

Populationsstruktur und genetische Diversität von Schweizer Schafrassen

Alexander Burren¹, Christine Flury¹, Christian Aeschlimann², Christian Hagger¹ und Stefan Rieder³

¹Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaft HAFL, 3052 Zollikofen

²Schweizerischer Schafzuchtverband, Caprovis Data AG, 3000 Bern

³Schweizerisches Nationalgestüt ALP-Haras, 1580 Avenches

Auskünfte: Stefan Rieder, E-Mail: stefan.rieder@haras.admin.ch, Tel. +41 26 676 62 09



Die vier grössten Schafpopulationen der Schweiz. (Fotos: Schweizer Schafzuchtverband)

Einleitung

Im Jahr der Biodiversität 2010 hat der Schweizerische Schafzuchtverband die Abstammungsdaten (Pedigrees) der vier grössten Schweizer Schafpopulationen Braunköpfiges Fleischschaf (15 %, n=10858), Schwarzbraunes Bergschaf (15 %, n=10964), Walliser Schwarznasenschaf (20 %, n=14371) und Weisses Alpenschaf (44 %, n=32169) für genetische Diversitätsanalysen zur Verfügung gestellt¹. Die Analysen dieser Herdebuchdaten erlauben einerseits Aussagen zum Aufbau der vier Populationen, andererseits ermöglichen sie die Bestimmung verschiedener populationsgenetischer Parameter. Letztere erlauben Aussagen zum Stand und Trend der genetischen Diversität. Auf dieser Grundlage lassen sich im Bedarfsfall Managementmassnahmen ableiten.

Das *Braunköpfige Fleischschaf (BFS)* ist eine schwere Schweizer Schafrasse und entstand im 19. Jahrhundert durch Kreuzung der Schweizer Grabserschafe mit Englischen Oxfordschafen und Deutschen Schwarzköpfigen Fleischschafen. Beide Rassen werden auch heute noch für Veredlungskreuzungen genutzt (SZV 2010).

Beim *Schwarzbraunen Bergschaf (SBS)* handelt es sich um eine sehr alte Rasse, welche aus verschiedenen lokalen Landschlägen hervorgegangen ist. Ihr Ursprung geht auf das Frutiger Schaf zurück. Es wird vermutet, dass die braune Farbe durch Einkreuzung mit dem braunen Walliser Roux de Bagnes Schaf erzielt wurde. Vor der Rassenvereinheitlichung in der Schweiz 1925 wurden die

¹In Klammer werden der Anteil am gesamten aktiven Herdebuchbestand in Prozent sowie die Anzahl aktiver Herdebuchtiere vom 1. Mai 2010 angegeben, die älter als 6 Monate sind.

braunen Schafe aus dem Berner Oberland mit verschiedenen schwarzen Schafrassen aus dem Jura, dem Saanen- und dem Freiburgerland gekreuzt, woraus letztlich das Schwarzbraune Bergschaf hervorging. Seit dem Jahr 1925 wurde auf die Einkreuzung fremder Rassen verzichtet (SBSVS 2010; SZV 2010).

Auch beim *Walliser Schwarznasenschaf (SN)* finden sich Aufzeichnungen die bis ins 14. Jahrhundert zurückreichen. Es wird vermutet, dass die Rasse von den Vispertschafen abstammt, welche mit Bergamasker Schafen aus der Lombardei gekreuzt wurden. Der Ausdruck «schwarznasige» Rasse wird erstmals Ende des 19. Jahrhunderts verwendet und steht möglicherweise mit der Einkreuzung von Cotswold Schafen aus England und Deutschland im Zusammenhang (Baars *et al.* 2006).

Das *Weisse Alpenschaf (WAS)* entstand aus verschiedenen Landschlägen des weissen Gebirgsschafes. Durch Einkreuzung von deutschen Merinoland und französischen Ile-de-France Schafen konnte die Fleisch- und Wollleistung nachhaltig verbessert werden. Die Rasse Ile-de-France wird nach wie vor zu Veredlungskreuzungen eingesetzt (SZV 2010).

Tiere, Material und Methoden

Für die Auswertungen wurden alle Herdebuchtiere der Geburtsjahre 1970–2008 berücksichtigt. Tiere mit Geburtsdatum vor 1970 oder unbekanntem Geschlecht wurden von den Analysen ausgeschlossen.

Genetische Parameter wie beispielsweise der Inzucht- und Verwandtschaftsgrad werden massgeblich durch die Vollständigkeit und die Länge eines Pedigrees beeinflusst (Sölkner und Baumung 2001). Im vorliegenden Fall fällt die Vollständigkeit der vier Pedigrees vor dem Geburtsjahr 1996, u.a. aufgrund nicht-elektronischer Datenerfassung, stark ab (Abb. 2). Aus diesem Grund werden alle untersuchten Parameter erst ab dem Jahr 1996 dargestellt. Tiere die zwischen 1970 und 1995 geboren wurden, fliessen jedoch als Ahnen in die Berechnungen ein.

