). Molekulargenetische Charakterisierung von Schafrassen Europas und des Nahen Ostens auf der Basis von Mikrosatelliten. Dissertation. Institut für Tierzucht und Haustiergenetik, JLU Gießen.
- Peter, C., Prinzenberg, E. M. und Erhardt, G., (2005). Null allele at the OarAE129 locus and corresponding allele frequencies in German sheep breeds. *Animal Genetics* **36**: 92.
- Peter, C., Bruford, M., Perez, T., Dalamitra, S., Hewitt, G., Erhardt, G. und ECONOGENE-Consortium, (2007). Genetic diversity and subdivision of 57 European and Middle-Eastern sheep breeds. *Animal Genetics* **38**: 37-44.
- Pircher, F., (1994). Mendelsche Genetik. In: Tierzüchtungslehre. Hrsg.: H. Kräübllich. Stuttgart, Verlag Eugen Ulmer. 4. Auflage.
- Piry, S., Alapetite, A., Cornuet, J. M., Paetkau, D., Baudouin, L. und Estoup, A., (2004). GeneClass2: A Software for Genetic Assignment and First-Generation Migrant Detection. *Journal of Heredity* **95**: 536-539.
- Pritchard, J. K., Stephens, M. und Donnelly, P., (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* **155**: 945-959.
- Qu, D., Yang, Z., Guo, X., Mao, Y., Sun, W., Gen, R., Ma, Y., Ren, X., Chang, G., Huang, D. und Chang, H., (2007). Study on polymorphisms of microsatellite DNA of six Chinese indigenous sheep and goat breeds. *Frontiers of Agriculture in China* **1**: 472-477.

- Randi, E., Pierpaoli, M., Beaumont, M., Ragni, B. und Sforzi, A., (2001). Genetic identification of wild and domestic cats (*Felis silvestris*) and their hybrids using Bayesian clustering methods. *Molecular Biology and Evolution* **18**: 1679-1693.
- Rannala, B. und Mountain, J. L., (1997). Detecting immigration by using multilocus genotypes. *Proceedings of the National Academy of Science, USA* **94**: 9197-9221.
- Reynolds, J., Weir, B. S. und Cockerham, C. C., (1983). Estimation of the Coancestry Coefficient: Basis for a Short-Term Genetic Distance. *Genetics* **105**: 767-779.
- Rosenberg, N. A., (2004). Distruct: a program for the graphical display of population structure. *Molecular Ecology Notes* **4**: 137-138.
- Ruane, J., (1999). A critical review of the value of genetic distance studies in conservation of animal genetic resources. *Journal of Animal Breeding and Genetics* **116**: 317-323.
- Russello, M. A. und Amato, G., (2004). Ex situ population management in the absence of pedigree information. *Molecular Ecology* **13**: 2829-2840.
- Sambrook, J., Fritsch, E. F. und Maniatis, T. (1989). *Molecular cloning- a laboratory manual*. New York, Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Scherf, B., Rischkowsky, B. und Hoffmann, I., (2005). Status of animal genetic resources: time for action? *Proceedings of the International Workshop Options and Strategies for the Conservation of Farm Animal Resources*, Montpellier, Frankreich: 3-10.
- Schlötterer, C., (2000). Evolutionary dynamics of microsatellite DNA. *Chromosoma* **109**: 365-371.
- Schlötterer, C., (2004). Opinion: The evolution of molecular markers- just a matter of fashion? *Nature Reviews Genetics* **5**: 63-69.
- Schmidt, T.A. und Wrede, J. (2002): OPTI-MATE. Programmbeschreibung.
- Sechi, T., Usai, M. G., Miari, S., Mura, L., Casu, S. und Carta, A., (2007). Identifying native animals in crossbred populations: the case of the Sardinian goat population. *Animal Genetics* **38**: 614-620.
- Shresta, J. N. B., (2005). Conserving domestic animal diversity among composite populations. *Small Ruminant Research* **56**: 3-20.
- Simon, D., (1994). Zuchtmethoden. In: *Tierzüchtungslehre*. Hrsg.: H. Kräußlich. Stuttgart, Verlag Eugen Ulmer. 4. Auflage.
- Slatkin, M., (1985). Gene flow in natural populations. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* **16**: 431-446.
- Slatkin, M., (1987). Gene flow and the geographic structure of natural populations. *Science* **236**: 787-792.

