

## Tierzucht – Reinzucht – Additive Genwirkungen - Leistungsmerkmale

### 5 Ausgangslage: Kenntnis der Mendel'schen Gesetze (MG)

Zur Erinnerung:

Mit den MG kann die Vererbung von Merkmalen beschrieben und analysiert werden, bei denen

- 10
- die Umwelt für die Merkmalsausprägung keine (oder jedenfalls nur eine sehr ) untergeordnete Rolle spielt;
  - nur ein (oder wenigstens nur wenige) Gene, die an der Vererbung beteiligt sind;
  - die Merkmalsausprägung eine diskrete Struktur hat, d. h. mehr oder weniger ohne fließende Übergänge einem Entweder-Oder-Muster folgt.

15 Beispiele für derartige, mit den MG sehr gut nachvollziehbare vererbte Merkmale liefern etwa Farb- und Formmerkmale oder Erbfehleranomalien.

**Fragestellung: Wie werden kontinuierliche, d.h. von einem Minimal- bis zu einem Maximalwert in unendlich (, zumindest aber sehr) vielen Abstufungen vorkommende Merkmale vererbt, insbesondere wenn auf die Merkmalsausprägung die jeweilige Umwelt einen nennenswerten Einfluss hat?**

20

Bekanntlich ist etwa bei einem einzelnen Hund die Schärfe, d.h. die Aggressionsbereitschaft keineswegs immer gleich entweder vorhanden oder nicht vorhanden, unabhängig von Dressur, Alter, Ernährungszustand, Anwesenheit von Stressfaktoren oder anderen / weiteren

25 Umweltvariablen.

#### **Modellannahme 1:**

Auf dem **Genort A** (für Apportierbereitschaft) kommen in einer Hunde-Population (, d.h. in einer unter einheitlicher Zuchtleitung stehenden Tiergruppe) die Gene **A** und **a** vor. Dabei soll Gen **A** eine Wirkung von 2 und Gen **a** eine Wirkung von nur 1 haben. Weiter soll gelten, dass jedes vorhandene Gen auch zur Ausprägung kommt, also ein zwischenerbiger oder intermediärer Erbgang vorliegt.

30

Unterstellen wir durchschnittliche Elterntiere in der F1 mit einer Veranlagung von Aa so haben diese Eltern eine Apportierbereitschaft von 3.

Eltern	Vater		Mutter	
Genotypen	Aa	x	Aa	
Phänotypen	3		3	

35 Daraus ergeben sich folgende möglichen Nachkommenveranlagungen:

Nachkommen		
1 x AA = Apportierbereitschaft von 4	2 x Aa = Apportierbereitschaft von 3	1 x aa = Apportierbereitschaft von 2

Die Modellannahme 1 entspricht noch ganz den von der MG her bekannten Gegebenheiten.

**Modellannahme 2:**

- 5 In einer neuen Population soll es einen zusätzlichen Genort **B** für das gleiche Merkmal Apportierbereitschaft mit den entsprechenden Genen B und b geben:

Eltern	Vater		Mutter	
Genotypen	AaBb	x	AaBb	
Phänotypen	6		6	

Gameten	AB	Ab	aB	ab
AB	AABB = 8	AABb = 7	AaBB = 7	AaBb = 6
Ab	AABb = 7	AAbb = 6	AaBb = 6	Aabb = 5
aB	AaBB = 7	AaBb = 6	aaBB = 6	AaBb = 5
ab	AaBb = 6	Aabb = 5	aaBb = 5	Aabb = 4

10 **Modellannahme 3:**

In einer Modellpopulation sollen zusätzlich am Genort C die Gene C und c vorkommen, welche ebenfalls auf das Merkmal Apportierbereitschaft einwirken. In dieser Modellpopulation würden Elterntiere mit dem Genotyp AaBbCc (=2+1+2+1+2+1) also über eine erbliche Apportierbereitschaft im Umfang von 9 verfügen. In ihren Gameten, also Ei- oder Samenzellen

15 würden sie die Kombinationen ABC=6, ABc=5, AbC=5, aBC=5, Abc=4, aBc=4, abC=4, abc=3 weitergeben. Die Kombination dieser Gameten ergibt:

Gameten	6	5	5	5	4	4	4	3	
6	12	11	11	11	10	10	10	9	
5	11	10	10	10	9	9	9	8	
5	11	10	10	10	9	9	9	8	
5	11	10	10	10	9	9	9	8	
4	10	9	9	9	8	8	8	7	
4	10	9	9	9	8	8	8	7	
4	10	9	9	9	8	8	8	7	
3	9	8	8	8	7	7	7	6	

Das entspricht bei 64 Nachkommen einer Verteilung von 1:6:15:20:15:6:1.