Für die Auswertung der Wurfgrösse wurden die Programme SAS und Excel verwendet. Berücksichtigt wurden dabei alle Tiere mit bekanntem Geburtsdatum und bei der Wurfgrösse jene mit zwei bekannten Eltern. Zur Identifikation von Mehrlingsgeburten dienen das Geburtsdatum und die Identitätsnummern der Eltern.

Die Pedigrees wurden mit den Programmen CFC (Sargolzaei *et al.* 2006), PEDIG (Boichard 2002) und POP-REPORT (Groeneveld *et al.* 2009) ausgewertet. Um geschlechterspezifische Auswertungen über eine gewisse Zeitperiode zu ermöglichen, verarbeiten die beiden letzteren Programme, nebst den eigentlichen

Zusammenfassung

Das Jahr 2010 wurde von den Vereinten Nationen zum Jahr der Biodiversität erklärt. Der Schweizerische Schafzuchtverband stellte in diesem Kontext Herdebuchdaten der vier grössten Schweizer Schafrassen zur Analyse der genetischen Diversität zur Verfügung. Untersucht wurden das Braunköpfige Fleischschaf (BFS; n=10 858), das Schwarzbraune Bergschaf (SBS; n=10 964), das Walliser Schwarznasenschaf (SN; n=14 371) und das Weisse Alpenschaf (WAS; n=32 169). Die Analysen beruhen auf allen Herdebuchtieren der Geburtsjahre 1996–2008 und ihren Ahnen bis und mit Geburtsjahr 1970. Ausgewertet wurden die Daten mit gängiger Software für populationsgenetische Fragestellungen.

Die grösste Zunahme beim mittleren Inzuchtkoeffizienten konnte im untersuchten Zeitraum bei der Rasse SN (5,9 → 9,3 %) gefolgt von den Rassen BFS (2,4 → 4,3 %), SBS (2,4 → 3,8 %) und WAS (1,4 → 2,5 %) beobachtet werden. Obwohl die Inzuchtraten im Zeitraum 1996 bis 2008 teilweise starke Schwankungen aufwiesen, zeigte sich bei allen vier Rassen grundsätzlich ein steigender Trend. Damit einher ging ein sinkender Trend bei der effektiven Populationsgrösse. Die grösste Anzahl an effektiven Gründertieren, Ahnen und Gründergenomen fanden sich beim weissen Alpenschaf. Bei allen vier Rassen war bei diesen drei Parametern im Laufe der Jahre eine sinkende Tendenz erkennbar, wobei die Abnahme bei der Rasse WAS im Vergleich mit den anderen Rassen viel ausgeprägter war. Ein weiterer Indikator für eine abnehmende genetische Vielfalt von 1996 bis 2008 ist der marginale Genanteil des wichtigsten Ahnen. Dieser ist bei allen vier Rassen angestiegen (SN 11,05 → 19,79 %; BFS 7,67 → 11,27 %; SBS 4,45 → 5,19 %; WAS 2,84 → 4,69 %).

Aufgrund der Ergebnisse stellt sich die Frage nach gezielten Managementmassnahmen nur bei der SN-Population. Bei den anderen drei Rassen sollten die Trends der genetischen Diversitätsparameter jedoch regelmässig überprüft werden.

Kasten 1 | Kasten: Untersuchte genetische Parameter

Die **Pedigreevollständigkeit** nach MacCluer *et al.* (1983) und Boichard *et al.* (1997).

Der **additiv genetische Verwandtschaftsgrad (f)** zwischen zwei Individuen sowie dessen Veränderung pro Jahr (Δf). Der Verwandtschaftsgrad entspricht dem doppelten Verwandtschaftskoeffizienten, welcher die Wahrscheinlichkeit ausdrückt, dass ein Allel an einem zufälligen Genort des einen Individuums mit einem Allel am gleichen Genort eines anderen Individuums herkunftsgleich ist. Verwendet wurde hier die Methode von Boichard (2002).

Der **Inzuchtkoeffizient (F)**, welcher der Wahrscheinlichkeit entspricht, dass zwei zufällig herausgegriffene Allele an einem Genort eines Individuums abstammungsgleich sind sowie die **Inzuchtrate (ΔF)** pro Generation (Falconer und Mackay 1996).

Die **effektive Populationsgrösse (N_e)**, welche der Anzahl Individuen in einer idealen Population² entspricht, die zum gleichen Inzuchtzuwachs bzw. zur gleichen Varianz der Allelfrequenzen führt, wie sie in einer realen Population zu beobachten ist (Schüler *et al.* 2001). Für die Berechnung wurde die Formel $N_e = 1/(2 \times \Delta F)$ verwendet, die auf der Inzuchtzunahme pro Generation basiert (Falconer und Mackay 1996).