- Sørensen, A.C., Sørensen, M.K. und Berg, P., (2005). Inbreeding in Danish Dairy Cattle Breeds. *Journal of Dairy Science* **88**: 1865-1872.
- Steger, G., (1994). Bemerkungen zum Phänomen Haustier Schaf. *Tiergarten aktuell* **10**.
- Steiner, H.C., (2010). Persönliche Mitteilung.
- Taberlet, P., Valentini, A., Rezaei, H. R., Naderi, S., Pompanon, F., Negrini, R. und Ajmone-Marsan, P., (2008). Are cattle, sheep, and goats endangered species? *Molecular Ecology* **17**: 275-284.
- Takezaki, N. und Nei, M., (1996). Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics* **144**: 389-399.
- Tapio, M., Tapio, I., Grislis, Z., Holm, L. E., Jeppsson, S., Kantanen, J., Miceikiene, I., Olsaker, I., Viinalass, H. und Eythorsdottir, E., (2005). Native breeds demonstrate high contributions to the molecular variation in northern European sheep. *Molecular Ecology* **14**: 3951-3963.
- TGRDEU, (2010). <http://tgrdeu.genres.de/erhaltungundnachhaltigenutzung/rahmenbedingungen>, Stand: 29.10.2010.
- Tiquet, N., (2006). Histoire de la Race Lacaune jusqu'aux années 1930. INRA, UPRA Lacaune.
- Van Treuren, R., (1998). Estimating null allele frequencies at a microsatellite locus in the oystercatcher (*Haematopus ostralegus*). *Molecular Ecology* **7**: 1413-1417.
- Veith M., Bahl A. und Seitz, A., (1999). Populationsgenetik im Naturschutz - Einsatzmöglichkeiten und Fallbeispiele. In: Verinselung von Lebensräumen - Populationsbiologie in der Naturschutzpraxis, Hrsg.: Henle K., Amler K., Kaule G., Bahl A. und Settele, J., Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart: 112-147.
- Vereinigung Deutscher Rhönschafzüchter, (2010). <http://www.rhoenschafzuechter.de/>. Stand: 29.10.2010.
- Verrier, E., Moureaux, S., Tribout, T., Delaunay, I., Palhière, I., Rochambeau, H. D. und Colleau, J. J., (2005). Overview of the genetic variability in French selected livestock populations and management approaches. Proceedings of the International Workshop Options and Strategies for the Conservation of Farm Animal Resources, Montpellier, Frankreich: 28-33.
- Wagner, H. (2010). Erhaltung der Population der Bentheimer Landschaft unter Minimierung der Inzucht und Berücksichtigung der Zucht auf Scrapie-Resistenz. Dissertation. Fachbereich Agrarwissenschaften, Ökotoxikologie und Umweltmanagement, JLU Gießen.

- Walzer, C., Baumgartner, R., Robert, N., Suchebaatar, Z. und Bajanlamгаа, N., (2000). Medical considerations in the reintroduction of the Przewalski horse (*Equus ferus przewalskii*) to the Dzungarian Gobi, Mongolia. Proceedings of the European Association of Zoo and Wildlife Veterinarians Conference, Paris, Frankreich: 147-150.
- Wan, Q. H., Wu, H., Fujihara, T. und Fang, S. G., (2004). Which genetic marker for which conservation genetics issue? *Electrophoresis* **25**: 2165-2176.
- Wattier, R., Engel, C. P., Saumitou-Laprade, P. und Valero, M., (1998). Short allele dominance as a source of heterozygote deficiency at microsatellite loci: experimental evidence at dinucleotide locus Gv1CT in *Gracilaria gracilis* (Rhodophyta). *Molecular Ecology* **7**: 1569-1573.
- Weigend, S., Güntherschulze, J., Röhrssen, F. G. und Titze, E., (1999). Erhaltungszucht bei Vorwerkhühnern - Ein Modellprojekt zur Erhaltung seltener Geflügelrassen. *Arche Nova* **4**: 16-17.
- Weimann, C., (2000). Entwicklung von DNA-Markern an den Inhibin-/ Aktivin-Genorten bei Schaf, Rind und Ziege. Dissertation. Fachbereich Agrarwissenschaften, Ökotrophologie und Umweltmanagement, JLU Gießen.
- Weir, B. S. und Cockerham, C., (1984). Estimating F-Statistics for the analysis of population structure. *Evolution* **38**: 1358-1369.
- Weitzman, M. L., (1993). What to preserve? An application of Diversity theory to crane conservation. *Quarterly Journal of Economics* **February 1993**: 157-183.
- Wright, S., (1931). Evolution in Mendelian Populations. *Genetics* **16**: 97-159.
- Wright, S., (1950). Genetical structure of populations. *Nature* **166**: 247-249.
- Xu, X., Peng, M. und Fang, Z., (2000). The direction of microsatellite mutations is dependent upon allele length. *Nature Reviews Genetics* **24**: 396-399.
- Yeh, C. Y., Yang, R., Boyle, T., Ye, Z. H. und Moa, J., (1997). POPGENE 1.32 - The user-friendly freeware for population genetic analysis. <http://www.ualberta.ca/~fyeh/>, Stand: 29.10.2010.
- Yuan, C., Wang, J., Ma, Y., Qu, X., Shang, Y. und Zhang, N., (2006). Genetic diversity of indigenous sheep breeds in Shandong Province based on microsatellite markers study. *Ying Yong Sheng Tai Xue Bao* **17**: 1459-1464.
- Zanker, U. (1982). Beschreibung von vier seltenen Bergschafassen (Steinschaf, Bayerwaldschaf, Braunes Bergschaf, Coburger Fuchsschaf). Diplomarbeit der TU München-Weihenstephan.