- 20 Hierbei werden einige Tatsachen deutlich, die einzusehen für jeden, der sich mit Zucht und Genetik auseinandersetzt, außerordentlich wichtig sind:

1. Bei der Zucht innerhalb einer Population, also z.B. der des kleinen Münsterländers, entspricht der Durchschnitt aller Nachkommen bei genügend großen Zahlen immer genau dem Durchschnitt der Eltern, d.h. der aktiven Zuchttiere, also hier in unserer
- 25 Modellpopulation die Apportierbereitschaft 9.

2. Typen, die genau dem Durchschnitt - der Genetiker nennt diesen auch den Mittelwert! - entsprechen, also hier in unserer Modellpopulation 3 die Tiere mit der Apportierbereitschaft 9, sind stets die häufigsten Typen. Der Durchschnittstyp/Mittelwert ist also immer auch der häufigste Einzeltyp.
- 5 3. Je weiter Typen vom Mittelwert abweichen, was man in der Genetik übrigens **streuen** nennt, desto seltener sind sie.
4. Durchschnittliche Eltern können in seltenen Fällen enorm von einander abweichende Nachkommen haben, wie in der Modellpopulation 3 die Apportierbereitschaften 6 und 12, aber die meisten Geschwister sind einander recht ähnlich.
- 10 5. Die Analyse der Vererbung wird mit zunehmender Zahl von beteiligten Genorten sehr schnell so kompliziert bzw. aufwendig, dass sie mit den von der Vererbung nach Mendel her bekannten Methoden kaum mehr zu bewerkstelligen ist.

Für das letztere Problem gibt die Mathematik eine Hilfestellung. Man kann nämlich die Verteilung sehr einfach mit Hilfe des sogenannten Pascal'schen Dreiecks ermitteln. Dessen Aufbau kann recht einfach der nachstehenden Darstellung entnehmen.

15

So ergäben sich etwa für eine weitere angenommene Modellpopulationen mit entsprechenden Gen-Paaren bei Eltern mit einer angenommenen durchschnittlichen Apportierbereitschaft für die Nachkommen die Verteilungen, wie sie auf den nachfolgenden Diagrammen gezeigt werden.

20

Die Verteilung der Nachkommen ergibt eine ganz typische, sich in ihren Proportionen nicht mehr ändernde Form einer Glockenkurve, der sogenannten Normalverteilung. Entsprechend dieser Glockenkurve verteilen sich praktisch alle Zufallsereignisse und Beobachtungen. Würden Sie etwa aus einem größeren See alle gleichaltrigen Frösche einer Art fangen und vermessen, so gäbe es auch bei diesen einen größten und einen kleinsten Frosch, wenige besonders Große und wenige besonders Kleine, aber sehr viele, die etwa dem Durchschnitt entsprechen. Als Kurve dargestellt würde dies von der Verteilung auf unserer letzten Darstellung nicht wesentlich abweichen. Ein anderes Beispiel: Angenommen, man würde alle Kurbelwellen einer Jahresproduktion für einen bestimmten VW-Golf-Motor äußerst genau vermessen, so würden die meisten Messwerte sich genau so um den Mittelwert verteilen, wie dies unsere Grafiken hier zeigen.

25

30

Zurück zur Zucht:

Bisher haben wir ja in unseren Modellen nicht wirklich gezüchtet, sondern nur die Verteilung der Nachkommen von völlig durchschnittlichen Eltern untersucht, also die Ausgangsstruktur von Modellpopulationen untersucht.

35

Welche Auswirkungen hätten jetzt konkrete Zuchtmaßnahmen in diesen Modellpopulationen? Der Übersichtlichkeit halber soll dies an der Modellpopulation 4 untersucht werden.

Wir nehmen an, dass die Population von diesen Tieren gebildet wird. Wir nehmen weiter an, dass das Tier mit den besten Apportier-Eigenschaften ein äußerst fruchtbarer und deckfreudiger oder besamungstauglicher Rüde ist.

Wie verändert sich die Populationsstruktur, wenn man diesen Rüden mit sämtlichen Hündinnen, bzw. der Einfachheit halber mit einer genetischen Durchschnittshündin anpaart, was vom Ergebnis her ja dasselbe ist.

Der Rüde hat nur noch Großbuchstaben-Gene, vererbt also mit jedem Spermium immer nur ABCD= Apportierbereitschaft 8.

Die Durchschnittshündin AaBbCcDd hat hingegen in ihren Eiern jeweils die mögliche Kombinationen von zwei Groß- und zwei Klein-Buchstaben zu vererben, also:

Gameten			(Rüde)			Apportierbereitschaft der Nachkommen
ABCD	8	+	ABCD	8	=	16
aBCD	7	+	ABCD	8	=	15
AbCD	7	+	ABCD	8	=	15
ABcD	7	+	ABCD	8	=	15
ABCd	7	+	ABCD	8	=	15
ABcd	6	+	ABCD	8	=	14
AbCd	6	+	ABCD	8	=	14
abCD	6	+	ABCD	8	=	14
aBcD	6	+	ABCD	8	=	14
aBCd	6	+	ABCD	8	=	14
AbcD	6	+	ABCD	8	=	14
Abcd	5	+	ABCD	8	=	13
aBcd	5	+	ABCD	8	=	13
abCd	5	+	ABCD	8	=	13
abcD	5	+	ABCD	8	=	13
abcd	4	+	ABCD	8	=	12