Die **effektive Anzahl an Gründertieren, Ahnen und Gründergenomen** (Boichard *et al.* 1997; Caballero und Toro 2000 sowie Lacy 1989), welche Sölkner und Baumung (2001) wie folgt beschreiben:

«Die **effektive Anzahl Gründertiere (f_g)** ist als jene Zahl von Gründern definiert, welche, unter der Voraussetzung jeweils gleiche Beiträge zur aktuellen Population zu liefern, dieselbe genetische Variabilität erwarten lässt, wie sie tatsächlich beobachtet wird.»

«Die **effektive Anzahl Ahnen (f_a)** entspricht der Mindestzahl an Vorfahren (müssen keine Gründertiere sein), die notwendig sind, um die gesamte genetische Diversität der aktuellen Population zu erklären.» Im Gegensatz zu f_g wird bei f_a auch der Verlust von Genen durch Flaschenhälse³ berücksichtigt.

«Die **effektive Anzahl Gründergenome (f_{ge})** beschreibt die Wahrscheinlichkeit, dass ursprüngliche Gene aus der Gründerpopulation bis in die aktuelle Population überlebt haben und wie gleichmässig diese verteilt sind.» Da f_{ge} nebst dem unbalancierten Zuchteinsatz, der Variation in der Familiengrösse und Flaschenhälse auch zufällige Drift⁴ berücksichtigt, ist f_{ge} immer kleiner als f_g bzw. f_a (Sölkner und Baumung 2001).

Die **marginalen Genanteile** der wichtigsten Ahnen am Gesamtgenpool (Boichard 2002; Boichard *et al.* 1997). Der Begriff «marginal» steht dabei für den Genanteil, welcher nicht bereits durch andere Ahnen erklärt wurde (Sölkner und Baumung 2001).

²Bei einer Idealpopulation handelt es sich um eine grosse Population mit Zufallspaarung ohne Selektion, Mutation und Migration mit konstanten Genotyp- und Allelfrequenzen von einer Generation zur nächsten (Schüler *et al.* 2001)

³Wenn eine Population z. B. durch eine Seuche stark reduziert wird und anschliessend neu aufgebaut werden muss, geht sie durch einen sogenannten Flaschenhals (Schüler *et al.* 2001).

⁴Zufällige Änderung der Genfrequenzen (allenfalls Verlust von Genen) von einer Generation zu nächsten, ohne erkennbares Muster (Schüler *et al.* 2001).

Abstammungsdaten Tier-, Vater- und Mutteridentität, auch das Geburtsdatum und das Geschlecht der jeweiligen Tiere. Tiere mit unbekanntem Geschlecht und/oder Geburtsdatum wurden dabei nicht berücksichtigt. Da im Programm CFC diese beiden Parameter nicht verarbeitet werden, variieren die Stichprobengrössen zwischen den drei Programmen in Abhängigkeit der Anzahl Tiere mit unbekanntem Geburtsdatum.

Nebst verschiedenen deskriptiven Grössen wurden mit den drei Programmen die genetischen Parameter im Kasten untersucht.

Resultate und Diskussion

Die Herdebuchbestände der vier Rassen variierten zwischen 160 463 und 533 758 Tieren (Tab. 1). Das Pedigree der Rasse WAS war im Vergleich zu den drei übrigen Populationen deutlich grösser, wies einen höheren Anteil an unbekanntem Vätern und den geringsten Anteil an ingezüchteten Tieren auf. Die SN Schafe wiesen den tiefsten Anteil an Tieren ohne Nachkommen und den höchsten Anteil an Müttern auf. Bei allen vier Rassen gab es deutlich mehr unbekannte Väter als unbekannte Mütter.

Tab. 1 | Anzahl Tiere in den vier Pedigrees (Geburtsjahrgänge 1970–2008)

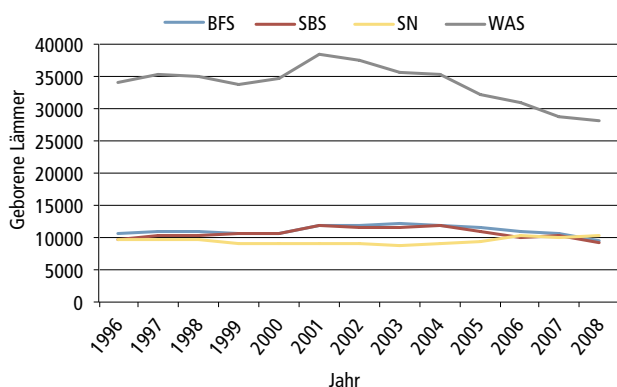
Kategorie	BFS		SBS		SN		WAS	
	Tiere	%	Tiere	%	Tiere	%	Tiere	%
Total Tiere	168 469	100	160 463	100	157 185	100	533 758	100
Väter	7 095	4,21	5 524	3,44	7 842	4,99	19 056	3,57
Mütter	43 175	25,63	33 719	21,01	50 299	32	132 952	24,91
Tiere ohne Nachkommen	118 199	70,16	121 220	75,54	99 044	63,01	390 712	73,2
Tiere mit unbekanntem Eltern (Gründer)	1 737	1,03	1 018	0,63	1 980	1,26	8 590	1,61
Vater bekannt, Mutter unbekannt	0	0	1	0,001	0	0	0	0
Vater unbekannt, Mutter bekannt	5 744	3,41	7 257	4,52	4 819	3,07	64 441	12,07
Tiere mit unbekanntem Geburtsdatum	1 578	0,94	735	0,46	1 662	1,06	5 503	1,03
Ingezüchtete Tiere	152 179	90,33	148 126	92,31	143 704	91,42	406 020	76,07