Zhao, Z. S., Wang, G. L., Guo, J. G. und Li, D. Q., (2006). Polymorphism distributions of 9 microsatellite Loci in Chinese merino sheep. *Yi Chuan* **28**: 939-944.

Gesetze und Verordnungen

Übereinkommen über die biologische Vielfalt- Convention on Biodiversity (CBD), (1992).
http://www.biodiv-chm.de/konvention/F1052472545/HTML_Page1049896418, Stand: 29.10.2010.

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): <http://eur-lex.europa.eu/LexUriServ/LexUriServ.do?uri=OJ:L:2005:277:0001:0040:DE:PDF>, Stand 29.10.2010.

Tierzuchtgesetz vom 21. Dezember 2006 (BGBl. I S. 3294), geändert durch die Verordnung vom 20. August 2008 (BGBl. I, S. 1749): http://www.gesetze-im-internet.de/bundesrecht/tierzg_2006/gesamt.pdf, Stand: 29.10.2010.

9. ANHANG

Tabelle A: Darstellung der beprobten Herden der einzelnen Populationen

Besitzer	Rasse	Anzahl beprobter Tiere
Tiergarten Nürnberg	Rouge du Roussillon (D)	42
Steiner	Rouge du Roussillon (D)	14
Faber	Rouge du Roussillon (D)	4
Arche Warder	Rouge du Roussillon (D)	11
Pfennig	Rouge du Roussillon (D)	10
Tierpark Berlin	Rouge du Roussillon (D)	6
Massoubre	Rouge du Roussillon (AF)	24
Garde	Rouge du Roussillon (AF)	25
Grosfort	Rouge du Roussillon (AF)	21
Trifault	Rouge du Roussillon (NF)	11
Sanz	Rouge du Roussillon (NF)	14
Peytavi	Rouge du Roussillon (NF)	10
Coutarel	Rouge du Roussillon (NF)	10
Rouve	Rouge du Roussillon (NF)	10
Galzin	Rouge du Roussillon (NF)	10
Germain	Rouge du Roussillon (NF)	17
Marder	Coburger Fuchsschaf	11
Treiber	Coburger Fuchsschaf	8
Mardorf	Coburger Fuchsschaf	16
Staade	Coburger Fuchsschaf	19
Buchenauer	Coburger Fuchsschaf	9
GAEC de l'Aigne	Mourerous	10
Fosse	Mourerous	10
GAEC de la Molière	Mourerous	12
OviTest	Lacaune viande	14
GEBRO	Lacaune viande	11
Bousquet	Lacaune viande	9

Tabelle B: Im Rahmen dieser Arbeit typisierte Allele mit Allelfrequenzen je Mikrosatellitenmarker in den untersuchten Populationen

BM1329

Population	Allel (bp)													
	160	162	164	166	170	172	174	176	178	180	182			
CF	0	0,2222	0,3056	0,3611	0	0,0741	0	0	0,037	0	0			
LV	0,0500	0,2667	0,3167	0,2500	0	0,5	0,5	0	0	0	0,0167			
MOU	0,0625	0,0208	0,375	0,3958	0,2083	0	0	0,0417	0,0417	0,0417	0			
RdR-AF	0,0086	0,3621	0,2759	0,3017	0,0259	0	0	0,0259	0	0	0			
RdR-D	0	0,3487	0,6382	0,0132	0	0	0	0	0	0	0			
RdR-NF	0	0,169	0,4859	0,2887	0,007	0,007	0	0	0	0,0423	0			

BM8125

Population	Allel (bp)							
	108	114	116	118	120	122	124	
CF	0	0,0509	0,017	0,3051	0,4407	0,0763	0,1102	
LV	0	0	0	0,6667	0,2083	0,125	0	
MOU	0	0	0,1	0,65	0,1	0	0,15	
RdR-AF	0	0	0,0078	0,7031	0,2656	0	0,0234	
RdR-D	0	0	0	0,858	0,1235	0,0185	0	
RdR-NF	0,0068	0,027	0	0,6487	0,2095	0,0676	0,0405	