Der Durchschnitt der nächsten Generation liegt jetzt also bei einer genetischen Apportierbereitschaft von 14, d.h. man hat innerhalb einer Generation einen Zuchtfortschritt von 12 auf 14, also um zwei Einheiten erricht. Die Verteilung ist 1:4:6:4:1. Würde man nach dem gleichen Prinzip erneut den besten Rüden mit einer genetischen Apportierbereitschaft 16 mit allen Hündinnen paaren, ergäbe sich für die nächste Generation eine Veranlagung von  $(16+14)/2=30/2=15$  ergeben. Und so würde sich in jeder weiteren Generation bei gleicher Zuchttechnik entsprechend ein weiterer, allerdings jedes Mal nur noch halb so großer Zuchtfortschritt, wie in der vorhergehenden Generation ergeben.

Wir können also feststellen:

Reinzuchtverfahren führen dazu,

- dass die Populationsmitglieder einander immer ähnlicher werden,
- dass sich das Populationsmittel auf die beste mögliche genetische Kombination hin bewegt,

- dass der Zuchtfortschritt tendenziell immer kleiner werden muss und auf die beste mögliche Genkombination beschränkt ist.

Soweit die Theorie!

Es gibt eine weitere wesentliche Feststellung. Am Ende werden alle Gene mit Kleinbuchstaben aus dieser Population verschwunden sein und mit diesen Genen die Chromosomen auf denen, diese Gene sich befunden haben. Dafür werden die Gene mit Großbuchstaben in jeder Zelle je zweimal vorkommen, d.h. die Tiere werden homozygot (= reinerbig) sein. Sollten nun zufälligerweise – und das kann in der Realität durchaus vorkommen !! – auf diesen herausgezüchteten, also in der Population nicht mehr vorhandenen Chromosomen weitere wichtige, aber eben bisher in der Zucht nicht berücksichtigte Gene für z.B. Vitalität vorgekommen sein, so sind diese ebenfalls aus der Population verschwunden. Das erklärt, warum extreme Reinzucht auf Einzelmerkmale so oft zu massiven Einbrüchen in anderen Bereichen geführt haben. Letztlich ist dies das, was man üblicherweise mit Inzuchtfolgen bezeichnet. Inzucht, also Zucht unter nahen Verwandten oder sogar Inzestzucht, d.h. Zucht unter Verwandten mit einem Verwandtschaftsgrad von über 25 % ist also außerordentlich riskant, insbesondere in kleinen Populationen. Allerdings gibt es durchaus auch Fälle, wo lange und intensivste Inzucht keine nennenswerten Vitalitätseinbrüche bewirkt hat.

Bei solchen Populationen waren eben zufälligerweise keine vitalitätsrelevanten Gene mit leistungsnegativen Genen auf den gleichen Chromosomen gekoppelt. Menschen haben sich z.B. als teilweise erstaunlich inzuchtresistent erwiesen; die Königin Cleopatra etwa, an deren außergewöhnlicher Vitalität wohl kein Zweifel bestehen dürfte, war das Produkt von sieben Generationen Bruder-Schwester-Paarung. Auch die Vollblutzucht beim Pferd basiert auf schier unglaublicher Inzucht. Das gesamte Englische Stud-Book, ein geschlossenes Herdbuch wohlgemerkt, basiert auf nur drei Hengsten.

Vergleichbares hat bei den Nordwesteuropäischen Schweinerassen, bei denen sich praktisch alle Landrassen auf nur drei Eber, die um 1900 im Einsatz waren, zurückführen lassen, zu ziemlich katastrophalen Vitalitätsproblemen geführt. In solchen Fällen muss notfalls das Reinzuchtprinzip aufgegeben werden und zumindest vorübergehend Kreuzungszucht - dann meistens vornehm als Veredelungszucht umschrieben - betrieben werden. Gleiches gilt, wenn das genetische Potential einer Rasse in der Reinzucht erschöpft ist. Solange es irgendwo auf der Welt eine andere Rasse der gleichen Art gibt, die in dem fraglichen Merkmal überlegen ist, besteht Aussicht, deren Gene zu importieren.

Wenig Probleme haben übrigens sehr große, nach Millionen zählende Populationen, da bei diesen die absolut gesehen sehr seltenen positiven Mutationen häufig genug für neue nutzbare Streuung, sprich weiteren Zuchtfortschritt sorgen. Das erklärt auch, warum z.B. bei der weltweit größten Rinder-Population - dem schwarzbunten HF-Rind - der jährliche Zuchtfortschritt in der Reinzucht in den letzten dreißig Jahren absolut nicht abgenommen hat.