Entwicklung der Geburten von 1996–2008

Die Anzahl Geburten hat sich bei drei Rassen im betrachteten Zeitraum wenig geändert, während sie beim weissen Alpenschaf seit dem Jahr 2001 stark gesunken ist (Abb. 1).

Die männlichen SN Tiere waren im Zeitraum 1996–2008 mit einem durchschnittlichen Alter von 2,3 Jahren bei der Reproduktion im Durchschnitt etwas jünger als jene der anderen Rassen (BFS: 2,5; SBS: 2,6; WAS: 2,7 Jahre). Bei den weiblichen Tieren wiesen die WAS mit 3,5 Jahren das höchste durchschnittliche Alter bei der Geburt der Nachkommen auf. Die Mütter der anderen drei Rassen waren bei der Reproduktion im Durchschnitt 3,1 (BFS), 3,0 (SBS) und 3,1 (SN) Jahre alt.

Unterschiede zwischen den vier Rassen konnten auch bei der Wurfgrösse beobachtet werden (Tab. 2). So fanden sich Würfe aus denen sechs Lämmer hervorgin-


Abb. 1 | Entwicklung der Geburten.

gen nur bei der Rasse SBS und solche mit fünf Lämmern bei den Rassen SBS und WAS. Bei den Rassen BFS und SN wurden maximal vier Lämmer pro Wurf geboren. Der Anteil an Mehrlingsgeburten hat von 1996 bis 2008 bei allen vier Rassen zugenommen (Zunahme = SN: 9,34 %; WAS 8,87 %; SBS: 5,49 %; BFS: 2,68).

Pedigreevollständigkeit

Sowohl bei der Rasse BFS als auch bei den SBS Tieren lag die Pedigreevollständigkeit nach MacCluer *et al.* (1983) in der ersten Generation nie unter 93 % und erreichte auch in der sechsten Generation ab Mitte der 90er Jahre noch 90 % (Abb. 2). Weniger vollständig war das SN Pedigree, welches in der ersten Generation erst ab 1976 eine Vollständigkeit von über 90 % erreichte. In der fünften und sechsten Generation waren nie mehr als 90 % der Tiere bekannt. Das Pedigree der Rasse WAS war im Vergleich zu den übrigen Rassen am unvollständigsten und erreichte eine maximale Vollständigkeit von 91,8 % in der ersten Generation im Jahr 2007. Diese tiefere Pedigreevollständigkeit ist ein Resultat des offenen Herdebuches und Zuchtprogrammes dieser Rasse, da von den Einkreuzungstieren in der Regel nur wenige Ahnen ins WAS-Herdebuch übernommen werden.

Inzucht und Verwandtschaft

Während bei den Rassen BFS, SBS und WAS die Inzuchtsteigerung nahezu linear verlief, gab es bei den SN Schafen grössere Schwankungen (Abb 3). Der höchste mittlere Inzuchtgrad aus den Geburtsjahren 1996 bis 2008 konnte bei der Rasse SN mit 7,2 %, gefolgt von den Rassen BFS (3,3 %), SBS (3,0 %) und WAS (1,8 %) beob-