ILSTS011

Population	Allel (bp)													
	269	271	275	277	279	281	283	285	291	293	295			
CF	0,2705	0	0,041	0,0246	0	0,041	0,623	0	0	0	0			
LV	0,1957	0,1304	0,0435	0,0217	0,0652	0,1522	0,2826	0,0217	0,0217	0,0435	0,02174			
MOU	0,1944	0,0278	0,2222	0	0,0556	0	0,5	0	0	0	0			
RdR-AF	0,3134	0,0597	0,1418	0	0,0448	0,0149	0,4105	0	0	0,0149	0			
RdR-D	0,3012	0	0	0	0,1325	0	0,5663	0	0	0	0			
RdR-NF	0,1467	0,12	0,0867	0,1	0,0333	0,0933	0,42	0	0	0	0			

ILSTS028

Population	Allel (bp)													
	128	130	132	146	148	152	154	156						
CF	0,0364	0,1	0,1364	0,0273	0,273	0	0,3091	0,0909						
LV	0	0	0,1429	0	0	0	0,5	0,0714						
MOU	0,0455	0	0,2046	0,0455	0	0	0,2727	0,1364						
RdR-AF	0,0625	0,0417	0,2292	0,0208	0	0	0,4375	0,0208						
RdR-D	0,0329	0,1118	0,1842	0	0	0	0,6579	0						
RdR-NF	0,0366	0,0244	0,122	0,0366	0	0,0488	0,4451	0,0488						
Population	Allel (bp)													
CF	0,0364	0	0,0727	0,1364	0,0273	0	0	0						
LV	0,0714	0,1786	0,0357	0	0	0	0	0						
MOU	0,0227	0,0227	0,1136	0,1136	0	0,0227	0	0						
RdR-AF	0	0,0417	0,0833	0,0208	0,0208	0	0,0208	0						
RdR-D	0	0	0,0132	0	0	0	0	0						
RdR-NF	0,0183	0,0488	0,0671	0,0793	0,0183	0	0,0061	0						

INRA063

Population	Allel (bp)														
	162	164	166	168	170	172	174	176	178						
CF	0,0082	0,0984	0,1885	0,1475	0,1312	0,2541	0,0246	0	0						
LV	0	0,3382	0,0882	0,0441	0,1029	0,0735	0,1029	0	0,0147						
MOU	0,0909	0,1818	0,0152	0	0,2273	0,0455	0,1212	0,0152	0,0303						
RdR-AF	0,1056	0,1409	0,0845	0	0,0775	0,007	0	0	0,4366						
RdR-D	0	0,1024	0,1807	0	0,2952	0	0	0	0,2048						
RdR-NF	0	0,1024	0,1807	0	0,2952	0	0	0	0,2048						
Population	Allel (bp)														
CF	0	0,0164	0	0	0	0	0,0738	0	0						
LV	0	0,1324	0,0294	0	0,0147	0,0147	0,0174	0,0294	0						
MOU	0,0303	0,0303	0	0,0152	0	0,0758	0,1212	0	0						
RdR-AF	0,007	0,007	0	0	0,1197	0,007	0,007	0	0						
RdR-D	0	0	0	0	0,2108	0	0,006	0	0						
RdR-NF	0	0	0	0	0,2108	0	0,006	0	0						

MAF214

Population	Allel (bp)															
	184	186	190	192	194	22	218	224	226	230	232	240				
CF	0	0	0	0,6638	0,2586	0	0	0,0776	0	0	0	0				
LV	0,0385	0,1154	0	0,5962	0,1731	0	0	0,0192	0,0385	0	0	0,0192				
MOU	0	0,0652	0	0,6957	0,1521	0	0	0,0652	0,0217	0	0	0				
RdR-AF	0	0	0,0588	0,7941	0,0074	0	0	0,0221	0	0	0,1177	0				
RdR-D	0	0	0,0183	0,7744	0	0,0061	0	0,0061	0	0,0483	0,1768	0				
RdR-NF	0,0125	0,0438	0,0313	0,7563	0,125	0,0063	0,0063	0	0	0	0,0125	0				

MAF33

Population	Allel (bp)															
	119	121	123	125	129	131	133	135	137	139	143	145				
CF	0	0,0204	0,0102	0,2245	0	0,0204	0,0408	0,4694	0,2143	0	0	0				
LV	0	0,0147	0,0882	0,0147	0	0,0147	0,0294	0,3677	0,3088	0,1471	0,0147	0				
MOU	0	0,0156	0,4219	0,0469	0,0469	0,0156	0	0,375	0,0156	0,0156	0,0469	0				
RdR-AF	0	0,0196	0,2647	0,2157	0	0,0098	0	0,2157	0,0588	0,0098	0,098	0,1078				
RdR-D	0	0,0069	0,5972	0,0625	0	0,0069	0	0,0208	0,0069	0	0,2639	0,0347				
RdR-NF	0,0066	0,0855	0,1842	0,0461	0	0	0,0395	0,454	0,0724	0,0724	0,0395	0				

MAF65

Population	Allel (bp)															
	128	130	132	134	136	138	140	142	144	146						
CF	0,0656	0	0,2541	0,3197	0,1885	0	0	0,1721	0	0						
LV	0	0,0156	0,4375	0,3125	0,1094	0,0313	0	0,0625	0,0313	0						
MOU	0	0,05	0,4	0,2333	0,1167	0	0,0167	0,15	0,0333	0						
RdR-AF	0	0	0,4922	0,2109	0,1094	0,0078	0,0859	0,0391	0,0469	0,0078						
RdR-D	0,006	0	0,6667	0,1726	0,125	0	0	0	0,0298	0						
RdR-NF	0	0,0122	0,4268	0,2866	0,1159	0,0061	0,0183	0,0366	0,0915	0,0061						

MAF70

Population	Allel (bp)																							
	129	141	145	147	149	151	153	155	157	159	161	163	165	167	169	171	172	175	176	177	181	183	185	
CF	0	0	0	0,0357	0,0714	0,0089	0,2321	0,0714	0,0982	0,0089	0,1964	0,1964	0,0089	0	0	0,0179	0,0268	0	0,0268	0	0	0	0	0
LV	0,0147	0	0,0294	0	0,1471	0,1029	0,1471	0,2323	0,1324	0,0441	0,1177	0	0	0	0,0294	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MOU	0	0,0909	0,0152	0,0455	0,1818	0,1212	0,2424	0,1363	0	0,0152	0,0606	0,0152	0	0	0,0152	0,0455	0	0,0152	0	0	0	0	0	0
RdR-AF	0	0	0	0,0079	0,246	0,0714	0,0556	0,1429	0,0079	0	0,0159	0,0714	0	0	0	0,0079	0	0	0	0,0238	0,0794	0,0079	0,0079	
RdR-D	0	0	0	0,0124	0,2346	0,0926	0	0,142	0	0	0	0,0714	0	0	0	0,0124	0	0	0	0,0617	0,0741	0,0062	0,0062	
RdR-NF	0	0,0548	0	0	0,2466	0,1575	0,0822	0,1644	0,0616	0,0069	0,0959	0,0206	0	0	0	0,0343	0	0	0	0,0069	0	0,0137	0	
Population	Allel (bp)																							

OARFCB128

Population	Allel (bp)											
	97	109	111	113	115	119	121	123	125	127	129	131
CF	0,0161	0,0323	0,379	0	0	0,0323	0,3065	0,2339	0	0	0	0
LV	0,0147	0,0294	0,5294	0	0,0294	0,0294	0,1324	0,2353	0	0	0	0
MOU	0	0,1212	0,2879	0	0	0,0606	0,4849	0,0303	0,0152	0	0	0
RdR-AF	0	0,007	0,1972	0,007	0	0,0282	0,6761	0,0845	0	0	0	0
RdR-D	0	0	0	0	0	0	0,8452	0,1548	0	0	0	0
RdR-NF	0	0,0427	0,1951	0	0	0,0854	0,2378	0,439	0	0	0	0

OARFCB20

Population	Allel (bp)									
	93	95	97	99	101	105	107			
CF	0,0161	0,1532	0,0484	0,2661	0	0	0,0403			
LV	0,0833	0,1	0,1333	0,1333	0	0	0,15			
MOU	0	0,4464	0,2143	0,0357	0,0357	0	0,1071			
RdR-AF	0	0,0648	0,0278	0,037	0,1852	0,0185	0,537			
RdR-D	0	0,0741	0	0,0062	0,4259	0	0,0679			
RdR-NF	0	0,122	0,122	0,2134	0,0488	0,0305	0,2256			
Population	Allel (bp)									
	109	111	113	115	117	119	121			
CF	0,3387	0,0161	0,0887	0	0	0	0,0323			
LV	0,0333	0,1833	0	0,0333	0,0333	0,0333	0,0833			
MOU	0,0714	0,0179	0	0	0,0179	0,0357	0,0179			
RdR-AF	0	0,0926	0	0,0185	0	0,0093	0,0093			
RdR-D	0	0,2716	0	0,0247	0,0124	0,0864	0,0309			
RdR-NF	0,0244	0,1281	0	0,0305	0,0061	0,061	0,0427			

OARFCB226

Population	Allel (bp)													
	118	130	132	136	138	142	144	146	148	150	152	154		
CF	0,4508	0,123	0,0328	0,0656	0	0,1066	0,0656	0,0082	0,0246	0,0409	0	0,082		
LV	0,25	0	0	0,0577	0,0385	0,215	0	0,0385	0,1539	0,1154	0,1346	0		
MOU	0,2903	0,2581	0,0323	0,0323	0,0323	0,0645	0	0,0807	0,0161	0,1936	0	0		
RdR-AF	0,4754	0,3443	0	0	0,0082	0,0492	0	0,1066	0	0,0164	0	0		
RdR-D	0,3274	0,0952	0,006	0	0	0,006	0	0,5655	0	0	0	0		
RdR-NF	0,5	0,0793	0	0,0122	0,0244	0,1951	0	0,0549	0,1098	0,0183	0	0,0061		