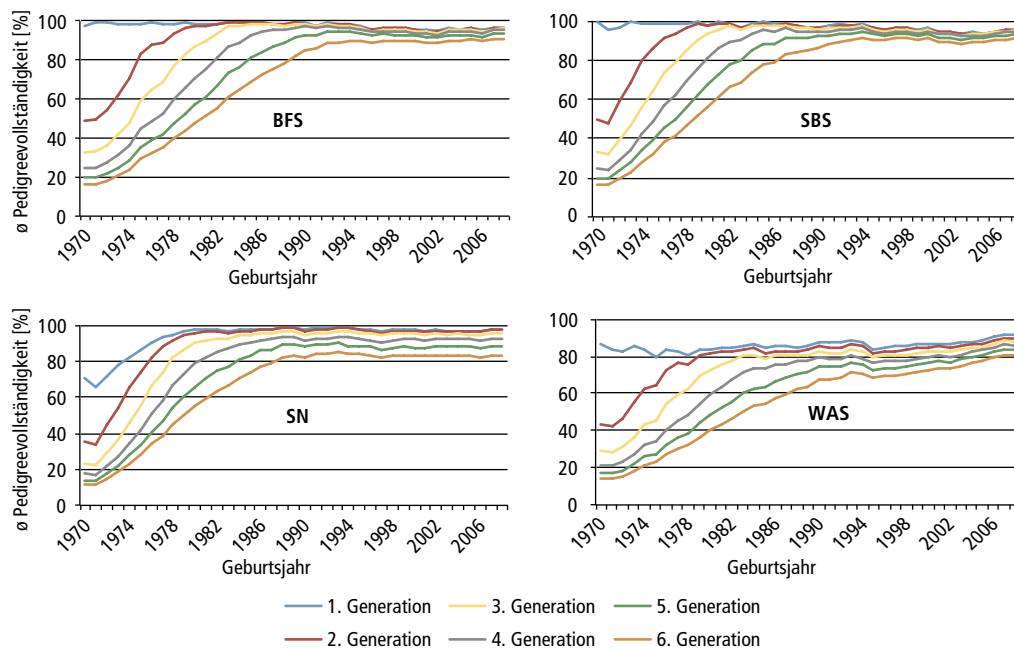


Abb. 2 | Pedigreevollständigkeit der vier Rassen BFS, SBS, SN und WAS.

achtet werden. Diese Ergebnisse decken sich mit der Studie von Hagger (2002), der mittels zweier Stichproben der Rassen WAS und SBS aus den Geburtsjahren 1996 bis 1998 einen durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten von 1,61 % (WAS) und 2,75 % (SBS) nachgewiesen hatte. Die Anteile ingezüchteter Tiere mit Geburtsjahrgang 1996 bis 2008 betragen 96,7 % (SN), 94,7 % (BFS), 94,5 % (SBS) und 82,1 % (WAS). Der durchschnittliche additiv genetische Verwandtschaftsgrad belief sich in derselben Periode auf 2,6 % (BFS), 1,7 % (SBS), 3,2 % (SN) und 0,8 % (WAS).

Obwohl die Inzuchtraten im Zeitraum 1996 bis 2008 teilweise starke Schwankungen aufwiesen, zeigte sich bei allen vier Rassen grundsätzlich ein steigender Trend (Abb. 4). Damit einher ging umgekehrt eine sinkende N_e .

Dies ist auf die inverse Beziehung zwischen N_e und ΔF zurückzuführen (siehe Tiere, Material und Methoden). Im Jahr 2000 war ΔF bei der Rasse SN sehr klein und ein Jahr später sogar negativ. Deshalb stieg die N_e bei den SN Tieren zuerst stark an und konnte im Jahr 2001 nicht ermittelt werden, da die N_e nur für positive Inzuchtraten berechnet werden kann. Diese starken Schwankungen in den Schätzungen für ΔF und N_e entsprechen sicherlich nicht der Realität. Solche Artefakte werden unter anderem auf die Ahnenstruktur und Unvollständigkeit der Stichprobe zurückgeführt. So fanden auch Flury und Rieder (2011) bei der Schweizer Eringerpopulation starke Ausreisser bei der geschätzten N_e , welche sie hauptsächlich auf das unvollständige Pedigree zurückgeführt haben.

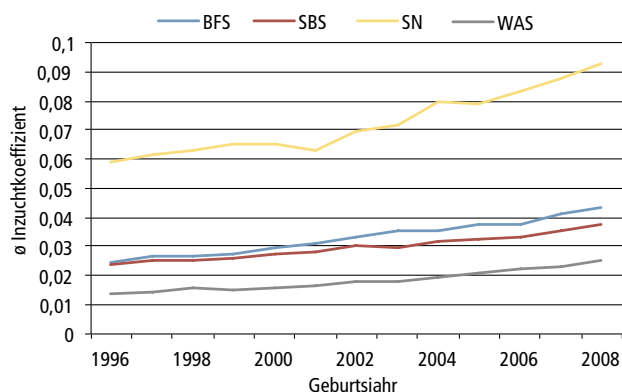


Abb. 3 | Durchschnittlicher Inzuchtkoeffizient.

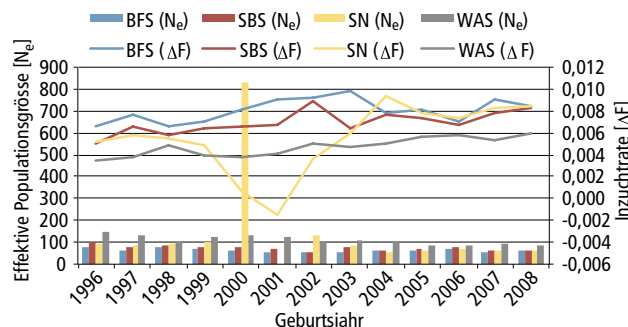


Abb. 4 | Inzuchtrate und effektive Populationsgröße.