OARJMP29

Population	Allel (bp)																			
	118	120	122	130	132	134	136	138	140	142	144	150	152	154	156	158	160	162	166	
CF	0,129	0	0,0081	0,0161	0,0161	0	0	0,0081	0,1613	0,4584										
LV	0,0156	0	0,0156	0,0313	0,2969	0,0156	0	0,0625	0,25	0,1719										
MOU	0	0,0357	0,0179	0	0,1786	0,0714	0	0	0,125	0,2679										
RdR-AF	0	0,0077	0	0,0077	0,0385	0,0077	0,0462	0,1615	0,0923	0,2846										
RdR-D	0	0	0	0	0	0	0,3393	0	0,6607	0										
RdR-NF	0,0183	0,0732	0	0	0,0732	0,0122	0	0,0244	0,3171	0,122										
Population	Allel (bp)																			
CF	0	0,0161	0	0,0807	0	0	0	0,0161	0	0										
LV	0,0156	0	0,0469	0	0,0156	0	0	0,0156	0,0469	0										
MOU	0	0	0	0,0893	0,125	0,0357	0,0357	0	0	0,0179										
RdR-AF	0,0077	0	0,0077	0,3308	0	0,0077	0	0	0	0										
RdR-D	00	0	0	0	0	0	0	0	0	0										
RdR-NF	0,0183	0,0061	0,1159	0,1829	0	0,0061	0,0061	0,0061	0,0183	0										

OARJMP58

Population	Allel (bp)																
	147	151	153	155	157	159	161	163	165	169	171	173	179				
CF	0,6774	0	0,0081	0	0	0,0242	0,0484	0,1532	0	0	0,0161	0,0726	0				
LV	0,4583	0,0417	0,0417	0	0	0	0,125	0,0417	0,125	0	0,1667	0	0				
MOU	0,1944	0	0,0556	0	0,1389	0	0,0556	0,3611	0,0833	0	0,0556	0,0556	0				
RdR-AF	0,1308	0	0,1231	0	0,0462	0	0,0539	0,2231	0,0077	0,0077	0,4077	0	0				
RdR-D	0,4048	0	0	0	0	0	0	0,1488	0	0	0,4464	0	0				
RdR-NF	0,2716	0	0,0062	0,0062	0,0679	0	0,0124	0,2161	0,037	0,0494	0,3025	0,0247	0,0062				

OARVH72

Population	Allel (bp)												
	127	129	131	133	135	137	139	141	143				
CF	0	0,4917	0,05	0,1167	0,0083	0,1667	0,05	0,1167	0				
LV	0,0435	0,3478	0	0,3913	0,0652	0,1304	0,0217	0	0				
MOU	0,0556	0,3333	0	0,4444	0,0556	0,0556	0	0,0556	0				
RdR-AF	0,0882	0,2059	0,0294	0,5515	0,0294	0,0074	0,0736	0,0147	0				
RdR-D	0	0,3718	0,0833	0,5449	0	0	0	0	0				
RdR-NF	0,0062	0,5	0,0062	0,2161	0	0,0247	0,1111	0,1173	0,0185				

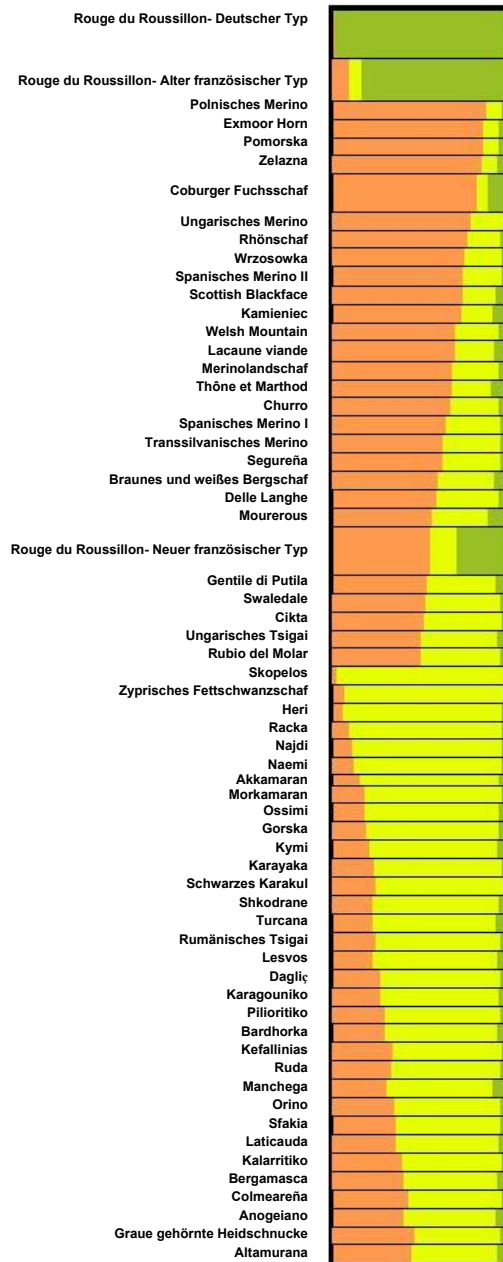


Abbildung A: Graphische Darstellung der jeweiligen Subpopulationsanteile bei Annahme von $k=3$ Subpopulationen am Beispiel eines Laufes.