Tab. 2 | Häufigkeit der Wurfgrößen von 1996 bis 2008 [%]

Rasse	Anzahl Lämmer pro Wurf						Anteil Mehrlingsgeburten
	1	2	3	4	5	6	
BFS	48,95	47,32	3,66	0,07	-	-	51,05
SBS	43,97	48,18	7,32	0,52	0,016	0,002	56,03
SN	66,53	33,15	0,32	0,004	-	-	33,47
WAS	54,24	43,58	2,13	0,05	0,001	-	45,76

Die Inzuchtraten und die effektiven Populationsgrößen der vier untersuchten Schafzassen lagen im Mittel der Geburtsjahrgänge 1996 bis 2008 bei 0,008 % bzw. 63 (BFS), 0,007 bzw. 74 (SBS), 0,005 % bzw. 145 (SN) und 0,005 % bzw. 109 (WAS). Dabei können Schafpopulationen basierend auf ihrer effektiven Poulationsgrösse in folgende Gefährdungsstufen eingeteilt werden (BLW 2002): < 25 kritisch gefährdet, 25–39 gefährdet, 40–66 minimal gefährdet, 67–200 potentiell gefährdet, > 201 normal. Die Gefährdungsstufen charakterisieren dabei das Risiko, genetische Information durch Änderung der Genfrequenzen als Folge von Einkreuzung, Inzucht, genetischer Drift und Selektion zu verlieren. Dabei gilt es zu beachten, dass die Gefährdungsstufen je nach Quelle und Expertenmeinung stark variieren.

Die grösste Anzahl an effektiven Gründertieren, Ahnen und Gründergenomen konnte man im Zeitraum 1996 bis 2008 beim WAS beobachten (Abb. 5). Bei allen Rassen war bei den drei Parametern im Laufe der Jahre eine sinkende Tendenz erkennbar, wobei die Abnahme bei der Rasse WAS viel ausgeprägter als bei den übrigen Rassen war. Wenn alle Gründertiere denselben Anteil Allele an die Nachkommen weitergeben würden, entspräche f_e der aktuellen Anzahl an Gründertieren in der Tabelle 1. Da f_e bei allen Rassen deutlich darunter lag haben einzelne Gründer keine oder nur wenige Nachkommen hervorgebracht. Ihre Gene gingen somit verloren. Die grössten genetischen Verluste durch Flaschenhalse und Drift konnten bei der Rasse SN beziehungsweise WAS beobachtet werden, da die Differenz zwischen f_e und f_a respektive f_a und f_{ge} im Vergleich zu den übrigen Rassen ausgeprägter war.

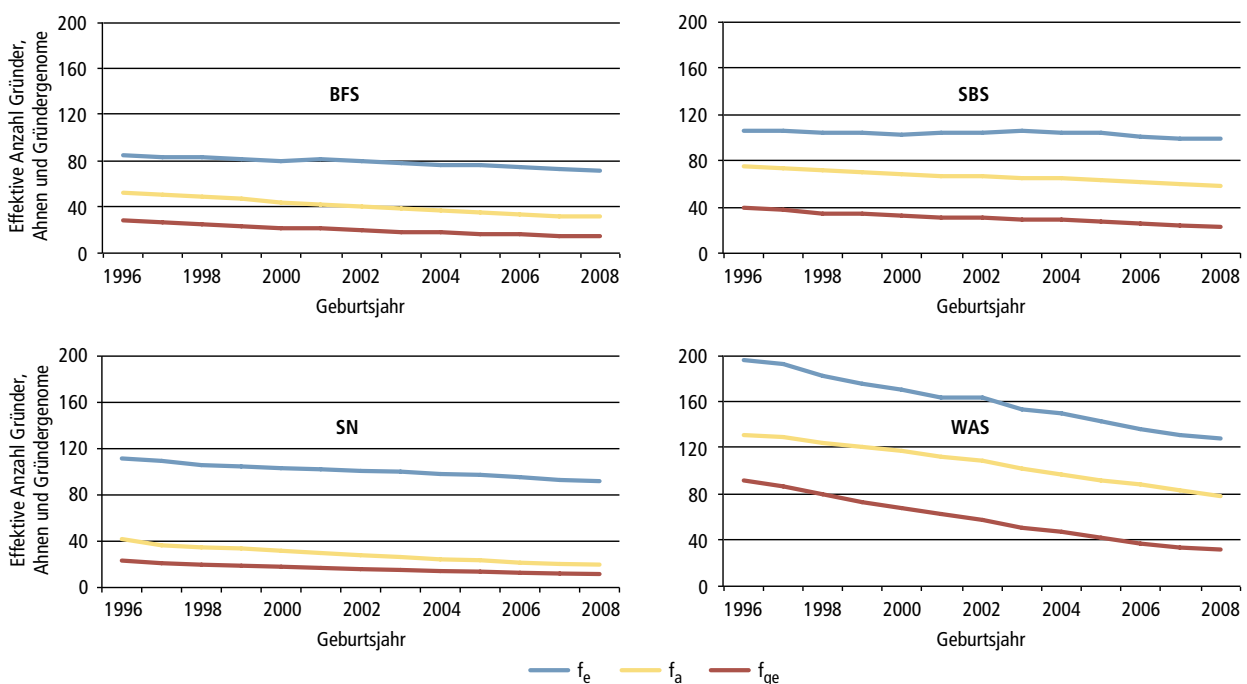


Abb. 5 | Effektive Anzahl Gründer, Ahnen und Gründergenome.