Die Rassen wurden nach der Größe ihres Subpopulationsanteils sortiert. Die Breite der Spalten spiegelt die Anzahl der beprobten Tiere wieder.

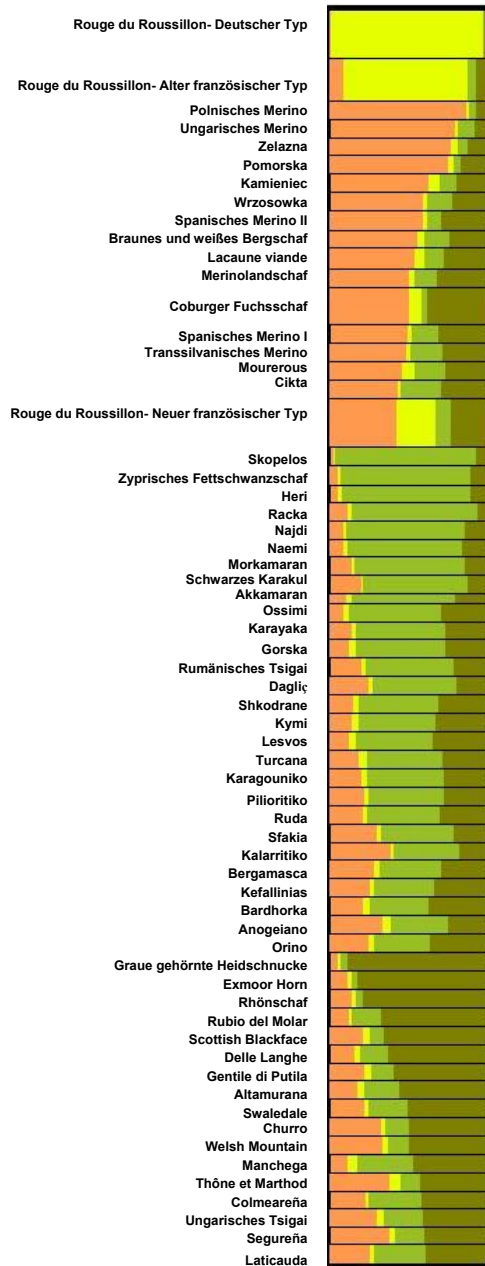


Abbildung B: Graphische Darstellung der jeweiligen Subpopulationsanteile bei Annahme von $k=4$ Subpopulationen am Beispiel eines Laufes.

Die Rassen wurden nach der Größe ihres Subpopulationsanteils sortiert. Die Breite der Spalten spiegelt die Anzahl der beprobten Tiere wieder.

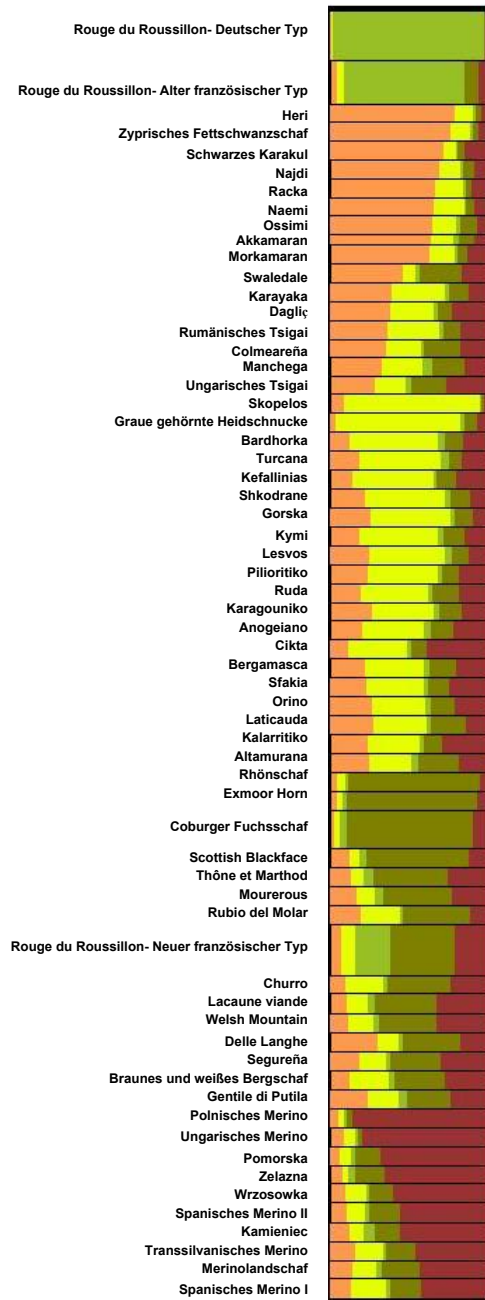


Abbildung C: Graphische Darstellung der jeweiligen Subpopulationsanteile bei Annahme von $k=5$ Subpopulationen am Beispiel eines Laufes.