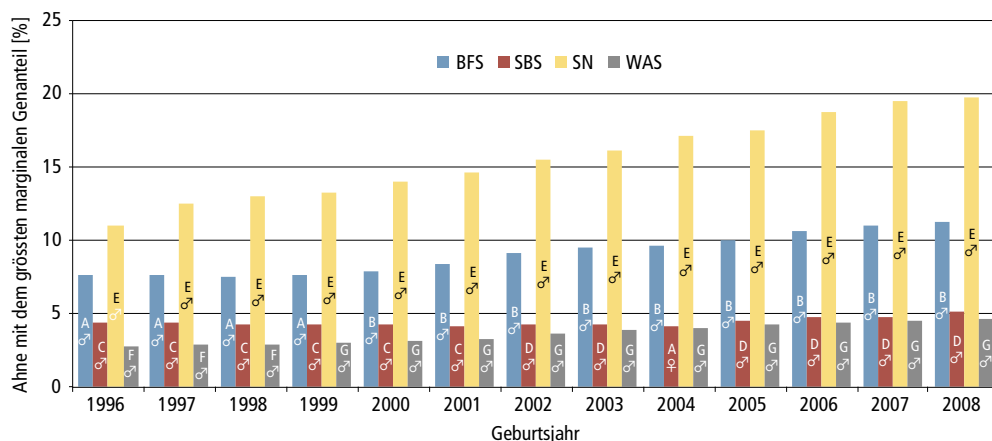


Abb. 6 | Marginaler Genanteil des wichtigsten Ahnen am Genpool eines Jahrgangs.

Eine sinkende Tendenz zeigte sich im Zeitraum 1996 bis 2008 auch bei der Anzahl Ahnen, die aufgrund ihres marginalen Genanteils 50 % der genetischen Information eines Jahrgangs erklären (BFS 23→13, SBS 27→22, SN 22→14, WAS 48→28). Wie bei der effektiven Anzahl an Gründertieren, Ahnen und Gründergenomen wies die Rasse WAS die grösste Anzahl an Ahnen auf, die 50 % der genetischen Information erklären. Andererseits resultierte für diese Rasse aber auch die grösste Abnahme in dem genannten Parameter im Zeitraum 1996 bis 2008.

Ein weiterer Indikator dafür, dass die genetische Diversität von 1996 bis 2008 abgenommen hat, ist der marginale Genanteil des wichtigsten Ahnen (Abb. 6). Während der marginale Genanteil des wichtigsten Ahnen bei den SN Tieren von 11,05 % (1996) auf 19,79 % (2008) angestiegen ist, beobachtete man in diesem Zeitraum bei den Rassen BFS (7,67→11,27 %), SBS (4,45→5,19 %) und WAS (2,84→4,69 %) weniger grosse Zunahmen. Bei den SN Tieren war es in den 13 Jahren der Untersuchungsperiode immer das männliche Tier E, welches den grössten marginalen Genanteil der Population erklärte. Bei den Rassen BFS und WAS waren es in diesem Zeitraum die männlichen Tiere A und B beziehungsweise F und G, die den grössten marginalen Genanteil aufwiesen. Am meisten Tiere fanden sich bei den schwarzbraunen Bergschafen mit den männlichen Tieren C und D sowie dem weiblichen Tier A. Diese Ergebnisse decken sich mit jenen von Hagger (2002), der bei den Rassen SBS und WAS im Jahr 1996 einen marginalen Genanteil der wichtigsten Ahnen von 4,4 % respektive 2,9 % gefunden hatte.

Schlussfolgerungen

Die genetische Diversität hat bei allen vier Schafrassen in der Periode 1996 bis 2008 kontinuierlich abgenommen. Mögliche Gründe dafür sind die genaueren Herdebuch-

führung, die Intensivierung des Zuchtprogrammes (Leistungsprüfungen) und die Selektion. Die Abnahme der genetischen Diversität kann nach Schüler *et al.* (2001) längerfristig zu Leistungsdepressionen bei Fitness- und Reproduktionsmerkmalen führen. Weiter verliert man dadurch aber auch genetisches Potenzial für den weiteren Züchtungsfortschritt sowie die Möglichkeit, auf sich ändernde Umweltbedingungen reagieren zu können. Um den Zielkonflikt zwischen Zuchtfortschritt und Erhaltung genetischer Diversität zu lösen, gilt es die Selektion so zu optimieren, dass bei maximalem Zuchtfortschritt ein minimaler Inzuchtzuwachs pro Generation realisiert wird. Als Beispiel sei auf Hasler *et al.* (2011) verwiesen welche beim Freiburgerpferd Hengste mit hohen Zuchtwerten und tiefer durchschnittlicher Verwandtschaft zu den Stuten identifizierten. Eine solch optimierte Selektion wäre auch bei den vier vorliegenden Schafrassen denkbar, zumal bereits Zuchtwerte für Leistungsmerkmale vorliegen. Jedoch stellt sich die Frage nach gezielten Managementmassnahmen aufgrund der vorliegenden Ergebnisse vorerst nur für die SN-Population. Bei allen anderen Rassen sollten die Trends der hier diskutierten Parameter regelmässig überprüft werden. Andere Massnahmen drängen sich derzeit allerdings nicht auf. Die Praxis der Verpaarung von eng verwandten Tieren ist generell sehr zurückhaltend zu verfolgen.

Als Folgestudie wird für alle untersuchten Rassen die Quantifizierung des Einflusses von Inzucht auf Merkmale der Fitness, der Reproduktion und der generellen Leistungen vorgeschlagen. ■

Riassunto**Struttura della popolazione e diversità genetica delle razze ovine svizzere**

L'anno 2010 è stato dichiarato dalle Nazioni Unite anno della biodiversità. In questo contesto la Federazione svizzera d'allevamento ovino ha messo a disposizione, in vista dell'analisi sulla diversità genetica, i dati sulle quattro razze principali svizzere, contenuti nel registro delle mandrie. Sono state esaminate la pecora da carne dalla testa bruna (BFS; n=10858), la nera/bruna di montagna (SBS; n=10964), la naso nero del Vallese (SN; n=14371) e la bianca delle Alpi (WAS; n=32169). Le analisi si basano su tutti i registri delle mandrie degli anni dal 1996 al 2008 e dei loro antenati fino all'anno di nascita 1970. Questi dati sono stati valutati con un software standard per elaborare quesiti sulla genetica delle popolazioni. Il maggiore incremento nel coefficiente medio di consanguineità ha potuto essere osservato nel periodo esaminato nelle razze SN (5,9 → 9,3 %) seguito dalle razze BFS (2,4 → 4,3 %), SBS (2,4 → 3,8 %) e WAS (1,4 → 2,5 %). Sebbene i tassi di consanguineità nel periodo dal 1996 al 2008 ha mostrato alcuni forti oscillazioni, per tutte le quattro razze si è potuto osservare una sostanziale tendenza al rialzo. Questa è accompagnata da una tendenza al ribasso nella dimensione effettiva della popolazione. Il maggior numero di animali fondatori effettivi, antenati e genoma fondatore sono stati rilevati nella bianca delle Alpi. In tutte e quattro le razze si è riscontrato una tendenza al ribasso in questi tre parametri con una diminuzione nella razza WAS molto più pronunciata rispetto alle altre razze. Un ulteriore indicatore di diminuzione della diversità genetica tra il 1996 ed il 2008 è rappresentato dal contributo marginale di geni del principale antenato. Esso è aumentato per tutte le quattro razze (SN 11,05 → 19,79 %; BFS 7,67 → 11,27 %; SBS 4,45 → 5,19 %; WAS 2,84 → 4,69 %). Sulla base di questi risultati, solo la popolazione SN richiede pratiche gestionali mirate per il mantenimento della diversità genetica. Nelle altre tre razze, i parametri di diversità genetica dovrebbero essere monitorati regolarmente.

Summary**Population structure and genetic diversity of Swiss sheep breeds**

The year 2010 was declared by the United Nations as the International year of biodiversity. During that year, the Swiss Sheep Breeding Association made herd book data of its four largest breeds available for genetic diversity analyses. Those were Brown Headed Meat Sheep (BFS; n=10858), Black Brown Mountain Sheep (SBS; n=10964), Valais Black Nose Sheep (SN; n=14371) and White Alpine Sheep (WAS; n=32169).

The analyses included pedigree data from herd book animals born between 1996 and 2008. Ancestors were considered as far back as year of birth 1970. All data was analysed with common population genetic software tools.

Within the studied time span the largest increase in mean inbreeding coefficient was found for the SN breed (5,9 → 9,3 %), followed by the BFS breed (2,4 → 4,3 %), the SBS breed (2,4 → 3,8 %) and the WAS breed (1,4 → 2,5 %). Although the rate of inbreeding within the mentioned period from 1996 to 2008 fluctuated to some extent, all four breeds showed a general upward trend. This is accompanied by a general downward trend in effective population size. The White Alpine breed revealed the largest number of founder equivalents, effective ancestors and founder genome equivalents. Over the course of the years, all four breeds showed a downward trend for these three parameters, but the decline in the WAS breed was found much more pronounced compared to the others. A further indicator of a declining genetic diversity is the marginal contribution of the most important ancestor. This parameter increased in all four breeds (SN 11,05 → 19,79 %; BFS 7,67 → 11,27 %; SBS 4,45 → 5,19 %; WAS 2,84 → 4,69 %) during the studied time span from 1996 to 2008.

Our results suggest that, for the short term, targeted population management should be envisaged for the SN breed only. However, genetic diversity analyses on a regular basis are recommended for all breeds.

Key words: swiss sheep breeds, genetic diversity, pedigree analysis, inbreeding.

Literatur

Die Literaturliste kann beim Autor bezogen werden.