Die Rassen wurden nach der Größe ihres Subpopulationsanteils sortiert. Die Breite der Spalten spiegelt die Anzahl der beprobten Tiere wieder.

Danksagung

Ich danke Prof. Dr. G. Erhardt für die Betreuung und Durchsicht der Arbeit und die Möglichkeit dieses Projekt an seinem Institut zu realisieren.

Ich möchte mich bei allen Züchtern bedanken, die mir Blutproben ihrer Tiere überlassen haben und meist auch noch tatkräftige Hilfe und nicht selten sogar leckerste Verpflegung für uns bereithielten.

Ein großes Dankeschön an Dr. Henrik Wagner von der GEH e.V. für die Hilfe bei der Konzeption und bei der Organisation des ganzen 'Drumherums', welches dieses Projekt so besonders gemacht hat. Danke auch für Dein Herzblut in Sachen alte Haustierrassen und für das immer offene Ohr bei allen Sorgen und Nöten während dieser Zeit.

Vielen lieben Dank an Dr. Katrin Baumgartner vom Tiergarten Nürnberg für Dein Vertrauen in mich, für die Einweisung in die Technik der Blutentnahme beim Schaf, für Dein Engagement für diese nicht ganz so exotische Rasse und dafür, dass Du einfach eine tolle Frau bist!

Tausend Dank an apl. Prof. Dr. Horst Brandt für Deine Geduld bei der Fehlersuche in meinen Daten, die Unterstützung bei der Statistik und die mehrfache Durchsicht des Manuskriptes.

Weiterhin möchte ich mich ganz herzlich bei Simone Hruschka bedanken, die die Probenahmen in Frankreich mit ihrer unentgeltlichen Übersetzerarbeit erst ermöglicht hat. In diesem Zusammenhang auch einen Riesen-Dank an Ines Görtz, Antje Feldmann und Sabine Pfennig, dass ihr mit mir auch noch den letzten Winkel und die abgelegenste Weide des Roussillon unsicher gemacht haben um die Rouge aufzuspüren- es war eine anstrengende aber unglaublich schöne Reise, die mir immer in Erinnerung bleiben wird. Danke auch an Kirsten Tramberend, Britta Dreisbach, Gabi Foth, Guido Frank und Isabella Giambra für ihre Hilfe bei den Probenahmen in Deutschland.

Ein großes Dankeschön an alle technischen Mitarbeiterinnen des Instituts für Tierzucht und Haustiergenetik, insbesondere an Sylvia Jäger, Margarethe Falke und Carina Luft für die

umfassende Hilfe bei der Laborarbeit. Meinen MitdoktorandInnen danke ich für die schöne Zeit im Institut und die moralische Unterstützung, wenn es schwierig wurde.

Danke an Aykut, der mich unzählige Male und unter teils widrigen Bedingungen sicher von Gießen nach Berlin und wieder zurück gebracht hat und an Natalie und Doro fürs Asyl in den letzten Monaten meiner „Gießener Zeit“.

Last but not least möchte ich mich herzlich bei meiner Familie und besonders bei Tim bedanken- dafür, dass ihr mich immer unterstützt und manchmal auch einfach ertragen habt und immer für mich da wart. Und Danke auch an mein Töchterchen Mariella- dafür, dass Du schon im Bauch unkompliziert warst und dass Du in der Korrekturzeit der Arbeit (meistens) am Abend gut geschlafen hast, so dass ich überhaupt die Möglichkeit hatte, das Ganze zu Ende zu bringen.

Diese Arbeit wurde von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung des BMELV gefördert. Danke an Dr. Frieder Hamm für die Betreuung. Weiterhin unterstützten uns der Tiergarten Nürnberg, Verein der Tiergartenfreunde Nürnberg e.V., Tierpark Arche Warder, GEH e.V. und GENUVI e.V..

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 oder nicht 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.

ISBN 978-3-86345-016-8



Verlag: Deutsche Veterinärmedizinische Gesellschaft Service GmbH
35392 Gießen · Friedrichstraße 17 · Tel. 0641 / 24466 · Fax: 0641 / 25375
e-mail: info@dvg.net · Homepage: <http://www.dvg.de>